



我国科学家揭示香蕉亚基因组进化和功能分歧

日期: 2019年08月07日 10:19 来源: 科技部

2019年7月15号, 中国热带农业科学院热带生物技术研究所金志强、胡伟研究团队在Nature Plants上在线发表了题为Musa balbisiana genome reveals subgenome evolution and functional divergence的研究论文。该研究报告了一种高质量的M. balbisiana基因组装配, 为理解水果生物学提供了更大的背景, 并有助于开发育种最佳香蕉品种的工具。

香蕉 (Musa ssp) 是一种重要的食物资源, 具有重要的社会经济和生态作用。A基因组香蕉的基因组测序提供了对单子叶植物进化的见解。尽管A基因组代表了香蕉遗传改良中的关键步骤, 但缺乏高质量的B基因组序列极大地阻碍了种质鉴定和香蕉的分子育种。先前已经报道了B基因组, 但是基于通过将读数映射到A基因组2的组装和注释显示出低质量。

本研究提出了一种高质量的M. balbisiana基因组装配, 其中430 Mb (87%) 组装成11条染色体。研究发现最近的M. acuminata (A基因组) 和M. balbisiana (B基因组) 的分歧发生在谱系特异性全基因组重复之后, 并且与A相比, B基因组可能对分馏过程更敏感。在异源多倍体中A-和B-亚基因组之间经常发生同源交换。祖细胞内的基因组变异导致亚基因组的功能分化。全同源异构体表达优势发生在异源三倍体的亚基因组之间。本研究的结果为理解水果生物学提供了更大的背景, 并有助于开发育种最佳香蕉品种的工具。

扫一扫在手机打开当前页

 打印本页 关闭窗口

版权所有: 中华人民共和国科学技术部

地址: 北京市复兴路乙15号 | 邮编: 100862 | 联系我们 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001