

香蕉基因组测序及胁迫相关功能基因研究进展*

刘菊华¹ 徐碧玉¹ 张建平¹ 贾彩红¹ 王甲水² 张建斌¹ 金志强^{1, 2**}

(1 中国热带农业科学院热带生物技术研究所 农业部热带作物生物技术重点开放实验室 海口 571101)

(2 中国热带农业科学院海口实验站 海口 570102)

摘要 香蕉是重要的热带水果之一,是世界第四大粮食作物。香蕉抗性相关的功能基因组学研究一直是香蕉研究的热点和核心。综述了近年来香蕉基因组测序、胁迫相关功能基因分离和鉴定等方面的最新研究进展,将有助于从源头上对香蕉进行创新性的研究,为香蕉遗传改良和新品种培育提供一定的理论依据。

关键词 香蕉 基因组测序 胁迫 功能基因

中图分类号 Q75

香蕉(*Musa accuminata* Colla)是重要的热带水果,是世界第四大粮食作物^[1],对发展中国家脱贫致富具有非常重要的作用。香蕉对环境的适应性较强,周年都有果实生产,因此是其他大宗作物青黄不接时期人类的重要营养来源。香蕉富含丰富的矿质营养元素和维生素 A、C 和 B₆ 等。香蕉果实在剥皮生食之前是无菌的,是易于被人们取食的最干净安全的固体食物,因此香蕉是生产口服疫苗和药用蛋白的最理想的工具之一。香蕉还是植物基因组学研究的最佳模式之一。首先,香蕉是具有双亲胞质遗传特性,即父本的线粒体和母本的叶绿体遗传特性的少数几种植物之一。其次,香蕉同时具有不育性、无性繁殖和单性结实,使其为研究在不同染色体环境下的特异基因的表达提供了难得的机会。再次,香蕉除了二倍体 AA、BB、AB 外,不仅有很多的同源多倍体(AAA、AAAA、AAAAA),也有很多异源多倍体(异源三倍体: AAB、ABB; 异源四倍体: AABB、AAAB),这使得香蕉成为研究栽培作物进化、在染色体和序列水平上分析亲本基因组的互作杂交和多倍体作用的最具有吸引力的模式植物。正因为香蕉特殊的生物学特性和遗传特性,吸引了一大批科研工作者投身于分子生物学的研究,取得了一些可喜的研究结果,现综述如下。

收稿日期: 2011-11-24 修回日期: 2012-01-17

* 国家现代香蕉产业技术体系(CARS-32)、中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(ITBB110202)资助项目

**通讯作者,电子邮箱: zhiqiangjin2001@yahoo.com.cn

1 香蕉基因组测序进展

香蕉的二倍体基因组小,为 500 ~ 600Mb,仅为水稻的 1/4,分布于 11 条染色体上^[2]。由于相对较小的基因组,使得运用高通量的技术完成其序列分析及功能鉴定成为可能。早在 2001 年 7 月 17 ~ 19 日召开的美国国家科学基金会议上,来自欧洲、美洲和澳大利亚等 11 个国家的科学家就成立了全球香蕉基因组联盟(Global Musa Genomics Consortium, GMGC)并宣布他们将精诚合作对香蕉基因组进行测序,利用香蕉作为一种模式植物来研究比较基因组学和功能基因挖掘,最终以培育香蕉新品种为目的。后来,联盟成员增加至 24 国家的 40 个研究所。

2004 年,比利时的科学家首次对香蕉基因组的构成进行了报道。他们获得了一个全长 82 723bp、GC 含量为 38.2% 的 BAC 克隆(MuH9),共编码 12 个功能蛋白质,基因密度为 1/6.9kb,该结果比已报道的拟南芥稍小但与水稻相近。他们测得的第二个 BAC 克隆(MuG9)具有 73 268bp、GC 含量为 38.5%,只发现了 7 个拟编码基因,基因密度为 1/10.5kb,比第一个 BAC 克隆低得多。这样的基因组成与禾本科作物的基因组序列相似^[3]。也就是在同一年,捷克共和国的实验生物研究所报道了香蕉 B 基因组'Pisang Klutuk Wulung' BAC 库的构成和鉴定结果。这个 BAC 库由两个亚库组成,分别有 24 960 个和 11 904 个克隆,首次证

明引起香蕉条纹病的副反转录病毒整合在 B 基因组上^[4]。2007 年,美国的 Cheung 和 Town 对 6 252 个 BAC 克隆的末端进行了测序,共 4 420 944bp、GC 含量 47%,共发现了 352 个 SSR 分子标记。序列分析结果表明,线粒体和叶绿体基因占 2.6%、转座子和重复序列占 36%、蛋白质 11%,很多序列与水稻和拟南芥的基因组序列高度同源^[5]。

2009 年 9 月 8 日,全球香蕉基因组联盟中的法国 Genoscope 和法国发展中国家农业研究中心 CIRAD 正式开始了香蕉全基因组测序工作。耗资 370 万欧元,由 ANR(基因组计划)和法国 Genoscope 和 CIRAD 平均出资,测序工作将耗时两年,将建立香蕉基因组^[6]。香蕉基因组 DNA 被插入到细菌人工染色体上(BAC 库),香蕉基因组联盟人员已经构建了 5 个 BAC 文库,人们可以通过捷克共和国的实验生物研究所主持的香蕉基因组研究中心获取这 5 个 BAC 文库。整个基因组测序正在进行 genoscope,已经完成了 23 060 个来自 A 基因组'DH Pahang'的 BAC 末端测序;完成了 3 100 个来自 A 基因组'Calcutta 4'和 B 基因组'PKW'的 BAC 末端测序;完成了 64 个选择性标记的 BAC 克隆,它们分别来自 A 基因组的'Calcutta 4'、'Grande naine'及 B 基因组的'PKW'。大约有来自不同 cDNA 文库的 100 000 ESTs 可以从各种研究中心(Embrapa、UCB、JCVI、NIAS、IITA、Cirad)获取。到目前为止,香蕉共完成 5 674 851bp 的测序工作,预测的基因数为 1 186 个,实际基因数为 987 个,基因密度为 5 750bp/基因^[7]。

2010 年,捷克共和国的实验生物研究所采用低度的 454 测序仪对香蕉(*M. acuminata* cv. 'Calcutta 4')基因组的重复序列首次进行了全面的鉴定。共分析了约 100Mb 的序列数据,占基因组的 30%。结果显示, Ty1/copia 型重复序列和 Ty3/gypsy 型重复序列分别占基因组的 16% 和 7%,DNA 转座子很少,发现了两个新的卫星重复序列和有用的细胞质遗传的标记,建立了香蕉特异的基因组重复序列数据库,将用于香蕉基因组序列的注释^[8]。

2 香蕉胁迫相关功能基因研究进展

2.1 香蕉非生物胁迫相关功能基因研究进展

香蕉是喜高温、怕低温的作物,温度和水分是香蕉分布的主要限制因子。香蕉大部分时间都处于高温、低温、干旱、盐碱、风害等逆境中,这严重影响了香蕉产量并制约着香蕉产业的发展。因此,充分挖掘利用香

蕉抗逆的基因资源,对于提高香蕉产量具有十分重要的意义。

2005 年,Santos 等^[9]为了研究香蕉对温度的响应,构建了两个香蕉 [*Musa acuminata* ssp. *burmannicoides* var. *Calcutta 4* (AA)] 叶片的全长 cDNA 文库,即从 5 ~ 25℃ 的冷文库和从 25 ~ 45℃ 的热文库。对每个文库的 1 440 个克隆进行了测序分析,注释了 1 019 个香蕉 EST 数据 (MaAES),其中 22.87% 与公用数据库没有匹配的记录,10% 的序列信息是两个库所共有的,然而有 42% 和 48% 的序列只有冷库和热库独有的,功能注释可将其分为 22 类。在这 2 286 个高质量的序列中,有 715 个 (31.28%) 来自于全长 cDNA 克隆,共获得了 149 个全长基因。

ASR 是植物特异的亲水蛋白家族。不同植物种类的 ASR 研究突出显示了其对包括干旱等非生物胁迫的抗性,但是它们的具体功能目前还不清楚。作为了解其在提高作物产量方面的功能的首要步骤, Henry 等^[10]研究了香蕉和大蕉品种中 *Asr* 基因家族的结构和调控作用。发现香蕉 *Asr* 基因家族共有 4 个成员,它们都具有典型的两个外显子、一个内含子基因结构和 "ABA/WDS" 脱落酸/水分胁迫结构域。系谱分析结果表明,香蕉 *Asr* 基因彼此亲缘关系都比较近,可能是最近的复制产物。*Asr* 基因在分生组织、根、假茎、叶和球茎中表达。*mAsr1* 和 *mAsr3* 的表达受渗透胁迫和伤害诱导,*mAsr3* 和 *mAsr4* 受外源 ABA 诱导,*mASR3* 在氨基酸序列和表达方式上都表现出了多变性,使得其成为进一步功能研究和提高作物产量的最有希望的基因。赵宏亮等^[11]也从香蕉果实中分离到了一个 *Asr* 基因 *MaASR1*,经序列比对和系统进化分析发现,该基因具有典型的保守结构域,即 N 端的依赖于 Zn^{2+} 的 DNA 结合位点和 C 端的核定位信号,和玉米、水稻等单子叶植物中的同源基因进化距离较近。2010 年,王园^[12]用外源乙烯和 1-MCP 处理果实分别能小幅度提高和降低 *MaASR1* 的表达水平,这说明 *MaASR1* 对乙烯信号有应答,但应答强度较低。推测其与果实成熟的关系不大。对 *MaASR1* 在香蕉各主要器官中的表达分析发现它在各器官中都有表达,在根、叶和果实中的表达量较高,说明它在这些器官中可能发挥较为重要的作用。用盐和干旱对香蕉植株进行胁迫处理后,该基因在根部和叶片中的表达被强烈地诱导,而在低温胁迫下的表达变化不明显,说明 *MaASR1* 主要参与干旱和盐胁迫应答途径,对低温胁迫无响应或响应较小。构建含 *MaASR1*

植物表达载体转化拟南芥,共获得 45 株 T1 抗性植株,其中 34 株经分子检测为阳性。对转基因植株的表型进行观察发现,该基因的整合使得植株的叶片面积与野生型相比更小、更厚,植株开花期明显推迟,具有强的抗盐、抗旱能力,对 ABA 信号的感受能力增强,为今后培育抗性品种提供了宝贵的基因资源。

脱水素是高度亲水性的蛋白质,在应对脱水的非生物胁迫逆境适应性过程中发挥关键作用。Shekhawat 等^[13]从香蕉中分离了一个新的脱水素基因 *MusaDHN-1* 并采用转基因的方法鉴定了该基因对非生物胁迫的抗性功能。该基因在叶片中的表达受干旱、盐、冷害、氧化物、重金属及植物激素(如 ABA、乙烯和茉莉酸甲酯)的诱导。分离该基因启动子,与 β -glucuronidase 基因融合表达进一步证明了非生物胁迫对它的诱导性。过表达 *MusaDHN-1* 基因的转基因香蕉表型正常,但表现出了对干旱和盐胁迫的抗性。在过表达的转基因植株中,脯氨酸含量增加,丙二醛含量降低,这进一步证明了该基因在逆境条件下的优秀表现。这是转基因香蕉增强抗干旱和盐胁迫能力的首次报道。

膨大素是香蕉果实成熟过程中细胞壁疏松时特异表达的蛋白质。2006 年, Wang 等^[14]研究了香蕉果实中两个膨大素基因 *MaExp1* 和 *MaExp2* 对低温的响应,发现丙烯预处理的香蕉果实能增强对低温冷害的抗性是与乙烯释放速率的提高和这两个膨大素基因表达的增强密切相关的。

WRKY 转录因子在植物对逆境的反应中发挥重要的作用。Shekhawat 等^[15]从一个非生物胁迫诱导的香蕉(*Musa* spp. cv. Karibale Monthan, ABB group)果实 EST 库中分离到了一个新的 WRKY 转录因子基因 *MusaWRKY71*,全长 1 299bp,编码 280 个氨基酸,该基因定位于细胞核中,重要的是该基因的表达受冷害、脱水干旱、盐、ABA、 H_2O_2 、乙烯、水杨酸和茉莉酸甲酯等非生物胁迫的诱导。采用转基因的方法将该基因在香蕉细胞中过表达,结果诱导了其他与逆境相关的一系列基因的表达。这是转基因香蕉增强抗逆境胁迫能力的第二例报道。

甲基乙二醛(methylglyoxal, MG)是一种细胞毒素的代谢物,产生于糖酵解、氨基酸分解代谢、丙酮的正常代谢和环境逆境胁迫等过程中,有报道表明该基因在其他作物,如水稻中对盐胁迫具有较高的忍耐力^[16]。为了研究香蕉乙二醛酶基因的功能,根据香蕉果实采后早期成熟的抑制缩减杂交文库中获得的香蕉乙二醛

酶基因片段,首次从香蕉中克隆了乙二醛酶基因的 cDNA 全长,命名为 *MaGLO14*。该 cDNA 的 ORF 全长为 1 074bp,编码 358 个氨基酸。BlastX 分析表明,该基因 cDNA 推导的氨基酸序列与云杉(ABK22263)、葡萄(CBI23235)、葡萄柚(CAB09799)、棉花(ACJ11750)和蓖麻(EEF43857)有较高的一致性,分别为 82%、83%、82%、80%、82%。组织特异性表达结果显示,该基因在香蕉根、茎、叶、花、果实中均有表达。在 NaCl、低温、乙烯利胁迫处理后基因呈现上调表达;在干旱、涝害胁迫处理后基因呈现下调表达。该基因转化烟草显示能够增强转基因烟草离体叶片耐盐性^[17]。构建了酵母表达载体 PYES2-*MaGLO14*、转化酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*) INVSC1,挑取转化子进行 PCR 和酶切鉴定,证实获得了转 *MaGLO14* 基因的酵母菌株。通过比较转基因菌株和非转基因菌株在 NaCl、高温、低温、干旱、UV 胁迫下的生长状况,证明转基因菌株在以上非生物胁迫条件下的存活菌落数均高于非转基因菌株。利用酿酒酵母初步证明 *MaGLO14* 具有增强酵母菌对非生物胁迫抵抗力的功能^[18]。

2.2 香蕉生物胁迫相关的基因功能研究进展

香蕉产业面临着严重的病菌害威胁,如香蕉枯萎病、香蕉束顶病、香蕉条纹病、香蕉花叶心腐病、香蕉叶斑病等,长期以来这些病菌害严重制约着香蕉产业的发展。要想从根本上解决这个问题,必需充分挖掘和利用抗病相关的功能基因,为香蕉产业的可持续健康发展提供有用的基因资源。

β -1, 3-葡聚糖酶是植物体内广泛存在的一种病程相关蛋白,它能特异性地水解真菌细胞壁的 1,3- β -D-糖苷键,同时具有液泡分泌和胞外分泌两种特性。2007 年, Jin 等^[19]从大蕉中分离了一个新的 β -1, 3-葡聚糖酶的全长基因(*MpGlu*),并且在大肠杆菌中表达出了 GST-MpGlu 的融合蛋白,发现它能水解掌状昆布菌(1-3)-(1-6)- β -糖苷键、抑制尖孢镰刀菌 4 号生理小种的生长, Southern blot 分析结果表明它在大蕉中是单拷贝基因,它在大蕉叶片、果皮、果肉中都有表达, Northern blot 分析结果表明该基因受尖孢镰刀菌侵染诱导明显地上调表达。亚细胞定位结果表明 β -1, 3-葡聚糖酶蛋白 N 端的 28 个残基是胞外分泌所必需的, C 端的 32 个残基是液泡分泌所必需的。

丝氨酸/苏氨酸激酶(STK)基因在番茄中已被证明是具有广谱抗病作用的基因之一。Peraza-Echeverria 等^[20]从香蕉中分离了一个 550bp 的 STK 基因,生物信

息学分析结果表明该基因具有保守的 STK 结构域,该基因为香蕉提供了最有潜力和希望的抗病基因资源。

Asr 基因除了前面提及的抗逆作用外,还有抗病的作用。Liu 等^[21]从一个冷诱导的大蕉叶片 SSH cDNA 文库中分离到了 *MpAsr* 基因,该基因在叶、果皮、根中的表达均受 *Fusarium oxysporum* f. sp. *Cubense* 诱导,表明它在大蕉病原菌反应中发挥重要作用。采用染色体步移的方法分离了一个 581bp 的该基因的启动子,它包含有非生物胁迫和病程相关的顺式作用元件。而且,该启动子在烟草中同样受 *F. oxysporum* f. sp. *Cubense*、ABA、冷害、脱水干旱、高盐处理的诱导。有趣的是,转基因拟南芥表现出了对干旱的高度抗性,但对 *F. oxysporum* f. sp. *Cubense* 的敏感性却稍有下降。这些结果表明,大蕉 *MpAsr* 可能同时参与了非生物胁迫和病原菌反应两大过程。

外界环境条件可以通过调控基因表达而增强植物的抗病性。Zhu 等^[22]研究了热诱导乙烯信号改变与增强抗病性之间的关系。在自然成熟的果实中,热加速了果实成熟,增强了 ACC 氧化酶基因 *MaACO1* (ACC oxidase) 的表达,然而在乙烯利处理的果实中,加热却延迟成熟,降低了 *MaACO1* 的表达。在这两种情况下,加热减小了香蕉炭疽菌 (*Colletotrichum musae*) 的感染病灶区。这表明热诱导的香蕉抗病性是与香蕉果实成熟相对独立的。乙烯受体基因 *MaERS1* (ethylene receptors 1) 的表达在上述两种情况下都受到抑制,表明热信号可以通过香蕉果实传递进而抑制了乙烯受体基因的表达。在热处理的香蕉果实中,乙烯响应因子基因 *MaERF1* (ethylene response factor1) 的转录水平增加了,表明热处理后 *MaERF1* 转录水平的增加在激活防御系统方面发挥着重要作用。

此外,2007 年,Chen 等^[23]从野生香蕉叶片中分离 6 个抗病基因 (RGAs),发现有两个基因,即 *WNBI* 和 *WST3* 与香蕉枯萎病抗性相关。Ho 和 Ng^[24]从帝王蕉果实中分离了分子质量为 30kDa 的几丁质酶,能抑制尖孢镰刀菌菌丝的生长,但对褐斑病菌无抑制效果。Ho 等^[25]还从成熟的帝王蕉果实中分离了一个分子质量为 20kDa 的类甜蛋白,它能抑制尖孢镰刀菌和褐斑病菌丝的生长,还能轻度抑制 HIV-1 的反转录活性。

综上所述,近年来香蕉无论是在基因组测序,而是重要胁迫相关基因的分离鉴定等方面的研究工作都取得了很大的进展。但是目前香蕉基因组测序的结果还比较零散,特别是与胁迫密切相关的 B 基因组的测序

进展缓慢。香蕉胁迫相关的功能基因的分离鉴定及利用工作相当有限,有些基因虽然已经分离出来,但还没有被很好的应用。因此,笔者认为,要想从根本上解决香蕉产业快速发展过程中存在的关键技术问题(如病害逆境威胁等),全球从事香蕉基因组研究的科学家们必须加大力度对香蕉基因组特别是 B 基因组的测序工作,挖掘利用重要胁迫相关的功能基因,支撑香蕉遗传改良和新品种培育,保持香蕉产业的可持续健康发展。

参考文献

- [1] Moffat A S. Crop engineering goes. Science, 1999, 285(5426): 370-371.
- [2] Bartos J, Alkhimova O, Dolezelova M, et al. Nuclear genome size and genomic distribution of ribosomal DNA in Musa and Ensete (Musaceae): taxonomic implications. Cytogenetics and Genome Research, 2005, 109(1-3): 50-57.
- [3] Aert R, Sági L, Volckaert G. Gene content and density in banana (*Musa acuminata*) as revealed by genomic sequencing of BAC clones. Theor Appl Genet, 2004, 109(1):129-139.
- [4] Safár J, Noa- Carrazana J C, Vrúna J, et al. Creation of a BAC resource to study the structure and evolution of the banana (*Musa balbisiana*) genome. Genome, 2004, 47(6):1182-1191.
- [5] Cheung F, Town C D. A BAC end view of the *Musa acuminata* genome. BMC Plant Biol, 2007, 7:29.
- [6] <http://www.musagenomics.org>.
- [7] <http://www.gnpannot.org/fr/content/musaceae-statistics>.
- [8] Hribová E, Neumann P, Matsumoto T, et al. Repetitive part of the banana (*Musa acuminata*) genome investigated by low-depth 454 sequencing. BMC Plant Biol, 2010, 10: 204.
- [9] Santos C M R, Martins N F, H? rberg H M, et al. Analysis of expressed sequence tags from *Musa acuminata* ssp. burmannicoides, var. Calcutta 4 (AA) leaves submitted to temperature stresses. Theor Appl Genet, 2005, 110(8): 1517-1522.
- [10] Henry I M, Carpentier S C, Pampurova S, et al. Structure and regulation of the Asr gene family in banana. Planta, 2011, 234(4):785-798.
- [11] 赵宏亮,冯仁军,徐碧玉,等.香蕉中 *Maasr1* 基因的生物信息学分析.生物技术通讯,2006,17(3):336-340.
Zhao H L, Feng R J, Xu B Y, et al. Bioinformatical analysis of *Maasr1* gene from banana. Letters in Biotechnology, 2006, 17(3):336-340.
- [12] 王园.香蕉 ASR 基因抗逆功能的研究.海口:海南大学,农学院,2010,34-65.
Wang Y. Study of function of *MaASR1* tolerance to drought and

- salt resistant. Haikou; Hainan University, Agricultural College, 2010, 34-65.
- [13] Shekhawat U K, Srinivas L, Ganapathi T R. *MusaDHN-I*, a novel multiple stress-inducible SK (3)-type dehydrin gene, contributes affirmatively to drought- and salt-stress tolerance in banana. *Planta*, 2011, 234(5):915-932.
- [14] Wang Y, Lu W, Jiang Y, et al. Expression of ethylene-related expansin genes in cool-stored ripening banana fruit. *Plant Science*, 2006, 170(5):962-967.
- [15] Shekhawat U K, Ganapathi T R, Srinivas L. Cloning and characterization of a novel stress-responsive WRKY transcription factor gene (*MusaWRKY71*) from *Musa* spp. cv. Karibale Monthan (ABB group) using transformed banana cells. *Mol Biol Rep*, 2011, 38(6):4023-4035.
- [16] Singla-Pareek S L, Yadav S K, Pareek A, et al. Enhancing salt tolerance in a crop plant by overexpression of glyoxalase II. *Transgenic Research*, 2007, 17(2):171-180.
- [17] 刘菊华,邓成菊,金志强,等. 香蕉乙二醛酶基因 *MaGLO14* 的克隆及在非生物胁迫下的功能鉴定. *中山大学学报*, 2011, 50(5):1-6.
- Liu J H, Deng C J, Jin Z Q, et al. Isolation and functional identification of banana glyoxalase gene (*MaGLO14*) under various abiotic stresses. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2011, 50(5):1-6.
- [18] 邓成菊,贾彩红,张建斌,等. 香蕉乙二醛酶基因增强酿酒酵母对非生物胁迫抵抗能力的研究. *中国生物工程杂志*, 2010, 30(8):22-26.
- Deng C J, Jia C H, Zhang J B, et al. Enhancement of tolerance to abiotic stress of *Saccharomyces cerevisiae* transformed by a gene encoding glyoxalase from banana. *China Biotechnology*, 2010, 30(8):22-26.
- [19] Jin X, Feng D, Wang H, et al. A novel tissue-specific plantain β -1,3-glucanase gene that is regulated in response to infection by *Fusarium oxysporum* fsp. *Cubense*. *Biotechnol Lett*, 2007, 29:1431-1437.
- [20] Peraza-Echeverria S, James-Kay A, Canto-Canché B, et al. Structural and phylogenetic analysis of Pto-type disease resistance gene candidates in banana. *Mol Genet Genomics*, 2007, 278(4):443-453.
- [21] Liu H Y, Dai J R, Feng D R, et al. Characterization of a novel plantain *Asr* gene, *MpAsr*, that is regulated in response to infection of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* and abiotic stresses. *J Integr Plant Biol*, 2010, 52(3):315-323.
- [22] Zhu X, Wang A, Zhu S, et al. Expression of *ACO1*, *ERS1* and *ERF1* genes in harvested bananas in relation to heat-induced defense against *Colletotrichum musae*. *J Plant Physiol*, 2011, 168(14):1634-1640.
- [23] Chen Y P, Chen Y F, Zhao J T, et al. Cloning and expression of resistance gene analogs (RGAs) from wild banana resistant to banana *Fusarium* wilt. *Journal of Plant Physiology and Molecular Biology*, 2007, 33(6):567-573.
- [24] Ho V S, Ng T B. Chitinase-like proteins with antifungal activity from emperor banana fruits. *Protein Pept Lett*, 2007, 14(8):828-831.
- [25] Ho V S, Wong J H, Ng T B. A thaumatin-like antifungal protein from the emperor banana. *Peptides*, 2007, 28(4):760-766.

Research Progress on Banana Genomics and Functional Genomics Involved in Stress Resistance

LIU Ju-hua¹ XU Bi-yu¹ ZHANG Jian-ping¹ JIA Cai-hong¹ WANG Jia-shui² ZHANG Jian-bin¹ JIN Zhi-qiang

(1 Key Laboratory of Tropical Crop Biotechnology, Ministry of Agriculture, Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology,

Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China)

(2 Haikou Experimental Station, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China)

Abstract Banana is one of the most important tropical fruits and the fourth grain crops in the world. The research of banana functional genomics involved in stress resistance has always been the hot spot and core in all banana researches. Novel researches on the banana genome sequencing, isolation and identification of functional genes involved in resistance are reviewed, which will help us to investigate banana originally and provide theoretical basis for banana genetics improvement and new varieties breeding.

Key words Banana Genome sequencing Stress Functional gene