



# 超级泛基因组图谱为二倍体棉种的进化提供基因组学见解

王学强<sup>1,2,3</sup>，卢合均<sup>1</sup>，赵炎<sup>4</sup>，张志远<sup>2</sup>，李军<sup>1,2,3</sup>，董泽宇<sup>1,2</sup>，  
郝宇鹏<sup>1,2</sup>，方磊<sup>1</sup>，关雪莹<sup>1</sup>，赵汀<sup>1</sup>，胡艳<sup>1</sup>，张天真<sup>1</sup>

<sup>1</sup>浙江大学农业与生物技术学院

<sup>2</sup>浙江大学海南研究院

<sup>3</sup>海南省崖州湾种子实验室

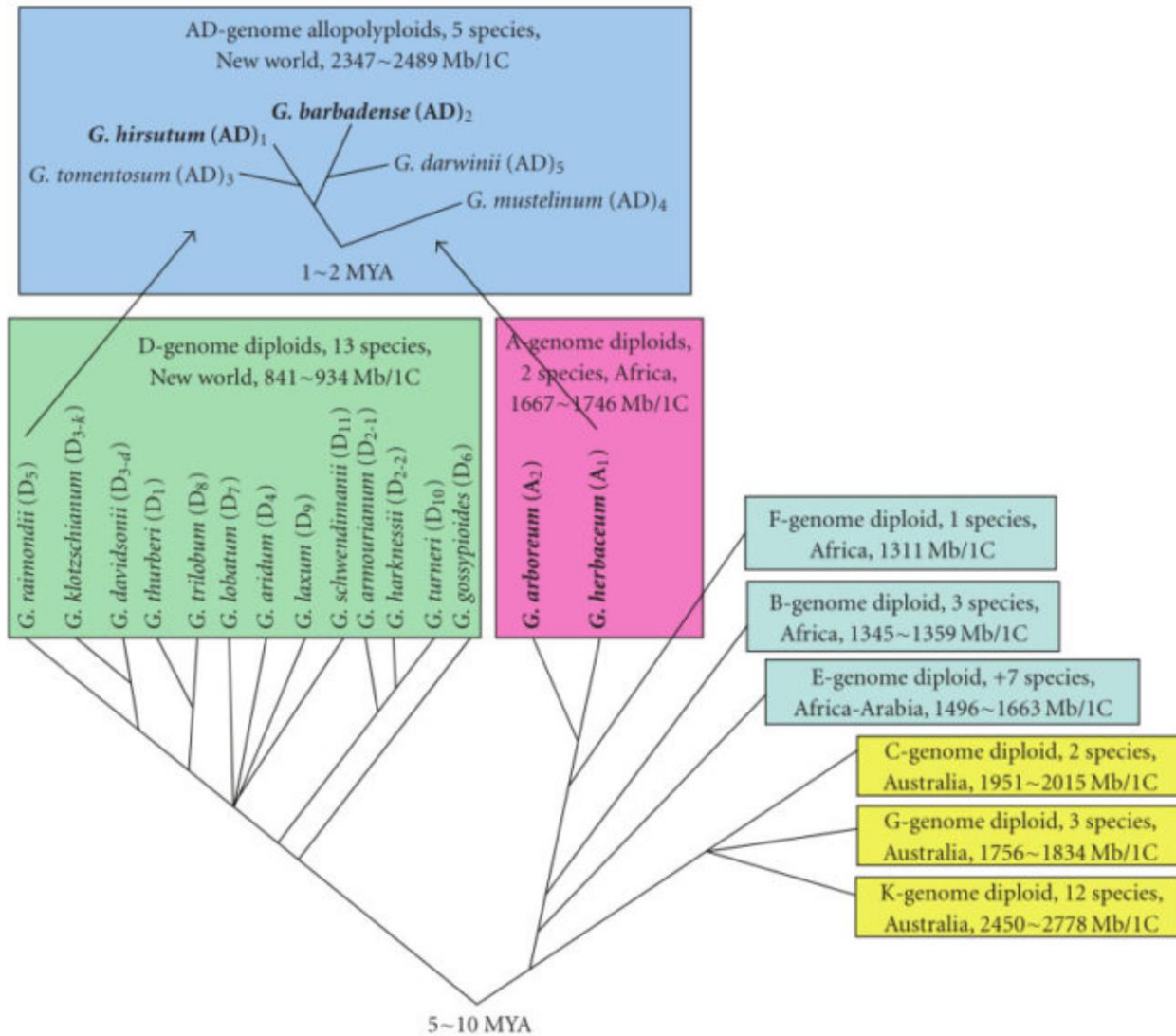
<sup>4</sup>山东农业大学农学院



Xueqiang Wang, Hejun Lu, Yan Zhao, Zhiyuan Zhang, Jun Li, Zeyu Dong, Yupeng Hao, et al. 2024. A super pan-genome map provides genomic insights into evolution of diploid cotton species. *iMetaOmics* 1: e15  
<https://doi.org/10.1002/imo2.15>



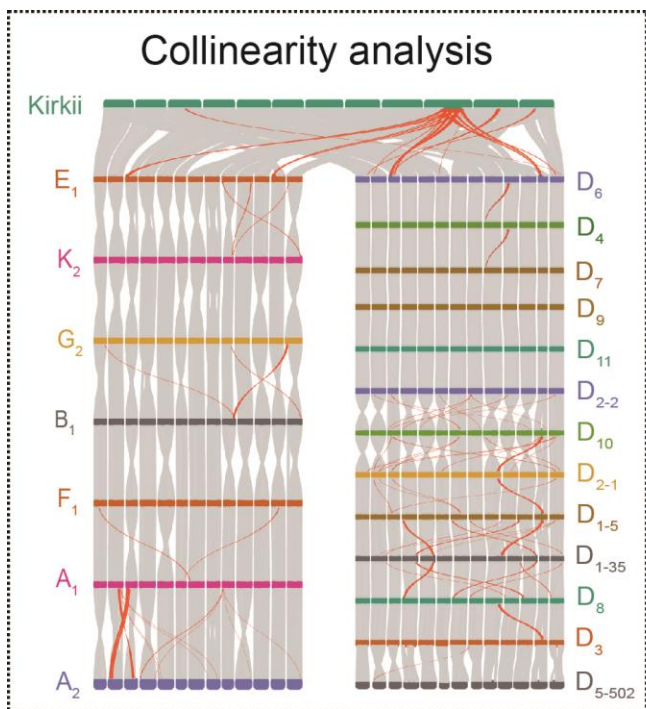
# 背景



- ❑ 棉属包含D基因组所有种的泛基因组没有构建；
- ❑ 针对棉属二倍体叶蜜腺基因的序列比对没有完成。



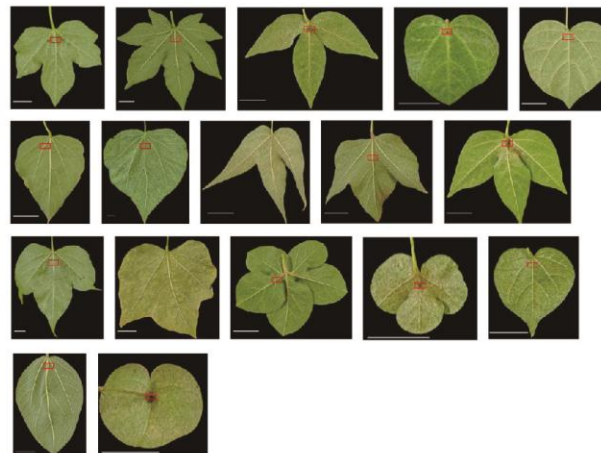
# 亮点



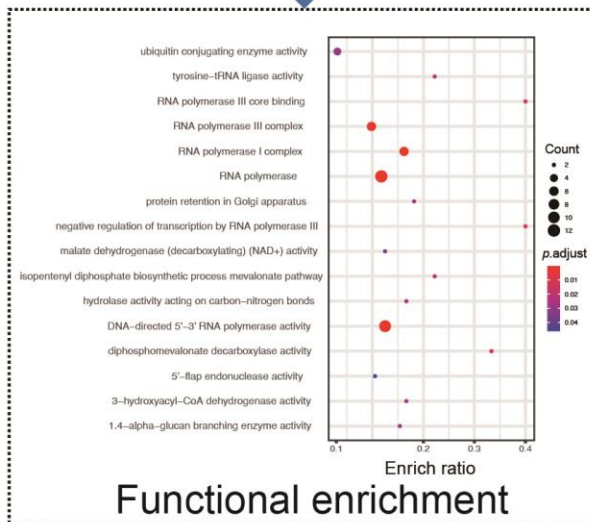
Diploid cotton species



### Foliar nectary morphology



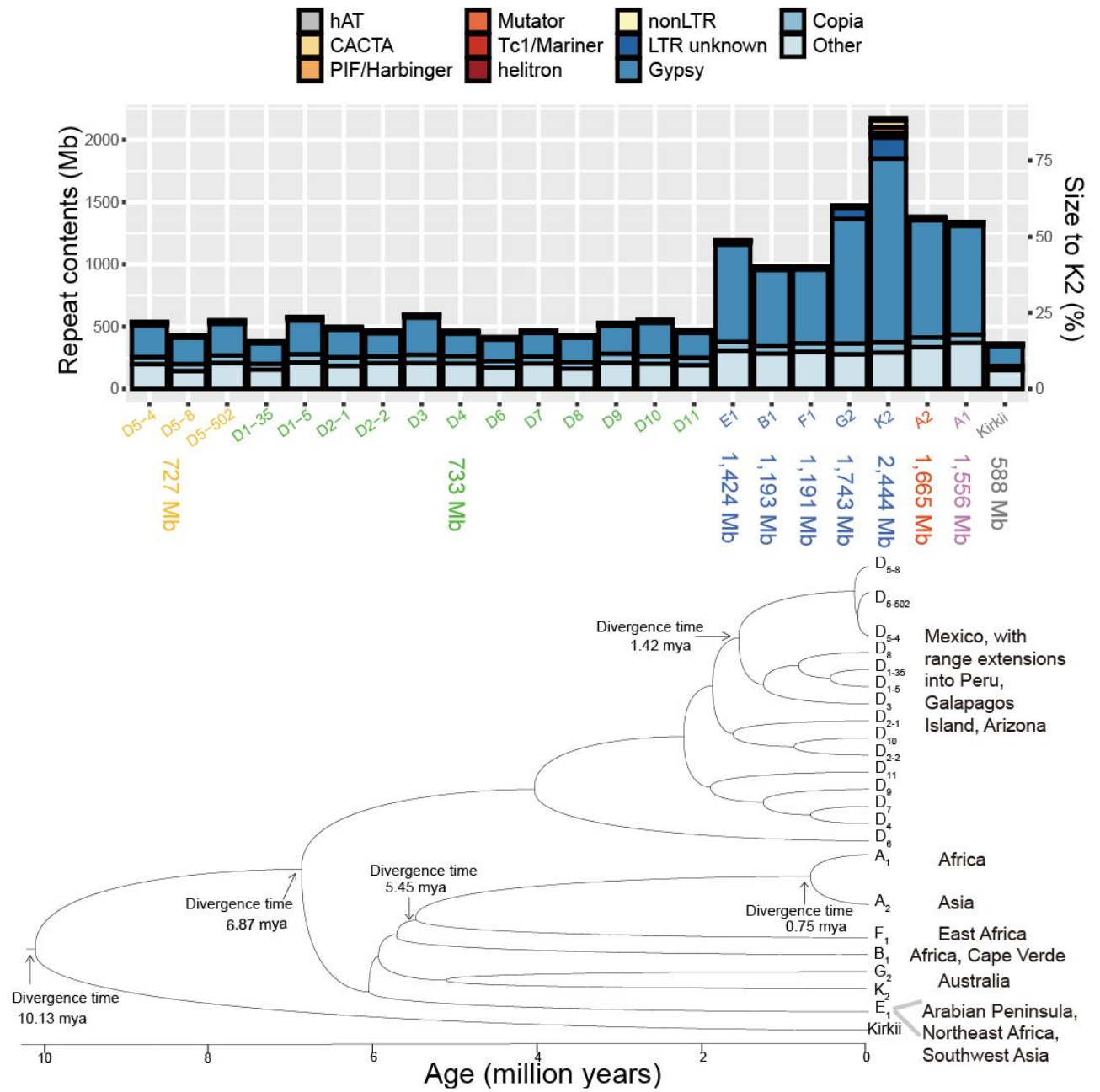
Pan-genome analysis



Structural variations



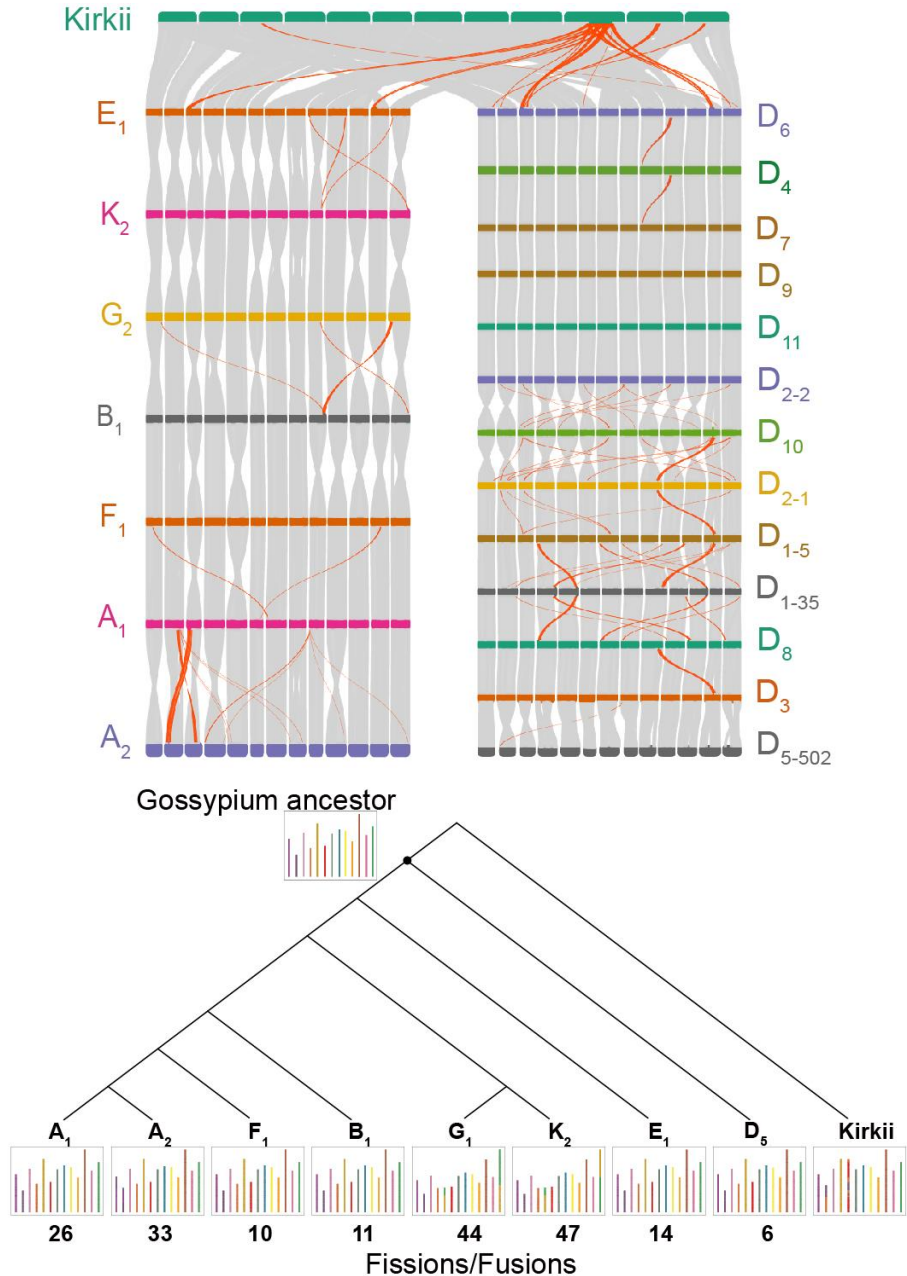
# 结果



- 圆叶棉（K2）中发现的TE数量最多，而在野生近缘种叉柱棉中则最少；
- 从D基因组到G和K基因组，以及从B、E和F基因组到A基因组，TEs的总长度有显著增加；
- 基因组中TE比例与总序列长度之间存在显著正相关；
- 揭示了两个明显的分支，其中D基因组的二倍体棉种构成了一个分支；
- 栽培的二倍体棉种约在545万年前与野生二倍体棉种分化，而二倍体棉种与其野生近缘种叉柱棉的分化时间约为1,013万年前。

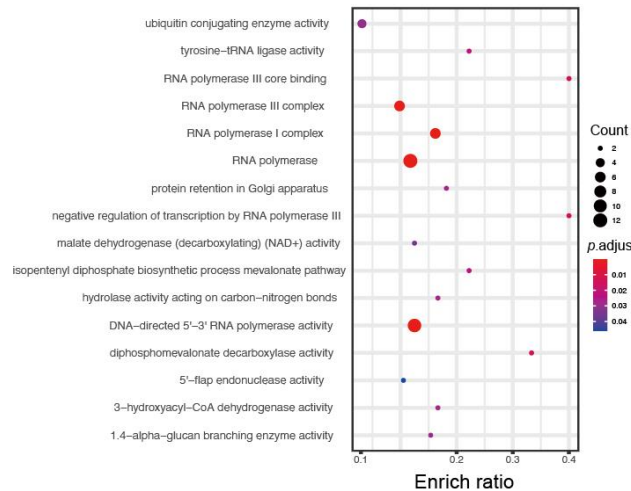
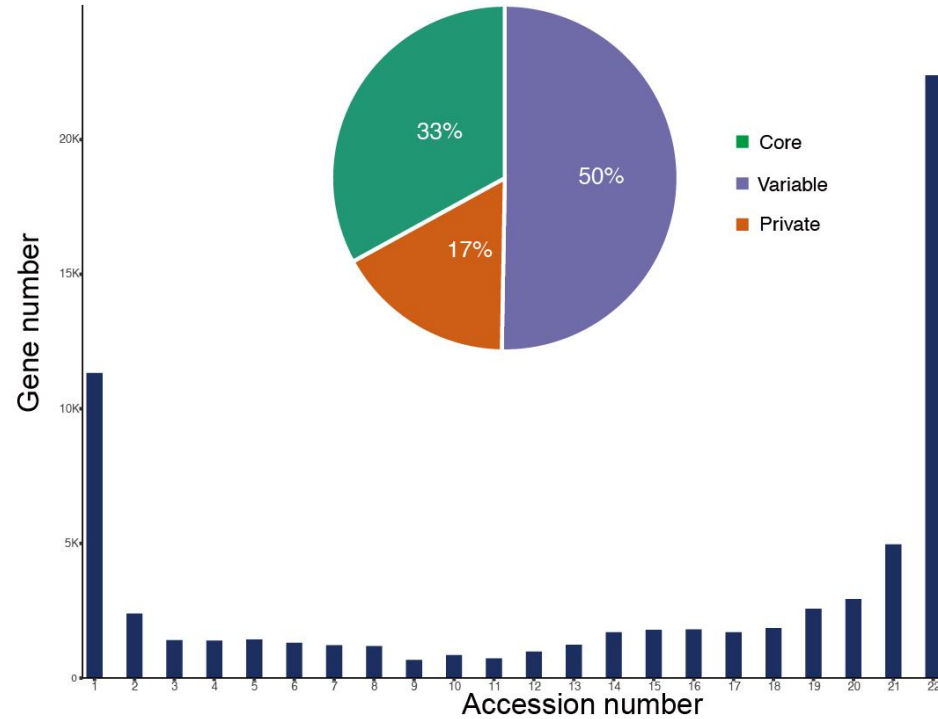
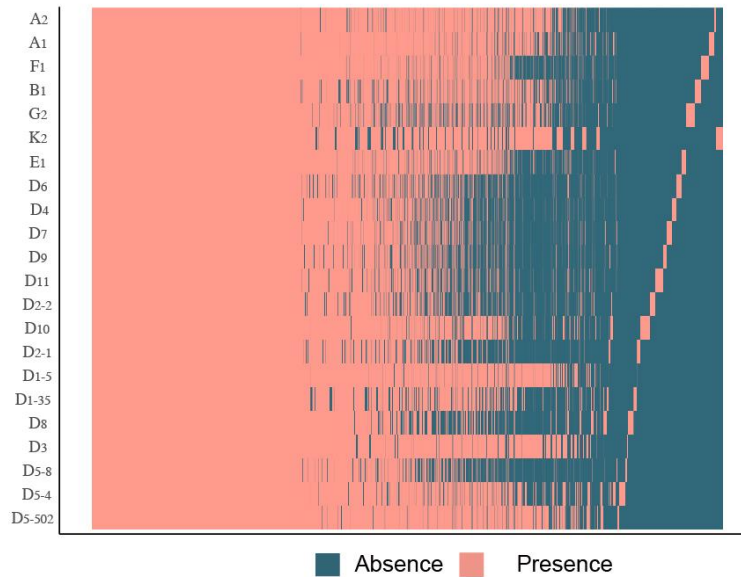
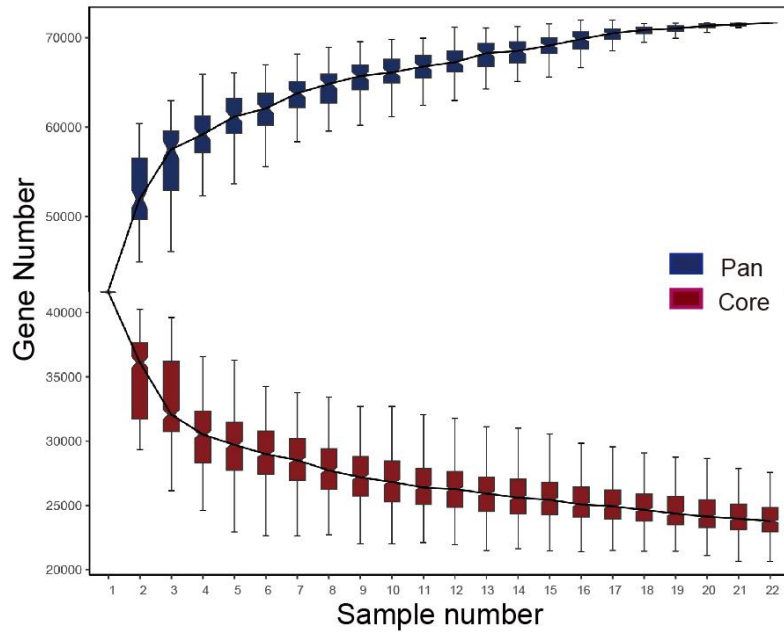


# 结果



- ❑ 草棉 (A<sub>1</sub>) 与亚洲棉 (A<sub>2</sub>) 之间存在13个在不同对应基因组上无序排列的共线性区块，暗示这些区块在两个棉种进化中的重要性；
- ❑ 采用GMP模型推断了棉种祖先基因组，发现染色体裂解和倒位是物种形成的基本驱动力；
- ❑ 大规模的染色体倒位可能是驱动物种形成和多样性的重要因素。

# 结果



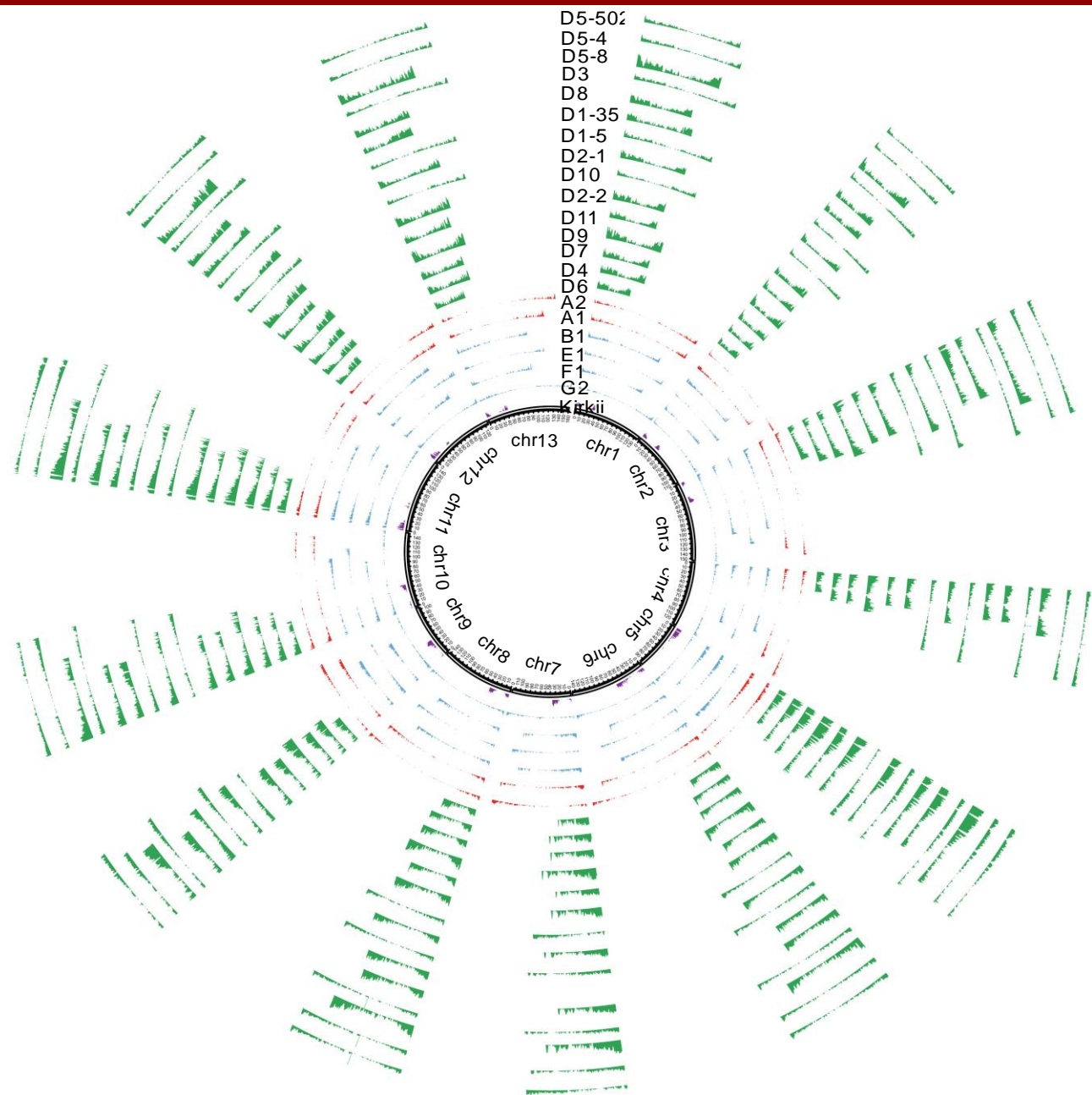
泛基因组包含67,807个基因，其中包括22,384个核心基因、34,093个可变基因和11,330个特异基因；

核心基因的KEGG途径和GO富集分析显示了与棉花生长发育相关的条目；

特异基因在不同条目上的富集揭示了不同棉种特征的变异。



# 结果



□ 不同棉种间SVs的总数和类型存在差异；

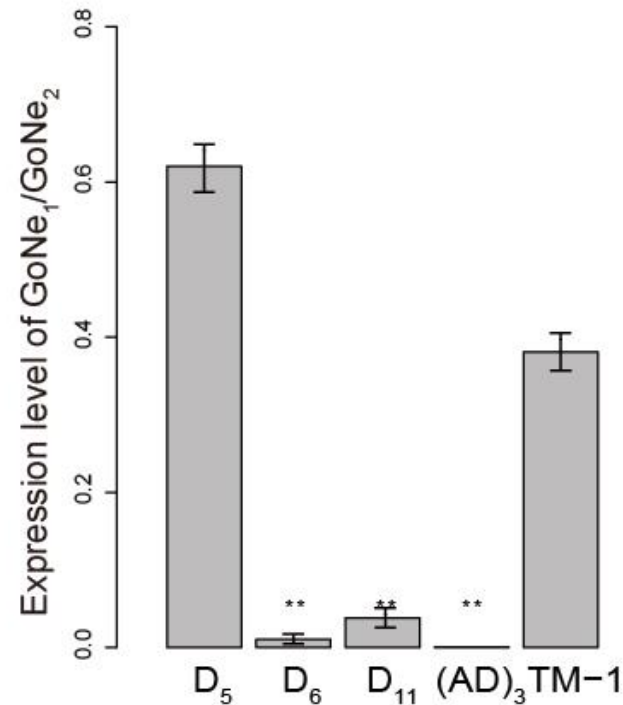
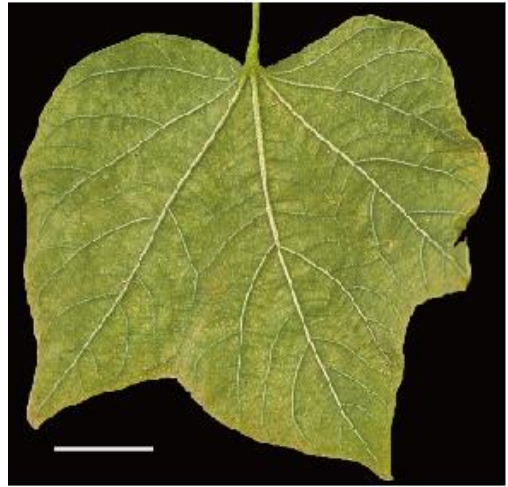
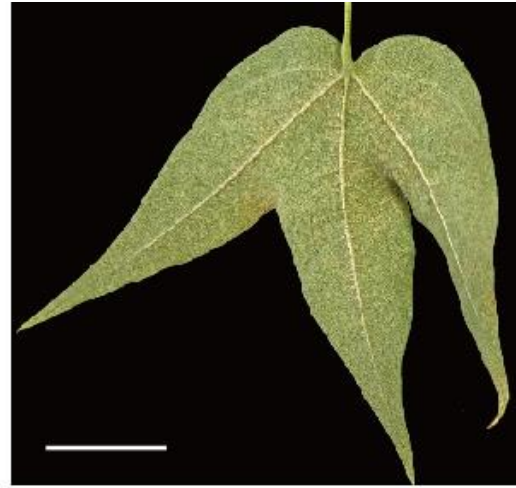
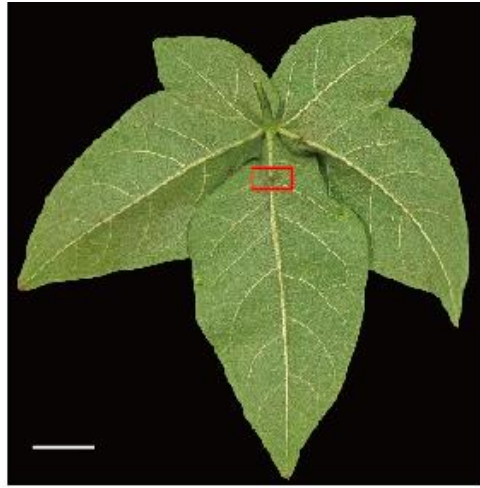
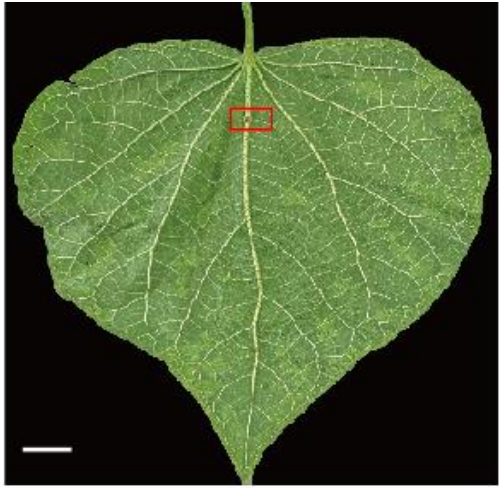
□ 重复收缩SVs最为常见，而删除最少；

□ 辣根棉（D2-1）拥有最多的SVs，而叉柱棉拥有最少；

□ 在321个SV热点区域中发现了分布不均的SVs，这些区域包含90个与纤维起始和/或伸长相关的基因。



# 结果



□ 在拟似棉 (D<sub>6</sub>)、施沃恩蒂曼氏棉 (D<sub>11</sub>) 及异源四倍体棉种毛棉 ((AD)<sub>3</sub>) 中没有发现叶蜜腺;

□ D<sub>6</sub>和D<sub>11</sub>中*GoNe*无表达, 表明这两个野生二倍体棉种中*GoNe*在叶蜜腺发育方面功能缺失;

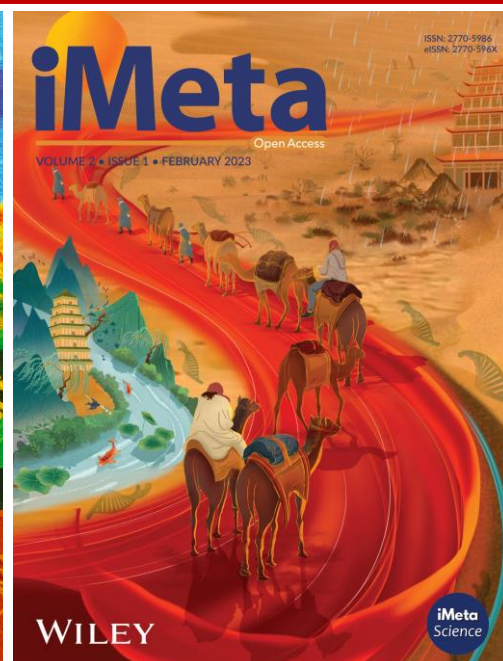
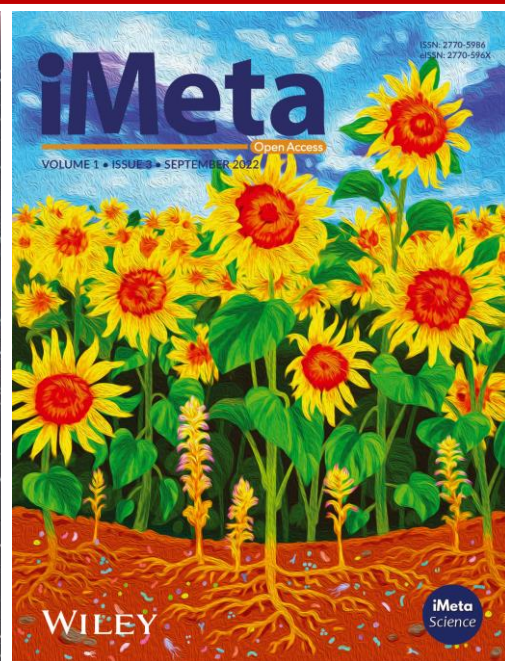
□ *GoNe*启动子序列的分析显示, 与具有叶蜜腺的其他二倍体棉种相比, D<sub>6</sub>和D<sub>11</sub>物种的*GoNe*启动子序列存在大片段缺失 (444 bp)。



# 总结

- 构建了22种二倍体棉种的高质量超级泛基因组，并研究了它们的适应性进化；
- 鉴定了与纤维起始和/或伸长相关的结构变异和热点区域；
- 探讨了拟似棉（D<sub>6</sub>）和施沃恩蒂曼氏棉（D<sub>11</sub>）缺乏叶蜜腺的现象，并确定了*GoNe*启动子序列中的缺失是其原因。

Xueqiang Wang, Hejun Lu, Yan Zhao, Zhiyuan Zhang, Jun Li, Zeyu Dong, Yupeng Hao, et al. 2024. A super pan-genome map provides genomic insights into evolution of diploid cotton species. *iMetaOmics* 1: e15  
<https://doi.org/10.1002/imo2.15>



“**iMeta**” (影响因子**23.7**) 由威立、肠菌分会和数千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；影响力：[ESCI/WOS/JCR](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#) 收录，**IF 23.7** 位列微生物学研究期刊全球第一；时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；

“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位**IF>10** 的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

