分子植物卓越中心解析拟南芥茎尖单细胞图谱

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/13059.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

高等植物个体由单个受精卵通过细胞分裂和分化而来。数量众多、功能多样的细胞组成了一套复杂而精密的调控系统。直径大小不足100 μm的茎尖分生组织（shoot apical meristem）具有细胞多能性，它是所有植物地上部分组织和器官的来源，维持植物的“无限生长”。茎尖分生组织干细胞如何通过特定的分裂与分化轨迹发育成为不同的组织和器官是植物发育生物学的核心科学问题之一。

3月15日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员王佳伟课题组在*Developmental Cell*上，在线发表题为*A single-cell analysis of the Arabidopsis vegetative shoot apex*的研究论文。该研究在单细胞水平揭示了拟南芥茎尖细胞的异质性（heterogeneity），通过转录组差异性分析重构了完整的植物细胞周期图谱，并刻画了茎尖干细胞分化成为不同细胞类型的动态连续过程。

尽管单细胞RNA测序技术（scRNA-seq）正日益广泛地应用在植物科学研究中，但由于茎尖分生组织体积小、深埋于茎尖、细胞解离难度大，在单细胞水平揭示其异质性和复杂性仍存在技术难度。通过不断尝试、优化调整及茎尖组织的精准分离，研究人员获得36643个高质量拟南芥营养期茎尖（vegetative shoot apex）和叶片组织单细胞转录组数据。通过原位杂交和标记基因分析，将这些细胞分别注释为叶肉细胞、茎尖分生组织细胞、表皮细胞、保卫细胞、韧皮部细胞、木质部细胞、伴胞细胞和茎尖内皮层细胞等23个细胞簇（cell cluster）。这些细胞簇分属于7个细胞类群（cell population），其中，表皮细胞类群由茎尖分生组织L1层细胞发育而来，叶肉细胞和维管束细胞类群分别来源于分生组织的L2和L3层细胞。

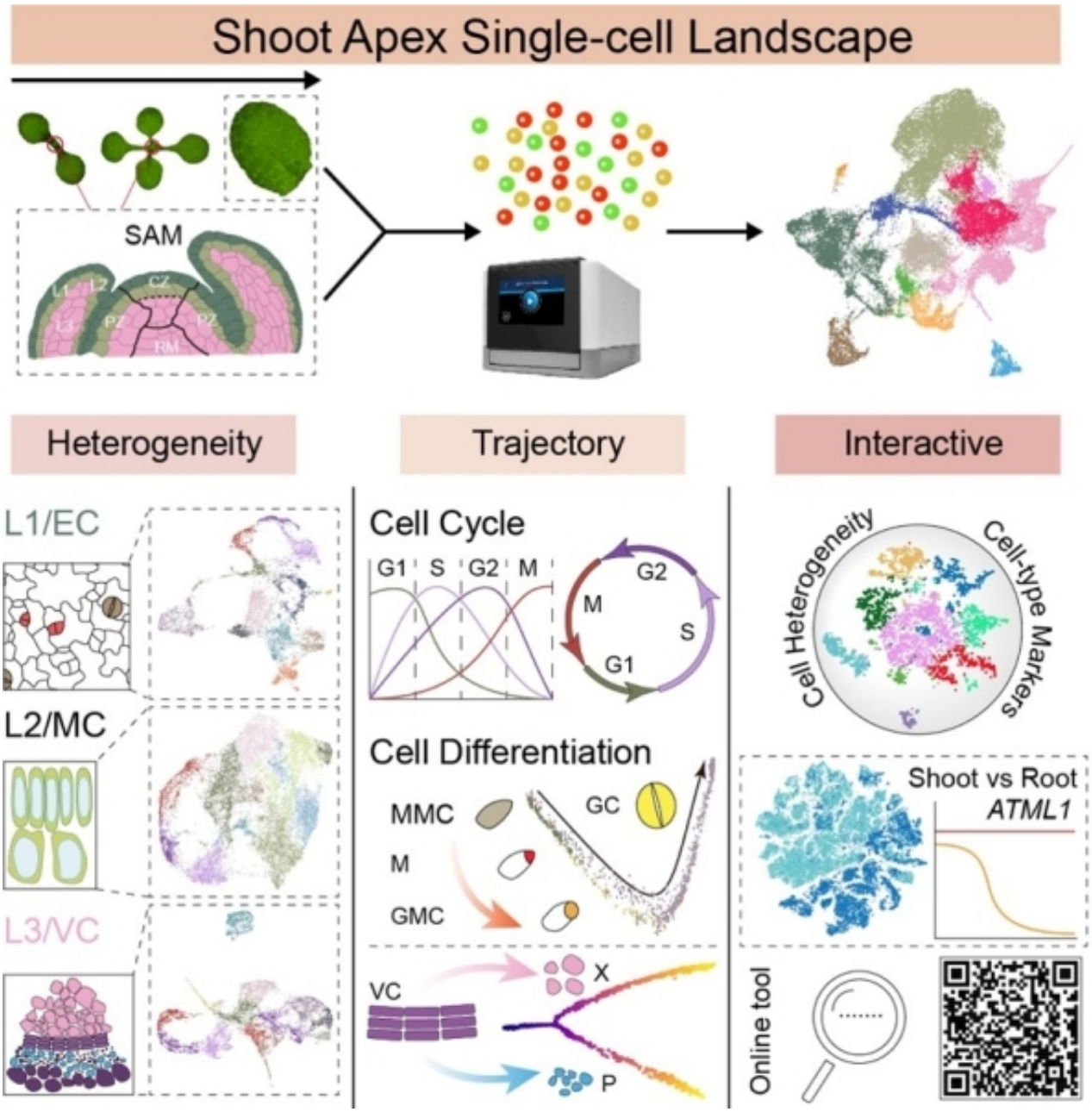
通过细胞亚聚类分析，研究人员发现每个细胞类群中分属G0/G1、S、G2和M期的细胞可组成一个完整的细胞周期环，展现出细胞周期进程的连续性（continuum）。通过重排过渡态细胞（transit-amplifying cells）和拟时间（pseudotime）分析，进一步重构出气孔细胞、韧皮部筛管细胞、木质部导管细胞的精细发育轨迹图，找到了细胞命运转变过程中的中间态细胞，并描绘了相关的转录调控网络。在此基础上，研究人员结合反向遗传学，鉴定出几个参与重力反应和木质部发育的新基因。

此外，该研究还深入考察了茎尖分生组织干细胞类群的异质性。通过对细胞多能性转录因子STM阳性细胞（STM+ cell）的聚类分析，研究人员发现由多能性干细胞向表皮、叶肉或维管束的分化是一个连续渐变的过程。一些早期干细胞同时表达STM和叶片/维管束属性基因。通过整合分析茎尖、叶片和根尖单细胞转录组数据集，研究人员构建了第一张拟南芥单细胞全景模式图，发现地上和地下部分在表皮细胞和维管束分化中既存在相似性又具有不同的发育特征。

综上，上述研究成果将植物茎尖分生组织的研究由传统的组织器官水平提升到单细胞水平，相关单细胞转录组数据库的建立有利于检索基因表达模式、深入挖掘参与植物细胞分裂和分化的基因；该研究建立的分析流程和研究策略为单细胞转录组测序技术在作物中的应用提供了借鉴。

分子植物卓越中心博士后张天奇为论文第一作者，王佳伟为论文通讯作者，博士研究生陈瑜参与了该研究。研究工作得到国家自然科学基金委基础科学中心项目、中科院战略性先导科技专项、中国科协青年人才托举工程和中国博士后创新人才支持计划的资助。

论文链接



研究人员通过单细胞转录组测序技术，构建了模式植物拟南芥茎尖和叶片的单细胞图谱（shoot apex single-cell landscape）

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发