

---

# 科学家揭示水稻根单细胞异质性和分化全景图

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13377.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！*

**科学家揭示水稻根单细胞异质性和分化全景图。**

中国科学院分子植物科学卓越创新中心王佳伟研究组系统揭示了水稻根单细胞异质性，描绘了水稻根表皮细胞和基本组织细胞的分化轨迹，明确了在根尖干细胞分化过程中基因表达与基因染色质可及性的相关性，并同时阐明了单子叶植物水稻和双子叶植物拟南芥在根尖细胞类型上的进化保守性。该研究成果4月6日在线发表于《自然—通讯》。

水稻是重要的粮食作物之一。根是水稻重要的组织器官，负责固定和支撑植物，从土壤中吸收水、矿质元素供给植物生长发育，参与植物与生物或非生物信号的互作。有别于双子叶模式植物拟南芥，水稻是须根系植物，有着不同的生长和发育模式。此外，为了更好的适应水生环境，水稻还进化出外皮层组织、厚壁组织、通气组织以及多细胞层的皮层组织等特化结构。遗传突变体筛选是传统发育生物学和功能基因组学获得重要调控基因的有力手段，但却往往受限于研究周期长、黑盒测试、数量性状、工作量大等不利因素。近年来随着单细胞RNA测序技术的发明与应用，研究人员可以在单细胞水平系统了解生命体细胞的异质性，描绘各种类型细胞的分化和发育轨迹，加速发育过程重要调控因子的挖掘进程。

王佳伟研究组前期的工作描绘了双子叶模式植物拟南芥的根单细胞图谱。为了进一步探究单子叶植物根的发育模式，揭示单双子叶植物根的演化规律，研究人员将scRNA-seq和ATAC-seq技术应用到水稻根的研究中去。scRNA-seq实验成功捕获了27469个高质量单细胞转录组数据。通过聚类分析，将这些细胞注释为21个不同的细胞类群，分别对应水稻根表皮、外皮层、厚壁组织、皮层、内皮层、中柱鞘、分生组织、维管组织等细胞类群。通过原位杂交和构建报告基因，发现并验证了一系列全新的细胞类型标记基因。进一步通过重排过渡态细胞和拟时间分析，描绘了表皮分生组织细胞通过分裂和分化形成成毛体细胞或非成毛体细胞的发育过程，阐明了基本分生组织祖细胞分化形成皮层、厚壁组织和外皮层的分化轨迹。

有趣的是，scRNA-seq和ATAC-seq整合分析显示，一些重要调控因子的染色质开放状态与其基因表达模式呈现时空关联性。尤为重要的是，通过结合反向遗传学实验，发现水稻根分生组织类群特异表达的转录因子OsGATA6参与了水稻根基本组织和维管束组织的发育过程，提示单细胞测

---

序技术可以有效提升作物反向遗传学的成功效率。

同时，研究人员通过与拟南芥根单细胞转录组数据集的整合分析，发现二者细胞类型在进化上保守性较低。仅在根毛、木质部、韧皮部等细胞类型中存在较高相似性。进一步深入比较和分析这些保守细胞类型，挖掘出一些潜在的核心细胞类型调控基因。

专家表示，这些研究成果帮助我们绘制了水稻根的单细胞图谱，为今后解析水稻根发育的精细过程和分子机制，人工定制根系以及提高营养吸收能力奠定了良好的基础。（来源：中国科学报黄辛）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-021-22352-4>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：[shouquan@stimes.cn](mailto:shouquan@stimes.cn)。

作者：王佳伟等 来源：《自然—通讯》

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](https://www.iikx.com)转发