
遗传发育所在单细胞分辨率绘制水稻幼苗叶和根的转录组图谱

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14328.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！

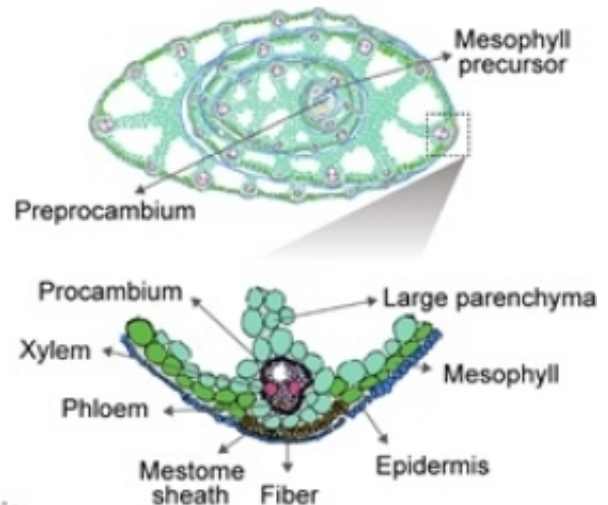
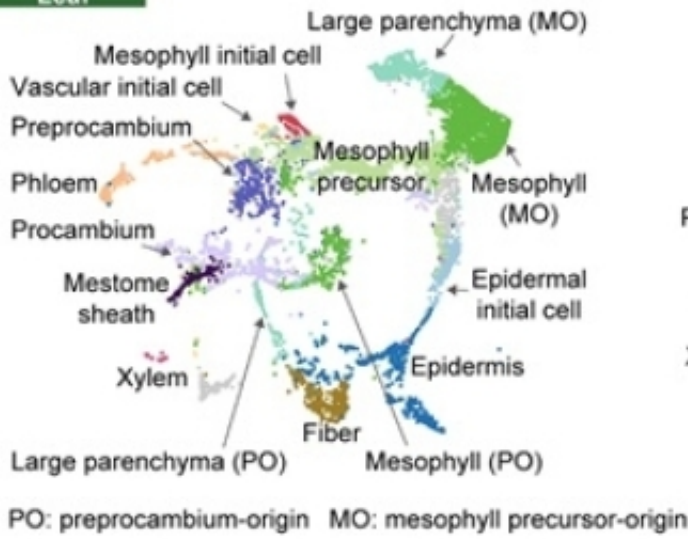
水稻作为重要的粮食作物，为全球一半以上的人口提供主粮；同时，水稻作为单子叶模式植物，其个体发育与细胞分化受到了科研人员持续和广泛的关注。细胞功能的分化常常可以体现为基因表达的差异。新兴的单细胞转录组测序技术使高通量探究细胞的功能分化成为可能。绘制水稻全苗单细胞转录图谱将为单子叶植物的研究工作提供关键的基础资源，为理解植物发育的转录调控规律提供新的认知。

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员钱文峰研究组应用单细胞转录组测序技术，获得了水稻幼苗叶和根超过二十万个单细胞的转录组信息，利用已报道的细胞类型标记基因和原位杂交技术，对每个细胞的身份进行鉴定，构建了水稻幼苗叶和根的单细胞转录图谱。基于该图谱进一步发现，尽管叶和根的同种类型组织（例如，叶和根各自的维管组织，叶肉细胞和根皮层细胞）具有显著的转录组相似性，叶和根表皮组织的转录组却具有较大差异，这可能与地上部和地下部表皮组织所处外界环境的差异有关。

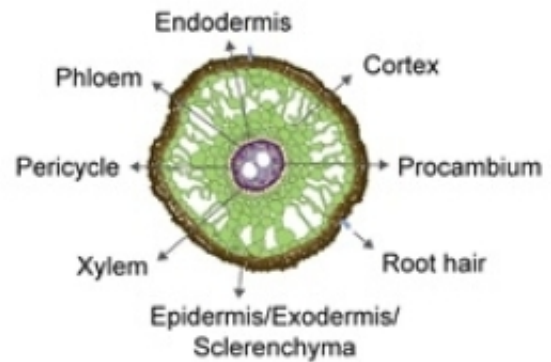
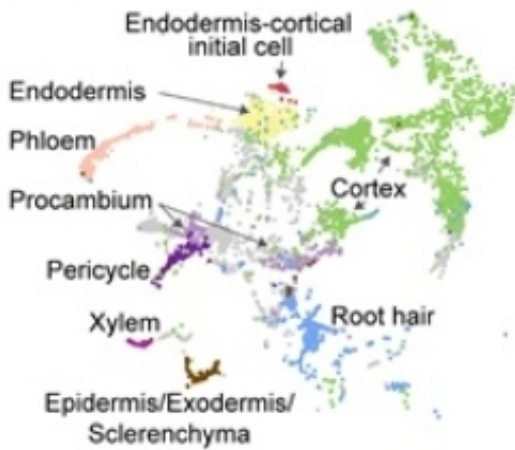
该研究还比较了多个生长条件下水稻幼苗单细胞转录图谱的差异，发现水稻在应对低氮、缺铁以及高盐胁迫时，不同类型的细胞常常采取细胞类型特异的转录响应，而同种类型细胞在响应不同胁迫时往往倾向于使用相似的转录调控机制。研究人员还关注到在胁迫条件下幼苗表现出叶片发黄的现象。通过研究细胞群体组成，作者发现胁迫条件下叶肉细胞比例显著降低。通过进一步重构叶肉细胞的发育轨迹，发现在叶肉细胞发育的不同阶段，不同功能的基因按照特定时序依次动态响应，为理解非生物胁迫下细胞分化的差异提供了线索。该研究为水稻全苗开展单细胞分辨率的组学研究奠定了基础，为深入解析植物的生命活动提供了新的角度。

上述研究结果于近日在线发表于Journal of Genetics and Genomics杂志。该研究得到国家自然科学基金委以及植物基因组学国家重点实验室的资助。

Leaf



Root



水稻幼苗叶和根的单细胞转录组二维UMAP图与组织解剖图

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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