杨树次生木质部单细胞转录组图谱建立

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/16913.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！

杨树次生木质部单细胞转录组图谱建立。近日，北京林业大学教授张德强团队在《植物生物技术杂志》发表研究论文。该研究以杨树为研究模式，利用单细胞测序技术、基因组分析、RNA原位杂交、愈伤组织遗传转化等技术建立了杨树次生木质部的单细胞转录组图谱，重构了完整的杨树次生木质部细胞类群，鉴定了调控木质部发育过程的关键转录因子，系统解答了次生木质部细胞发育过程、细胞特异性表达模式、调控因子冗余性特征等关键科学问题。

次生生长是多年生木本植物有别于草本植物的重要生物学过程，是决定林木产量和质量的关键因素。林木次生生长源于维管形成层，通过径向分裂向外形成次生韧皮部，向内形成次生木质部，即木材。因此，深度解析林木次生生长发育过程及生物学调控网络对于木材产业的可持续性具有重要意义。然而，次生木质部细胞过程、基因表达特征和分化过程仍不明确，参与该过程重要调控因子及功能性特征尚不清晰。

团队利用优化后的木本植物原生质体制备技术，获得了12466 个次生木质部原生质体细胞，平均每个细胞检测到1566个基因表达。依据细胞特异性表达基因聚类分析、RNA原位杂交技术将细胞划分为12个细胞簇，包含了维管细胞、纤维细胞、射线细胞等主要细胞类群，细胞类群的拟时间分析揭示了两条次生木质部细胞发育轨迹。对细胞类群的基因功能冗余性分析结果表明，与结构基因相比，转录因子家族在次生木质部的分化过程中有高度的冗余性，转录因子家族直系同源基因倾向于在同一簇中表达，调控相同的生物学途径。

这项研究为深入解析树木次生生长过程的分子调控机制提供了重要的理论依据。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/pbi.13763

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。
作者：张德强等 来源：《植物生物技术杂志》

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