
昆明动物所等构建文昌鱼胚胎单细胞水平的细胞分化谱系

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19086.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！

一个受精卵是如何从单细胞发育、分化为大量不同类型的细胞、组织和器官，最终构成一个完整生命体的，一直是发育生物学的基本问题和研究目标。得益于近年来单细胞测序技术和计算生物学的发展，以“DNA条形码”为代表的谱系示踪技术取得了长足发展，例如，发育生物学研究利用该技术明确了包括小鼠、斑马鱼、非洲爪蛙以及海鞘等多种生物的细胞发育谱系。文昌鱼是介于无脊椎动物和脊椎动物之间的过渡型动物，是最原始的脊索动物（Chordate），也是探究脊椎动物起源和演化的理想对象，在探索脊索动物细胞命运决定保守机制和进化发育中具有重要地位。

近日，由中国科学院昆明动物研究所研究员毛炳宇团队牵头，联合中科院数学与系统科学研究院研究员张世华团队、厦门大学教授李光团队、华大基因以及福建师范大学等科研团队，在Cell Reports上，在线发表了题为Joint profiling of gene expression and chromatin accessibility of amphioxus development at single cell resolution

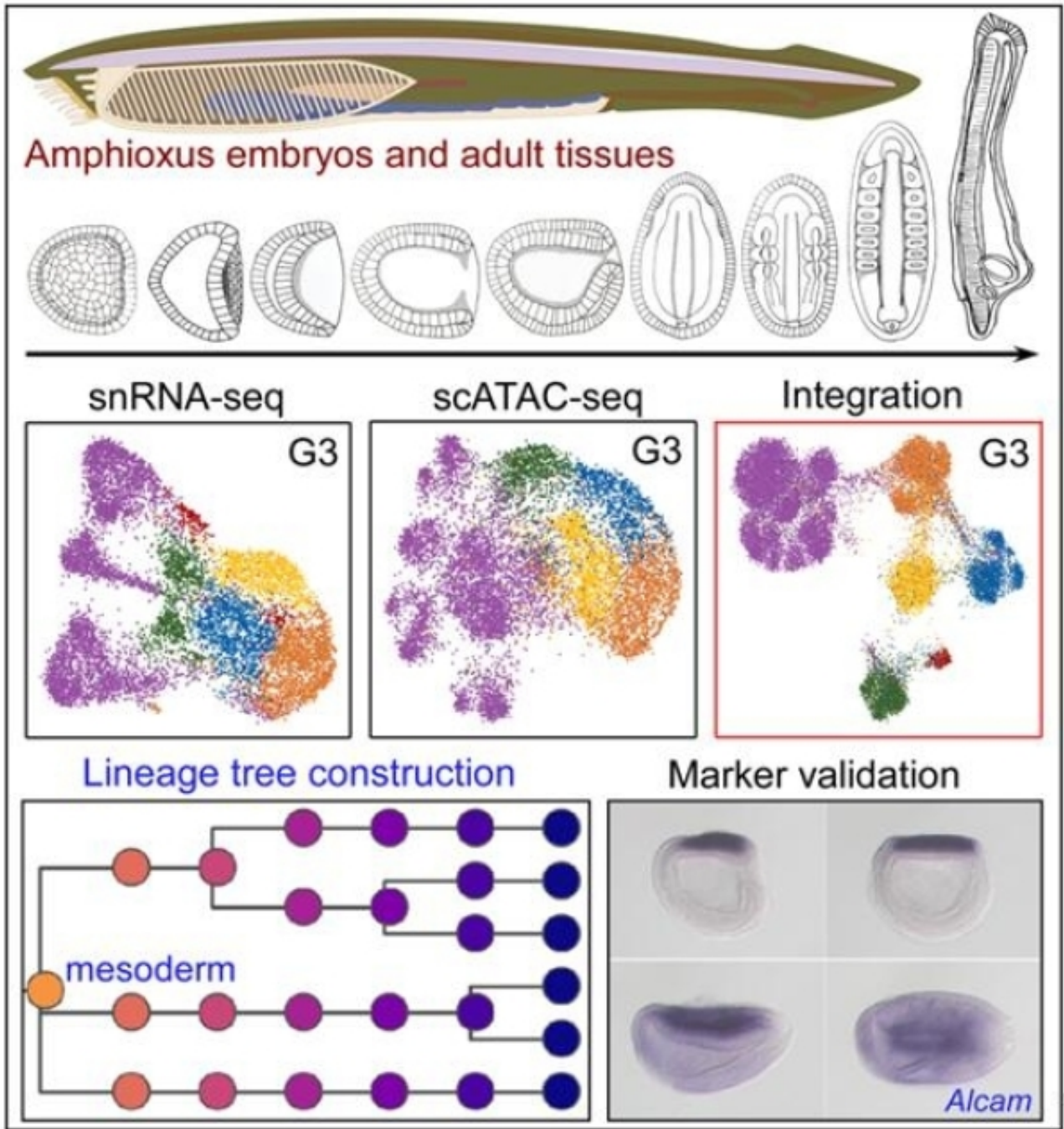
的研究论文。该研究联合

Split-seq单细胞转录组测序（snRNA-seq）和10× Genomics单细胞表观组测序（scATAC-seq）技术，以单细胞分辨率绘制了文昌鱼早期胚胎发育全细胞命运图谱、成体文昌鱼各组织的单细胞基因表达图谱和染色质开放特性图谱；分析了文昌鱼胚胎各谱系分化过程中的基因转录动态；运用跨物种的整合分析，构建了文昌鱼胚胎各谱系分化过程中保守的基因调控网络。

该研究检测了不同胚胎发育时期的文昌鱼胚胎，超过十万个细胞的转录组测序，并系统地绘制了文昌鱼各胚层细胞分化路径以及每个路径中基因的表达变化。同时，该研究进行了来自不同胚胎发育时期的文昌鱼胚胎的单细胞表观组测序，获得数万个单细胞的表观组数据；通过转录组和表观组的整合分析，构建了文昌鱼胚胎谱系分化过程中的基因调控网络，计算筛选并通过原位杂交实验验证到多个组织特异表达的新标记基因。该研究构建第一张文昌鱼胚胎发育过程中的单细胞分辨率全细胞命运图谱，产生的数据对于剖析脊椎动物各组织器官的演化具有重要意义。

研究工作得到国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项、中科院青年创新促进会与昆明动物所遗传资源与进化国家重点实验室开放课题等的支持。

[论文链接](#)



图示文昌鱼单细胞水平转录组和表观组整合分析

研究团队单位：昆明动物研究所

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](http://www.iikx.com)转发