

---

# 新研究揭示荔枝芽成花转变的分子调控网络

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/22604.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！*

新研究揭示荔枝芽成花转变的分子调控网络。

近日，华南农业大学园艺学院、岭南现代农业科学与技术广东省实验室教授王惠聪团队构建植物单细胞研究实验体系从单细胞水平上揭示荔枝芽成花转变的分子调控网络。相关研究分别发表于Journal of Experimental Botany和Cells。

针对植物因为存在细胞壁和大量次生代谢产物，高质量原生质体难以获得，单细胞研究滞后于动物的问题，研究人员聚焦全球重要的十种经济作物，包括水稻、玉米、番茄、大豆、苹果、葡萄、香蕉、柑橘和荔枝，开发了高效、高品质的植物细胞核分离系统，成功克服了植物单细胞测序样本单细胞核分离困难、纯度低、得率少的难题，首次建立植物细胞核流式细胞仪绝对计数技术，同时实现细胞核的准确计数和回收分析。

该项工作是首例针对主要农作物高纯度细胞核详细的提取富集方法的报道，所分离纯化细胞核的数量和纯度能满足细胞分裂周期和单细胞核测序研究的需要，研究结果将促进植物特别是木本植物单细胞水平的研究。

针对植物芽成花调控网络复杂，普通的bulk RNA-seq面临取样困难的技术壁垒，迫切需要具有更高分辨率、更好的细胞类型分离技术来解析植物芽成花转变分子机制的问题，研究人员以荔枝成花过程中关键发育时期的三种不同状态的芽为研究对象，首次建立荔枝芽样本的单细胞核测序体系，完成了首例荔枝单细胞图谱构建，确定了芽成花决定的关键细胞群(只占芽样品的5%)，成功规避了细胞异质性对研究的干扰。

同时，研究人员以核测序未检测到关键成花基因FT和TFL1表达，而qRT-PCR可明显检测到它们表达为切入点，利用RNA原位杂交、点杂交等技术，证明荔枝成花关键的基因LcFT1和LcTFL1-2可以以mRNA的形式从叶片转运至芽。在模式植物的基础上，绘制了荔枝芽成花转变的分子调控网络模型，为进一步的研究提供了关键的分子靶标。

论文通讯作者王惠聪表示，上述研究建立了十种重要植物高效高质的单细胞核分离体系，分离的细胞核可运用于单细胞组学研究;首次完成荔枝单细胞图谱构建，从单细胞水平解析了荔枝芽成花转变的分子调控网络。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：<https://doi.org/10.3390/cells11233919>

<https://doi.org/10.1093/jxb/erad103>

---

作者：王惠聪等 来源：《实验植物学杂志》

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](http://www.iikx.com)转发