

---

# 中国科学家绘制全球首张维管植物整合细胞图谱

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35100.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！*

中国科学家绘制全球首张维管植物整合细胞图谱。中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员王佳伟团队，绘制了世界上首张维管植物整合细胞图谱，并通过系统鉴定维管植物各类细胞的底层基因，突破了基因高效挖掘的瓶颈，为植物发育生物学研究提供了一个全新的研究范式。相关研究8月18日发表于《细胞》。

得益于双子叶模式植物拟南芥和单子叶模式植物水稻的遗传学研究，植物发育生物学在过去40年取得了长足的发展。然而，随着正向遗传学筛选的日趋饱和，基因功能的冗余性逐渐成为植物新基因挖掘的巨大障碍。许多植物高质量单细胞制备难度大，同时相当一部分植物的基因组庞大且相关测序尚未完成，为植物单细胞图谱的绘制带来了巨大挑战。

研究团队开发了高效的原生质体制备技术，并建立了一套无需参考基因组即可进行单细胞转录组数据分析的流程。在此基础上，研究团队成功绘制了来自石松类植物（石松和银边卷柏）、蕨类植物（肾蕨）及裸子植物（油松）的四张全新单细胞图谱，并在此基础上实现了维管植物的整合单细胞图谱的构建。维管植物的起源可以追溯到约四亿年前，而这张整合细胞图谱是目前已知的跨越演化时间最大的植物整合单细胞图谱。

进一步地，研究团队在蕨类和裸子植物中发现了以前从未发现的新细胞类型（韧皮部中的类伴胞细胞）。此外，基于跨物种保守性和基因表达模式相似性，研究团队首次揭示了维管植物各类细胞的底层基因集，且大部分已知拟南芥各类细胞类型的关键调控基因都可以在此基因集中找到。值得一提的是，维管植物底层基因集能够有效应对当前基因挖掘中的瓶颈问题，用于高效发现全新的发育基因。研究团队以各类细胞底层基因集为参考，开发了一个维管植物通用的细胞类型自动化注释工具，能够在短时间内对一个未知图谱进行初步注释。（来源：中国科学报 江庆龄）

供

?

---

相关论文信息：<http://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.036>

作者：王佳伟等 来源：《细胞》

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