

我国科学家成功绘制水稻全生命周期时空细胞图谱

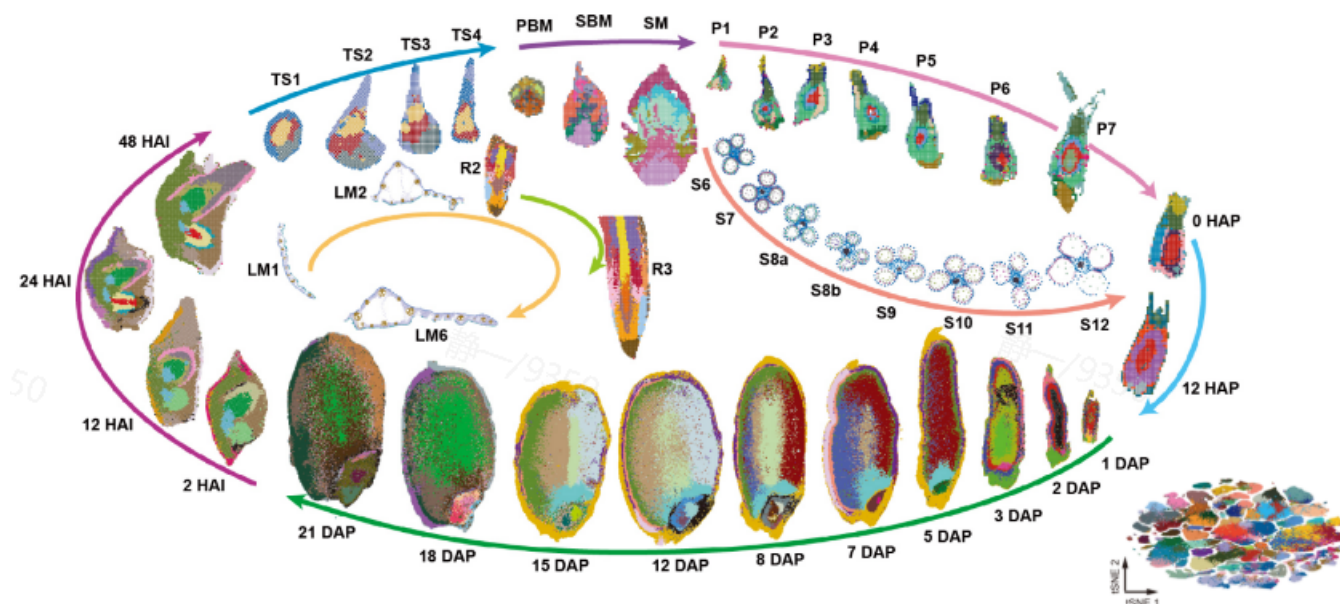
作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/42425.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！

我国科学家成功绘制水稻全生命周期时空细胞图谱。一粒水稻种子，如何成长、发芽、抽穗，最后长成人们碗里的粮食？这个过程中，水稻内部成千上万的细胞，就像一个精密庞大的超级工厂。过去，科学家们很难看清这个工厂内部的详细运作。10月6日，一项来自《细胞》的研究，有望打破这个盲区。

来自崖州湾国家实验室、华大生命科学研究院、华中农业大学、南方科技大学、武汉大学、中国科学院遗传与发育生物学研究所等机构的12个科研团队，首次构建了覆盖水稻从种子萌发到开花结实全过程的三维时空细胞图谱，整合了基因组、细胞发育阶段与空间转录组信息，为在个体尺度上理解植物发育提供了重要基础。



水稻全生命周期细胞类型与空间单细胞图谱。研究团队供图

给水稻绘制一张高清生命地图

观察一株水稻，我们肉眼能够看到根、叶、花和籽粒，却难以看清内部细胞是如何分工协作的。

水稻的生长发育涉及不同类型细胞的协同作用。过去，研究人员可以分析某个基因的功能，或观察某一组织、某一发育阶段的变化，但在完整生命周期中，数万个基因在何处、何时参与调控生

长发育，业界仍缺少系统性认识。

为了打破这一盲区，在该研究中，研究团队以粳稻品种中花11为材料，整合了华大自主研发的时空组学技术Stereo-seq、单细胞建库平台DNBelab C4和人工智能分析，建立覆盖10类器官或组织、61个发育阶段的图谱。研究团队获取了约85万个高质量细胞核的数据，以及超过34万个空间数据单元，注释出119种细胞类型和133个细胞亚型。

这张图谱可以理解为一份带有时间和空间位置的生命信息地图，它既呈现了不同细胞类型在组织中的分布，也反映了功能基因表达随发育阶段发生的变化，帮助研究者将分子层面的信息与水稻宏观的生长过程联系起来。

有了这张高清地图，研究人员就像拥有了‘上帝视角’，可以看到不同细胞是怎么相互打配合，最终拼装出一张完整水稻的生命地图。三亚华大生命科学研究院专项科学家、论文共同第一作者静一表示。

揭示一粒米的内部分工，打造公共大模型

水稻的胚乳是人们吃的大米的主要部分，它决定了米饭的口感和营养。这项研究指出，发育中的胚乳内部存在精密的空间分工。

研究人员发现，在靠近背部的地方，富集碳水化合物代谢和淀粉合成相关基因；而在靠近腹部的地方，则更偏向储藏蛋白合成相关基因。进一步的突变实验表明，相关基因的改变能够影响淀粉和蛋白在背腹区域的积累格局。

不仅如此，科研团队还发现，同一个关键调控因子（如OsARF1），在不同的细胞空间环境里，发挥的功能也不尽相同。这些发现，将籽粒营养分配的问题细化到了具体空间区域，这意味着未来科学家想要培育更好吃、或是更有营养的水稻，不再只是参考整粒种子的平均数据，而是可以拿着这张地图，探索更有针对性的空间分区调控策略，实现指哪打哪。

为了让这项成果转化为可持续使用的公共资源，团队进一步建立了交互式在线图谱平台，支持基因查询、空间表达展示和比较分析，并开发了水稻单细胞基础模型RICE scGPT。该模型相当于为农业科研界打造了一个懂水稻细胞的AI大模型。利用该研究及公开的水稻单细胞数据训练，可辅助细胞类型注释和不同来源数据集的整合，提高了数据的可比性与复用性。

有了这些分析入口，育种专家们如虎添翼。以前想要改良水稻的某个特点，可能会因为直接改变全局基因而影响多个性状，现在借助图谱和模型，专家们有望进行定向优化，大大减少顾此失彼的不利连锁反应。基因组多维解析技术全国重点实验室主任、论文共同通讯作者徐讯指出，该图谱还将结合基因功能、种质材料和田间表现进一步验证，最终应用在农业生产中。

揭榜挂帅，协同攻关

这项成果的背后，是一场跨越26年的科研接力。早在2000年，袁隆平院士就与华大等签署合作协议，拉开了华大水稻基因组研究的序幕，水稻籼稻基因组工作框架图于2002年发表在《科学》杂志。

如今，研究的观察尺度从遗传序列进一步延伸至细胞、空间位置和发育过程。水稻全生命周期时

空细胞图谱及相关数据库、模型的发布，为研究者独立挖掘基因功能提供了一条全新思路。

研究者可以查看关注的基因在不同组织和发育阶段中的表达情况，再结合实验开展功能验证。这不仅为全球学者提供了宝贵的公共资源，也开拓了植物全生命周期研究的新路径。

据了解，该研究是中国科研界探索有组织科研的一次成功实践。该研究依托水稻单细胞时空组学研究项目，是海南省种业实验室（原崖州湾种子实验室）与三亚华大生命科学研究院联合揭榜挂帅项目之一。

在崖州湾国家实验室的顶层设计下，项目采取科企协同攻关模式，基于华大时空组学等技术，与领域优势科研单位通力合作，最终在多维组学、数据分析、生物学机制解析等方面实现全面突破，一系列新的发现为农作物品质改良和育种创新提供了更扎实的科学依据。崖州湾国家实验室副主任、论文共同通讯作者陈凡表示。（来源：中国科学报刁雯蕙）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2026.09.23>

作者：陈凡等 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](https://www.iikx.com)转发