



中国科学院分子植物科学卓越创新中心
CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences

植物生理生态研究所
Institute of Plant Physiology and Ecology

(<http://www.cemps.cas.cn/>)

唯实求真 协力创新

[首页 \(../..\)](#)>[图片新闻 \(../\)](#)

王佳伟研究组揭示水稻根单细胞异质性和分化全景图

2021年4月6日，国际学术期刊Nature Communications在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心王佳伟研究组题为" Single-Cell Transcriptome Atlas and Chromatin Accessibility Landscape Reveal Differentiation Trajectories in the Rice Root "的研究论文。该研究系统揭示了水稻根单细胞异质性 (heterogeneity) ，描绘了水稻根表皮细胞 (epidermal cell) 和基本组织 (ground tissue) 细胞的分化轨迹，明确了在根尖干细胞分化过程中基因表达与基因染色质可及性 (Chromatin accessibility) 的相关性，并同时阐明了单子叶植物水稻和双子叶植物拟南芥在根尖细胞类型上的进化保守性。

水稻是重要的粮食作物之一。根是水稻重要的组织器官，负责固定和支撑植物，从土壤中吸收水、矿质元素供给植物生长发育，参与植物与生物或非生物信号的互作。有别于双子叶模式植物拟南芥，水稻是须根系植物，有着不同的生长和发育模式。此外，为了更好的适应水生环境，水稻还进化出外皮层组织 (exodermis) 、厚壁组织 (sclerenchyma) 、通气组织以及多细胞层的皮层组织 (cortical cells) 等特化结构。遗传突变体筛选是传统发育生物学和功能基因组学获得重要调控基因的有力手段，但却往往受限于研究周期长、黑盒测试、数量性状、工作量大等不利因素。近年来随着单细胞RNA测序技术的发明与应用，研究人员可以在单细胞水平系统了解生命体细胞的异质性，描绘各种类型细胞的分化和发育轨迹，加速发育过程重要调控因子的挖掘进程。

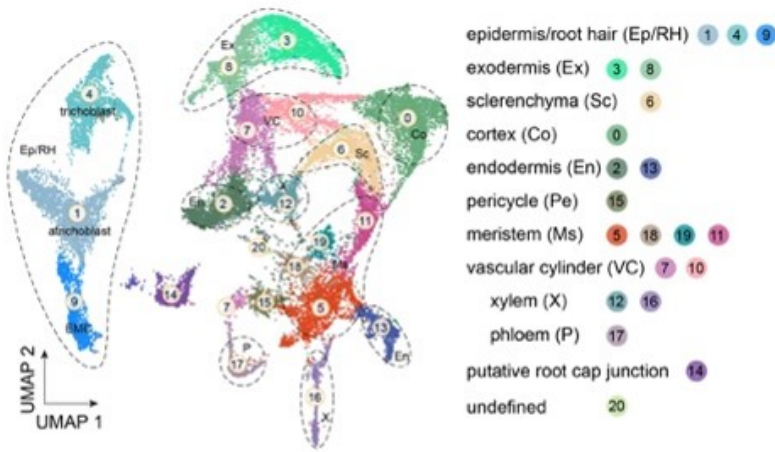
实验室前期的研究工作描绘了双子叶模式植物拟南芥的根单细胞图谱 (Zhang et al., Mol Plant, 2019)。为了进一步探究单子叶植物根的发育模式, 揭示单双子叶植物根的演化规律, 张天奇博士将scRNA-seq和ATAC-seq技术应用到水稻根的研究中去。scRNA-seq实验成功捕获了27469个高质量单细胞转录组数据。通过聚类分析, 将这些细胞注释为21个不同的细胞类群 (cluster), 分别对应水稻根表皮、外皮层、厚壁组织、皮层、内皮层、中柱鞘、分生组织、维管组织等细胞类群。通过原位杂交和构建报告基因, 发现并验证了一系列全新的细胞类型标记基因。进一步通过重排过渡态细胞和拟时间分析, 描绘了表皮分生组织细胞通过分裂和分化形成成毛体细胞 (trichoblasts) 或非成毛体细胞 (atrachoblasts) 的发育过程, 阐明了基本分生组织祖细胞 (ground tissue initial) 分化形成皮层、厚壁组织和外皮层的分化轨迹。有趣的是, scRNA-seq和ATAC-seq整合分析显示, 一些重要调控因子的染色质开放状态与其基因表达模式呈现时空关联性。尤为重要的是, 通过结合反向遗传学实验, 发现水稻根分生组织类群特异表达的转录因子OsGATA6参与了水稻根基本组织和维管束组织的发育过程, 提示单细胞测序技术可以有效提升作物反向遗传学的成功效率。

最后, 通过与拟南芥根单细胞转录组数据集的整合分析, 发现二者细胞类型在进化上保守性较低。仅在根毛、木质部、韧皮部等细胞类型中存在较高相似性。进一步深入比较和分析这些保守细胞类型, 挖掘出一些潜在的核心细胞类型调控基因。综上, 这些研究成果帮助我们绘制了水稻根的单细胞图谱, 为今后解析水稻根发育的精细过程和分子机制, 人工定制根系以及提高营养吸收能力奠定了良好的基础。

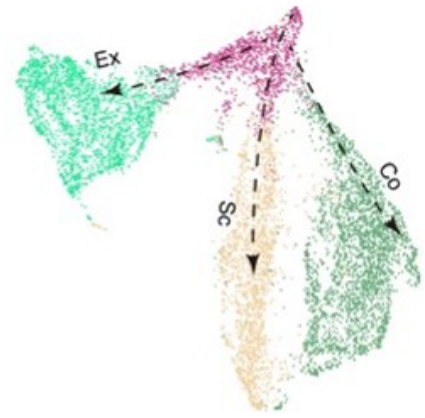
中科院分子植物科学卓越创新中心博士后张天奇为论文第一作者。张天奇博士和王佳伟研究员为共同通讯作者。中科院分子植物科学卓越创新中心博士研究生陈瑜, 南京农业大学刘晔讲师、上海交通大学林文慧教授也参与到该项研究中。该研究得到国家自然科学基金委基础科学中心项目、中国科学院先导项目、中国科协青年人才托举工程和中国博士后创新人才支持计划等资助。

论 文 链 接 : <https://www.nature.com/articles/s41467-021-22352-4>
(<https://www.nature.com/articles/s41467-021-22352-4>)

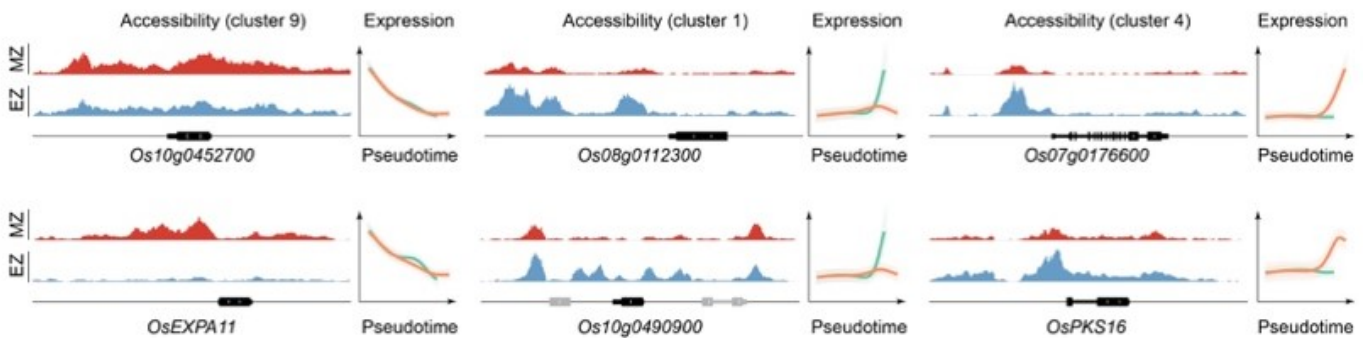
A. Rice Root Cell Landscape



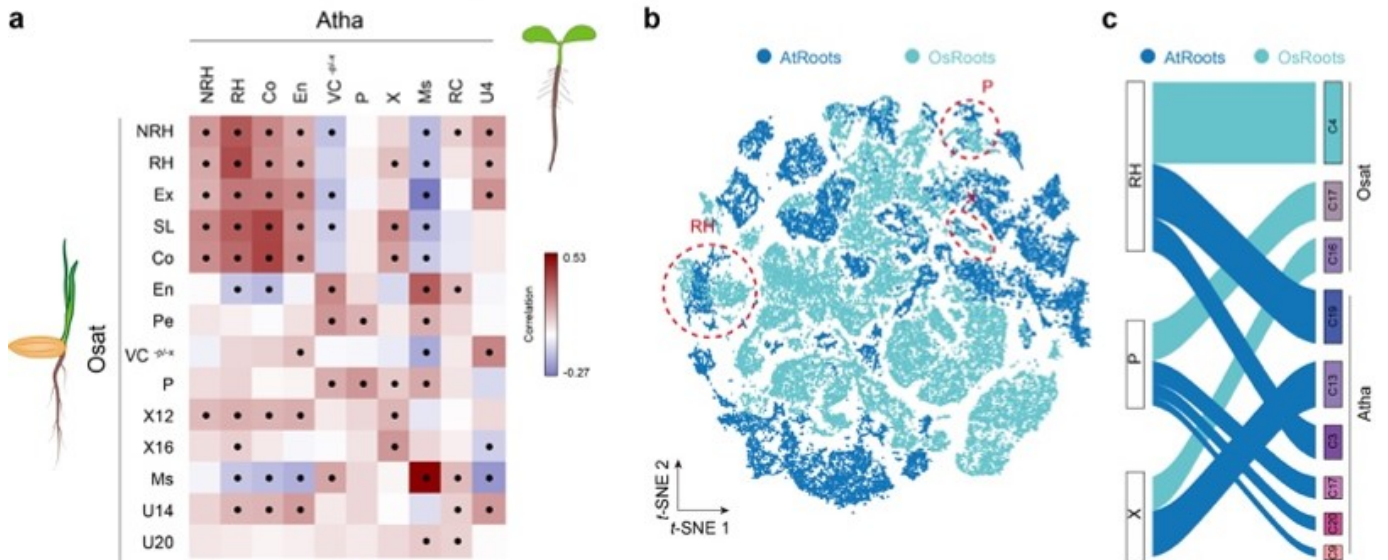
B. Differentiation trajectories



C. Transcriptional regulatory basis for cell differentiation



D. Comparison of rice and Arabidopsis root cell types



张天奇等人通过高通量单细胞转录组测序技术描绘了水稻根尖的单细胞图谱 (rice root cell landscape)。通过聚类分析, 将27469个单细胞注释为21个不同细胞类群 (cluster), 分别对应水稻根表皮、外皮层、厚壁组织、皮层、内皮层、中柱鞘、分生组织、维管等组织。进一步通过重排过渡态细胞和拟时间分析, 描绘了表皮分生组织细胞通过分裂和分化形成成毛体细胞 (trichoblasts) 或非成毛体细胞 (atrichoblasts) 的发育过程, 阐明了基本分生组织祖细胞 (ground tissue initial) 分化形成皮层、厚壁组织和外皮层的分化轨迹 (differentiation

trajectory) 。scRNA-seq和ATAC-seq整合分析显示一些重要调控因子的染色质开放状态与其基因表达模式呈现时空关联性。跨物种单细胞转录组比较分析发现单、双子叶植物根细胞类型在进化上保守性较低, 仅在根毛、木质部、韧皮部等细胞类型中存在较高相似性。

Copyright © 2002-2021

中国科学院分子植物科学卓越创新中心 版权所有

地址: 中国上海枫林路300号 (200032)

电话: 86-21-54924000

传真: 86-21-54924015

Email: webmaster@cemps.ac.cn

沪ICP备2021005413号-1 (<https://beian.miit.gov.cn>)

(<http://www.cas.cn>)

(<https://www.jic.ac.uk>)

(<http://www.shb.cas.cn>)

(<http://www.cepams.org>)