

联合单细胞时空组测序技术探究毛竹快速生长时期的细胞分类及功能

孙镭, 赵韩生*

(国际竹藤中心 北京 100102)

摘要:【目的】探究毛竹快速生长时期中不同细胞类型的基因表达动态变化,并以此构建出调控节间伸长生长的关键基因调控网络。【方法】首先利用三代测序技术重新对毛竹基因组进行了组装与注释。然后选取 3m 高毛竹笋的第 39、25、15 节的底部区域,结合单细胞核转录组测序(snRAN-seq)和单细胞空间增强分辨率组学测序(scStereo-seq)技术对这些组织中的细胞进行转录组测序。测序数据经过质控过滤、主成分分析、降维聚类步骤后,进一步的下游分析包括寻找差异基因、GO/KEGG 富集分析、拟时序分析、构建基因共表达网络等。【结果】1) 单细胞聚类得到了 13 种细胞类群,3 个节位的数据差异动态反映了不同阶段节间细胞类型的生理变化过程,进而构建出了毛竹笋快速生长时期不同阶段的单核细胞转录组图谱。2) 从 node25 节间获得了一张高质量高精度的空间转录组图谱,共得到了 7 种不同的数据类型,并且结果呈现出了良好的组织特异性,能够准确地代表毛竹茎的不同组织。3) 随后结合解剖学分类与时空组学数据,以及已被深入研究过的特征基因确定出了 13 个细胞类群的身份信息,并且找到了毛竹 Cortex、Epidermis、Phloem、Xylem、Companion cell 等细胞类型的关键 Marker 基因,揭示了每种细胞发育过程中的基因表达变化情况。4) 随着节间的成熟,分生组织细胞的比例显著减少,而纤维细胞、基本薄壁细胞及髓细胞均在 node15 部位显著高表达了细胞壁松弛基因 *EXPA*。拟时序分析揭示了细胞类群间的分化关系,并得到了与快速生长紧密相关的重要基因集。【结论】这些结果为毛竹的单细胞组学研究提供了理论和数据支持,揭示了毛竹节间成熟过程中细胞种类数量的动态变化。利用时空组学技术,我们得到了毛竹茎的空间转录组图谱,为识别细胞身份提供了重要的 markers,以全新的视角揭示了每种组织独特的基因表达特征。两种数据的联合分析准确定位出了每种细胞的解剖学身份,深入揭示了毛竹节间生长过程不同类型细胞的异质性,也为研究茎的生理结构与分子机制提供了大量的数据支持,为培育优良竹种提供理论支撑。

基金项目:“十四五”国家重点研发计划(青年科学家项目):毛竹纤维细胞壁加厚的遗传及表观遗传调控机制研究(2021YFD2201000)

*作者 2 为通讯作者。