

绘制植物发育的时空图谱

基于单细胞与时空转录组的生长模式解密

CONTENTS

目录

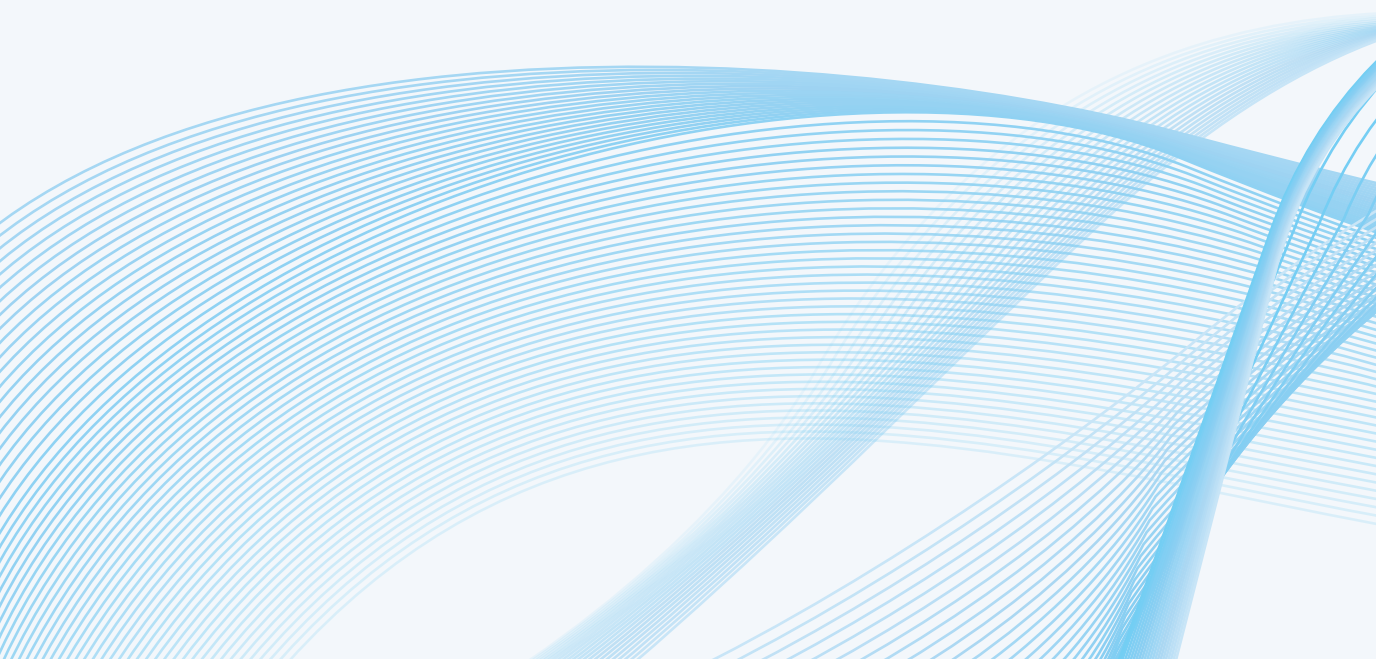
01	●	前言	01
		文献一 果实衰老研究	02
		文献二 葫芦科下位子房和花性发育	04
		文献三 树木初级和次生长中形成层发育	06
		文献四 小麦穗早期发育	08
		文献五 竹笋器官发育	10
02	●	相关产品矩阵	12
03	●	全流程服务方案	13

前言 / FOREWORD

植物发育是指植物从受精卵分裂开始，经历种子萌发、营养生长、生殖生长直至衰老死亡的完整生命周期过程，其核心机制包括细胞分裂与分化、分生组织活性维持以及形态建成的精准调控。研究植物发育不仅能深化对生命基本规律的理解，更为作物遗传改良、生物技术创新和农业可持续发展提供理论支撑。

近年来，单细胞 RNA 测序和空间转录组技术的突破性发展，极大地推动了植物发育生物学的发展。这些技术能够以高分辨率解析植物组织的细胞异质性、基因表达动态和空间调控网络。通过“细胞身份解码 + 空间坐标锚定”双视角揭示植物生命的时空动态，成为植物研究的刚需。这不仅是一次技术工具革新，更是打开植物生命“黑箱”的关键钥匙。

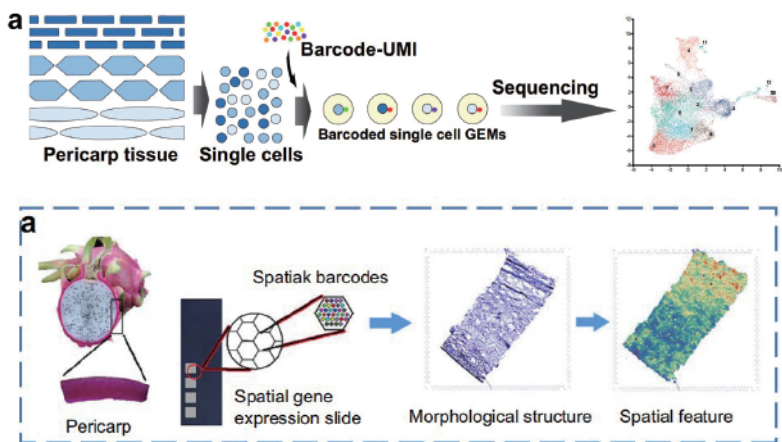
本手册筛选关于不同植物、不同组织和不同发育阶段文献进行展示，对文献中样本准备、技术方法、方案设计和研究亮点进行了简要的阐述，旨在为相关领域科研人员提供一些研究思路方面的参考。



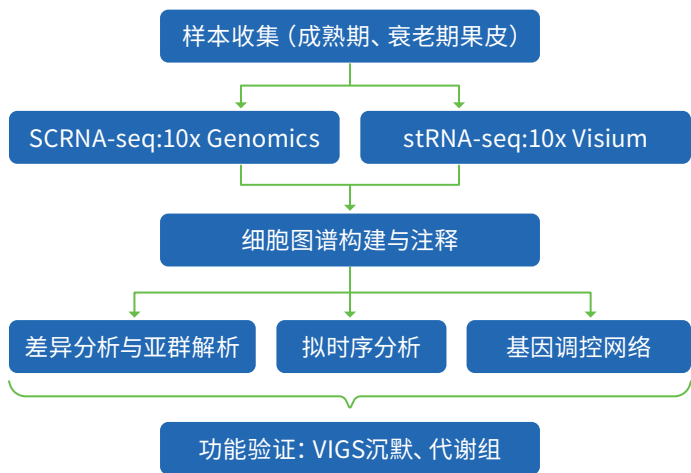
文献一

果实衰老研究

- 文章题目** Single-cell and spatial RNA sequencing reveal the spatiotemporal trajectories of fruit senescence
- 发表期刊** Nature Communications (IF: 15.7)
- 发表时间** 2024年04月
- 研究对象** 成熟期和衰老期的火龙果果皮
- 核心技术** 单细胞转录组测序 (scRNA-seq)、空间转录组、代谢组等
- DOI** 10.1038/s41467-024-47329-x



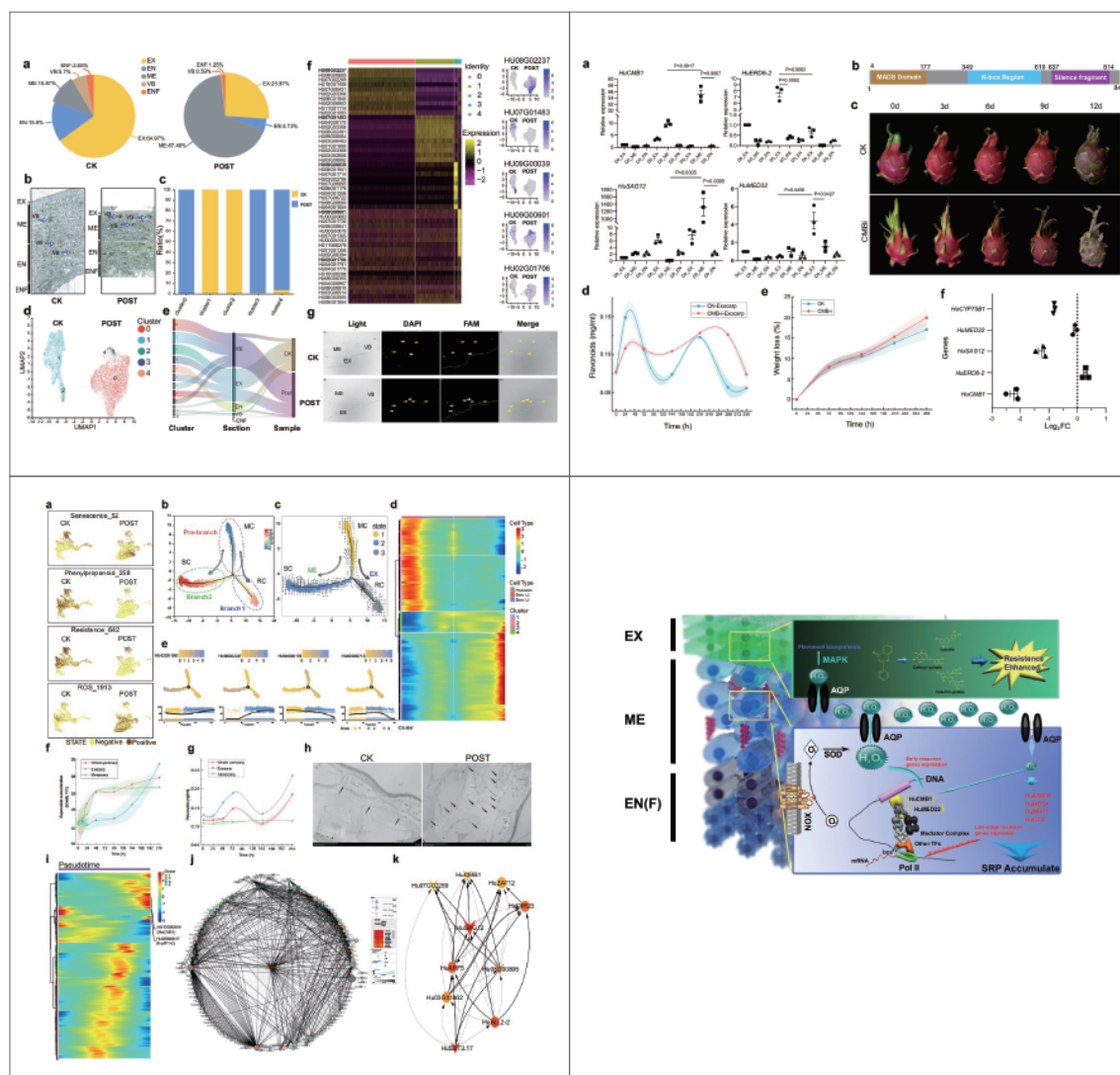
► 技术路线/研究思路



► 文章亮点

本研究构建了火龙果果皮 (Hylocereus undatus) 的单细胞表达图谱, 揭示了外果皮和中果皮细胞在果实衰老过程中发生最显著的变化。

- ① 首次在果实衰老研究中同时应用 scRNA-seq 和空间转录组技术
- ② 提出了“氧化应激-抗性响应-衰老执行”的时空模型
- ③ 提出果实衰老的早期预警标志
- ④ 揭示细胞类型特异性衰老机制



文献二 葫芦科下位子房和花性发育

文章题目

Developmental innovation of inferior ovaries and flower sex orchestrated by KNOX1 in cucurbits

发表期刊

Nature Plants (IF: 13.6)

发表时间

2025年4月

研究对象

黄瓜、番茄

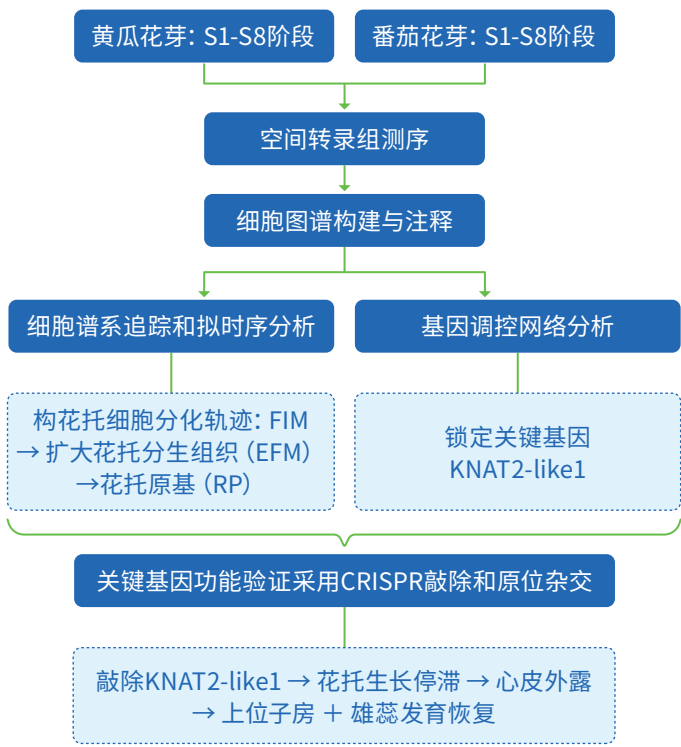
核心技术

空间转录组、细胞谱系追踪等

DOI

10.1038/s41477-025-01950-w

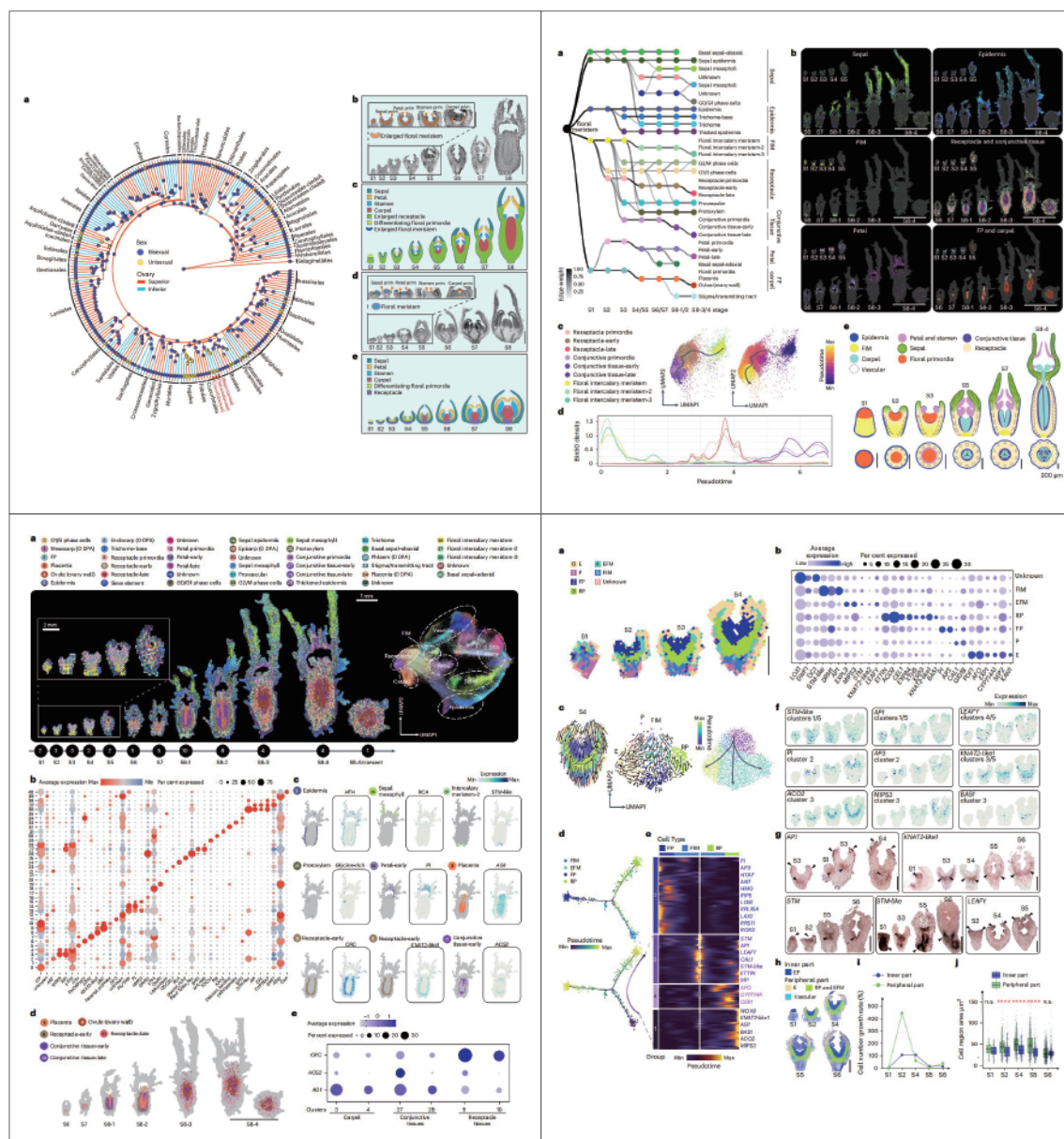
► 技术路线/研究思路



► 文章亮点







通过研究黄瓜和番茄的花芽发育中的空间转录组图谱和细胞谱系, 提供了葫芦科植物下子房形成和性别决定的发育和机制见解。

- ① 首次构建黄瓜花器官的高分辨率空间转录组图谱;
- ② 发现花托分生组织 (FIM) 的持续活性是下位子房形成的关键;
- ③ 鉴定 KNOX1 转录因子 KNAT2-like1 的核心调控作用。

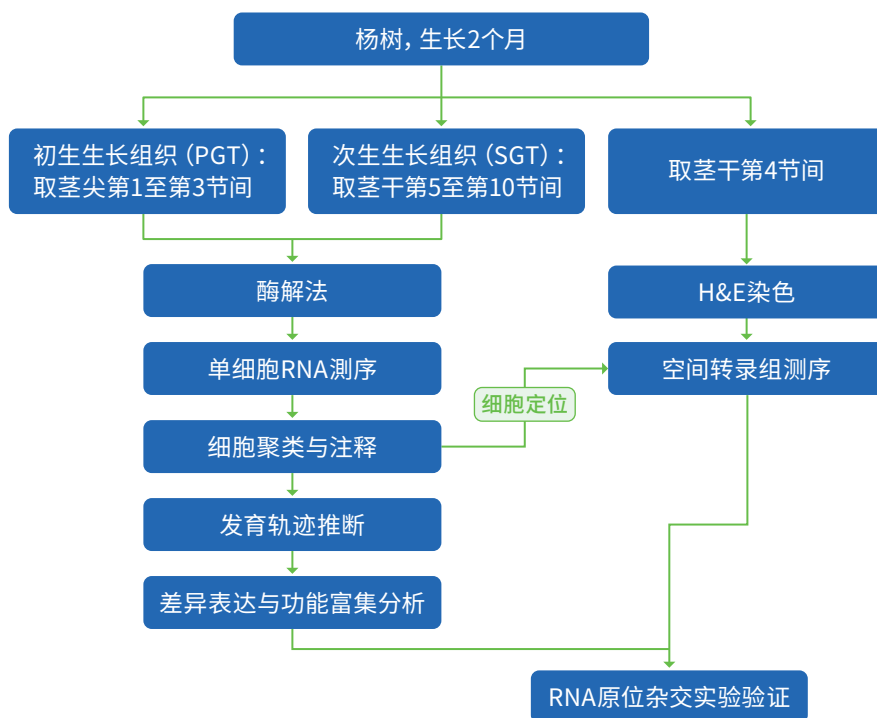


文献三

树木初级和次生长中形成层发育

-  **文章题目** Combining single-cell RNA sequencing with spatial transcriptome analysis reveals dynamic molecular maps of cambium differentiation in the primary and secondary growth of trees
-  **发表期刊** Plant Communications (IF: 11.6)
-  **发表时间** 2023年7月
-  **研究对象** 2月龄杨树茎的第1至第10节间
-  **核心技术** 空间转录组、单细胞RNA测序
-  **DOI** 10.1016/j.xplc.2023.100665

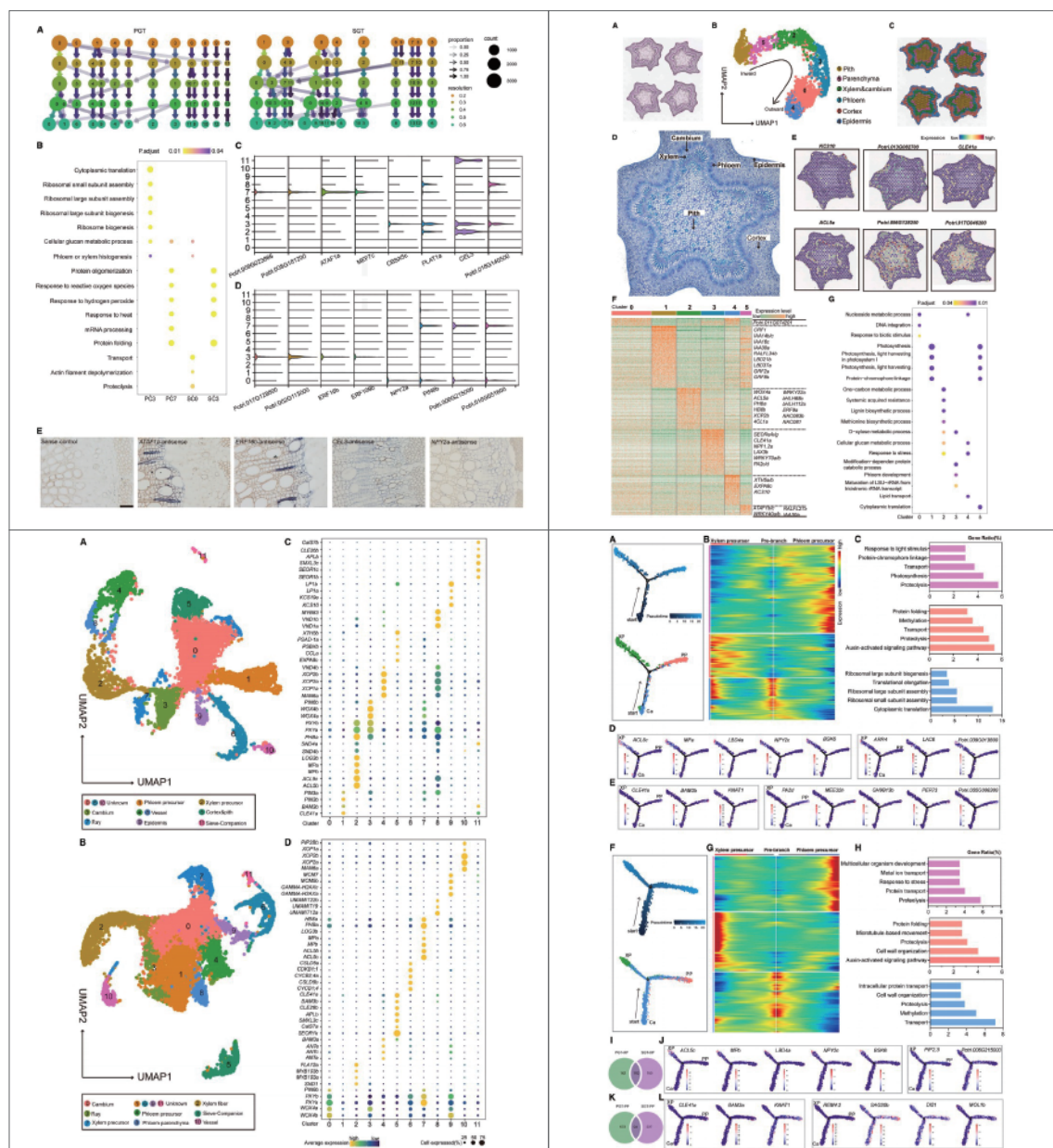
► 技术路线/研究思路



► 文章亮点







通过使用单细胞 RNA 测序和空间转录组测序来揭示杨树茎中初级和次级生长组织的转录景观。这项研究为树干初级和次级生长过程中发生的细胞身份和分化过程提供了新的见解，增加了对树干生长过程中发生的细胞分化动力学的理解。

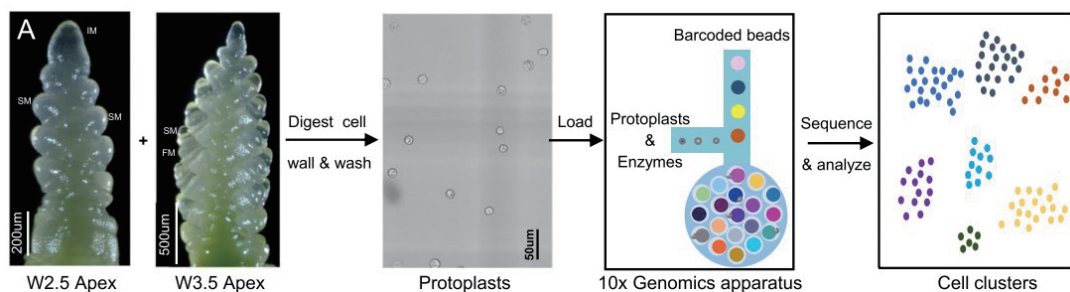
- ① 首次在本木植物中同时应用 scRNA-seq 和空间转录组 (Stereo-seq) 技术；
- ② 提供了杨树茎发育中最全面的单细胞转录组图谱；
- ③ 揭示了树木发育的保守和特异机制。



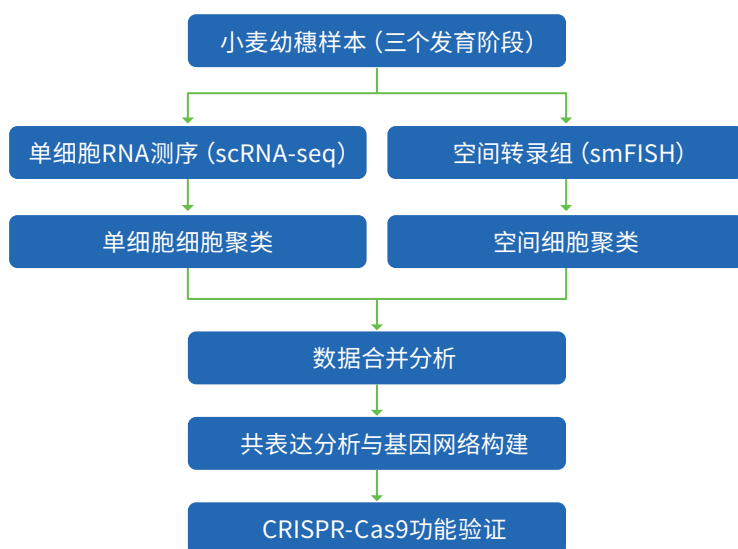
文献四

小麦穗早期发育

-  **文章题目** Spatial and single-cell expression analyses reveal complex expression domains in early wheat spike development
-  **发表期刊** Genome Biology (IF: 9.4)
-  **发表时间** 2025年10月
-  **研究对象** 三个早期发育阶段 (W1.5, W2.5, W3.5) 的小麦穗组织
-  **核心技术** 空间转录组和单细胞 RNA 测序
-  **DOI** 10.1186/s13059-025-03811-3









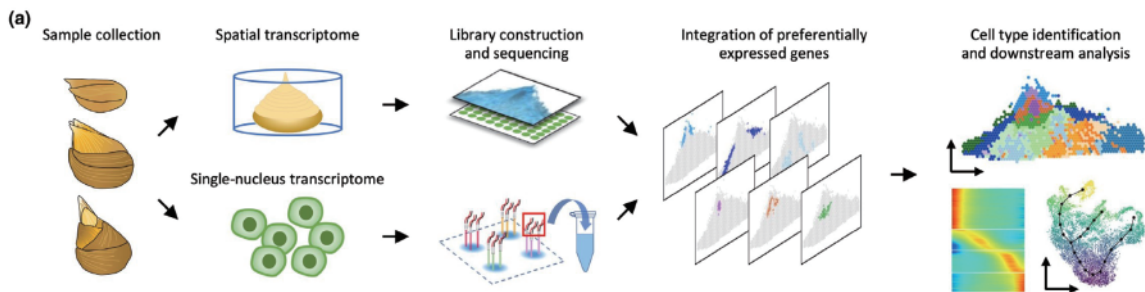
► 技术路线/研究思路



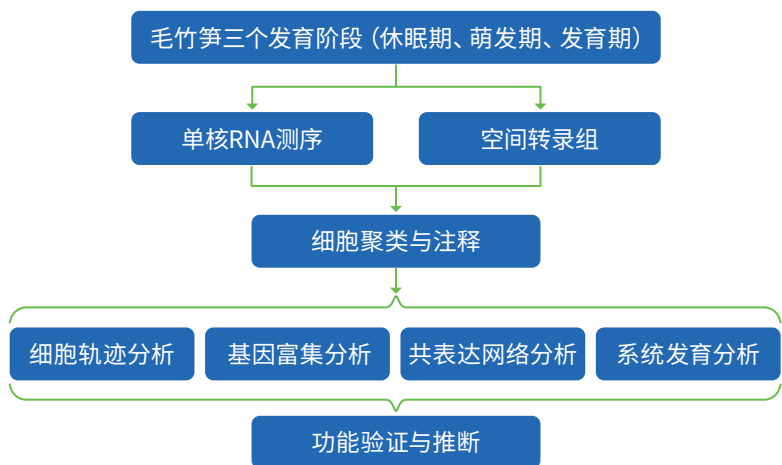
文献五

竹笋器官发育

-  **文章题目** Spatiotemporal transcriptome atlas reveals gene regulatory patterns during the organogenesis of the rapid growing bamboo shoots
-  **发表期刊** New Phytologist (IF: 8.1)
-  **发表时间** 2024年8月
-  **研究对象** 毛竹笋三个早期发育阶段
-  **核心技术** 空间转录组测序、单核转录组测序 (snRNA-seq)
-  **DOI** 10.1111/nph.20059



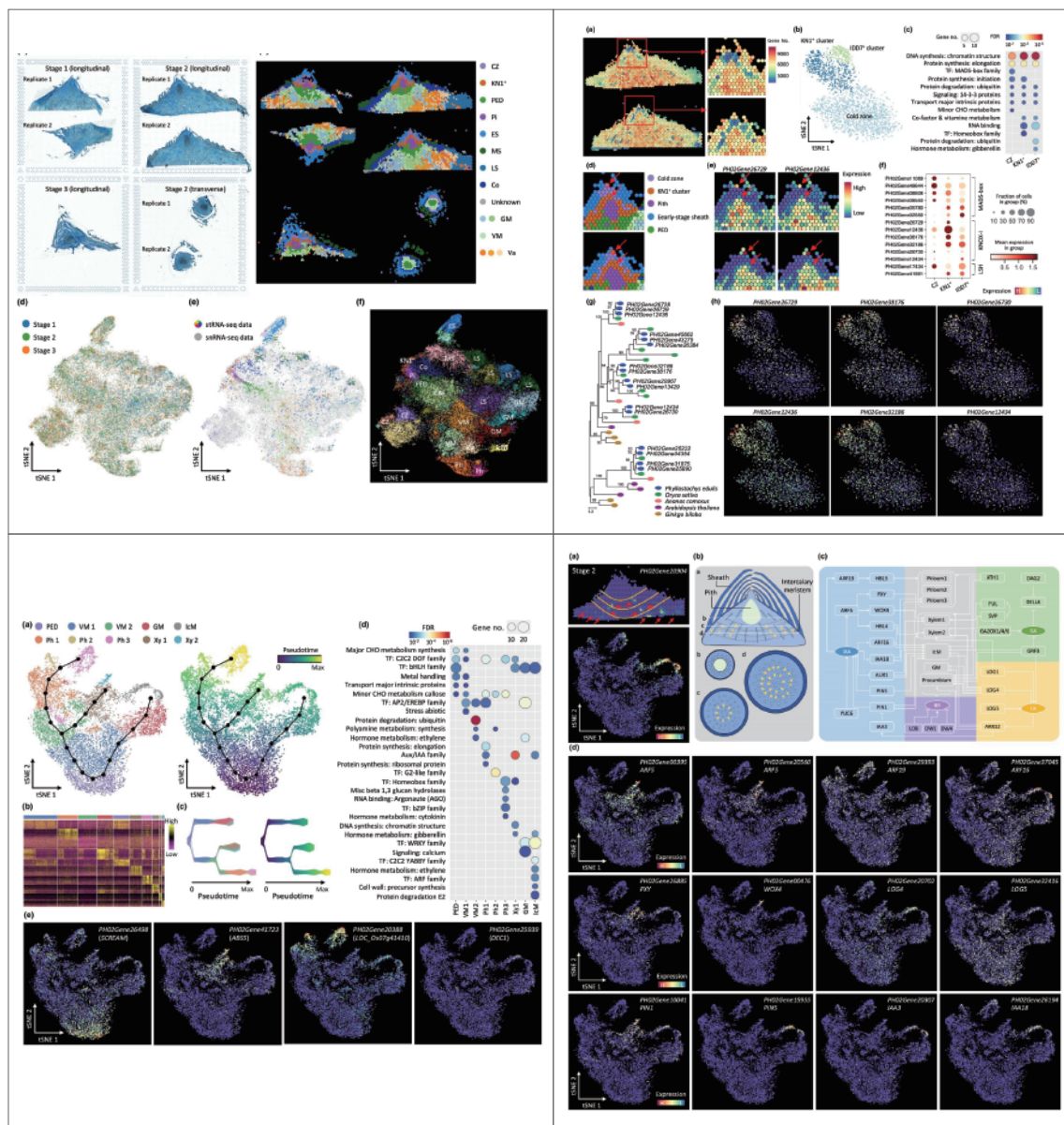
► 技术路线/研究思路



文章亮点

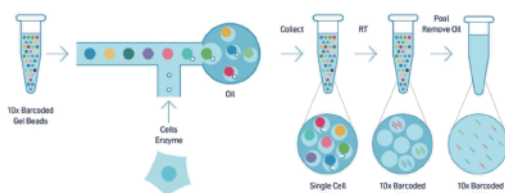
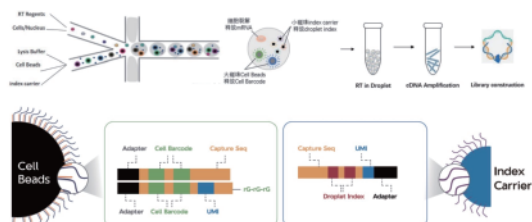
单子叶植物可能存在独特的调控分生组织维持和分化的调控机制。然而,这种机制在禾本科植物中是否普遍保守尚不清楚。通过对毛竹第三个早期发育阶段的4个组织切片和约3.9万个单细胞核进行空间转录组和单核转录组的整合分析,成功地构建了高分辨率的时空基因表达图谱。

- ① 成功构建了毛竹笋早期发育的高分辨率时空转录组图谱;
- ② 提出了IcM细胞起源的新模型, 并精确描绘了其空间分布特征;
- ③ 通过轨迹分析揭示了竹笋器官发生的连续动态调控程序。



相关产品矩阵

► 单细胞转录组测序



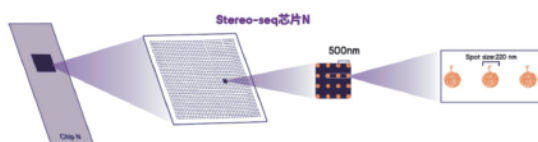
DNBelab C4

DNBelab C4 技术是基于负压的液滴微流控系统，通过引入自主专利的液滴标签技术 (Disc-seq: Droplet-indexed high throughput single-cell sequencing)，将带有标签的捕获磁珠与单个细胞或者细胞核包裹在液滴中，采用 Droplet index 的技术实现磁珠的超泊松分布，在液滴中完成细胞裂解和捕获 mRNA 或 DNA 分子及用于识别来自同一液滴磁珠的标签序列，对 cDNA 和 Droplet index 进行文库构建和测序，即可一次性获得大量细胞的基因表达或染色质开放区基因信息。

10x Chromium

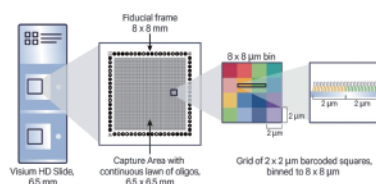
利用微珠加 barcode 标签、微流控、油滴包裹、酶反应和高通量测序等技术一次可以最多捕获 8 万个细胞，从而获得每个细胞的 3' 端的转录组信息。该技术的细胞捕获效率高，为大规模细胞图谱构建、疾病研究以及药物开发等提供了更强大的技术支撑，推动生命科学研究和临床应用的深入发展。

► 空间转录组测序



Stereo-seq

华大Stereo-seq是具有“纳米级分辨率、厘米级全景视场”的原位捕获空间全转录组测序技术，可以实现对同一样本在组织、细胞、亚细胞、分子“四尺度”同时进行空间转录组分析。该技术通过 Stereo-seq 芯片捕获组织中的RNA，并通过空间条形码 (Coordinate ID, CID) 还原回空间位置，实现组织空间检测。在生长发育、疾病病理、脑科学、植物等多个领域有广泛应用。



10x Visium HD

10x Genomics Visium HD 空间转录组是基于完整的组织切片而进行的基因表达的无偏检测。通过探针杂交的方式获取 RNA 信息，探针释放后，与捕获区域内的寡核苷酸探针杂交，使得不同位点样本被 spatial barcode 标记。可用于人类和小鼠的石蜡包埋样本 (FFPE)、新鲜冷冻样本 (FF) 和固定冷冻组织的空间转录组检测。

相关服务方案

作为一家多组学技术服务公司，智数生物不仅是精准数据的提供者，更是您科研道路上全程陪伴的可靠伙伴。从初期的思路梳理与实验设计，到高标准湿实验执行，再到专业的数据分析，我们致力于为客户提供从方案设计到最终分析结果的全流程服务方案。我们珍视每一份样本和每一个设想，助力您将创新灵感转化为切实可行的科学发现，共同拓展生命科学研究的更多可能。



如需植物胁迫相关方向的研究方案设计，可通过智数生物销售经理或扫描公众号二维码联系我们。



展南繁硅谷之“翼”，造中国种业之“芯”

三亚智数生物科技, 用智慧数字育种为国家粮食安全保驾护航

联系方式：

邮箱: info@id-biotech.com

网址: www.id-biotech.com

地址: 海南省三亚市崖州湾科技城招商三亚深海装备产业园A栋9楼



官网



公众号