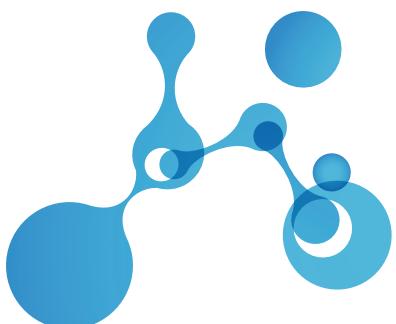


# 破译胁迫信号轨迹

解析胁迫记忆的细胞铭文



# 目录

01	•	前言	01
		文献一 水稻叶细胞对稻瘟病菌感染的立体反应	02
		文献二 渗透胁迫对拟南芥根尖发育的影响	04
		文献三 玉米细胞异质单细胞转录组性分析	06
		文献四 机械应力驱动的木质部发育异质性	08
		文献五 根毛对盐胁迫的特异性反应	10
02	•	相关产品矩阵	12
03	•	全流程服务方案	13

胁迫是指植物在遭遇不利环境因子时所产生的一系列生理生化反应及生长受抑制的状态。根据来源可分为非生物胁迫(如低温、高温、干旱、盐渍等理化因子)和生物胁迫(如病原菌、昆虫等生物因子),两者均会引发细胞脱水、生物膜损伤及代谢紊乱等连锁反应。

以基因组学、转录组学、代谢组学、蛋白质组学、表型组学等为代表的组学技术,能够通过在DNA水平、转录水平、翻译水平、代谢水平及表型水平等层面研究植物,在探索植物生长、发育和应答逆境胁迫的分子机理方面发挥重要作用。

近年来,单细胞转录组、空间转录组、代谢组、蛋白质组等新型组学技术的爆发式发展,正在深刻重塑植物胁迫生物学的研究范式。这些技术从不同维度解析植物应对胁迫的分子机制,共同推动该领域向更高分辨率、更系统化的方向发展,更推动植物生物学进入"多组学时代"。

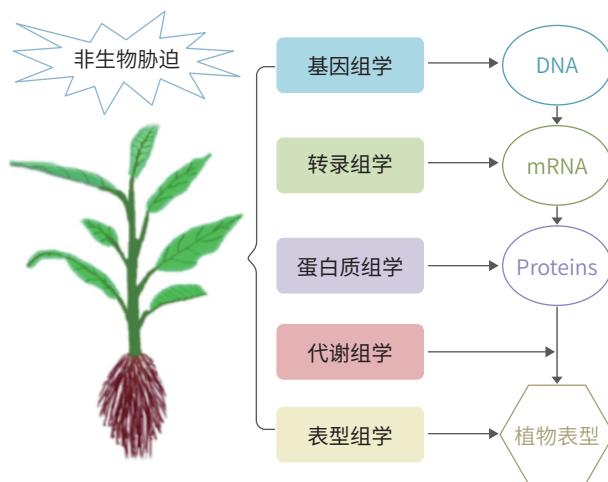


图1 植物应答非生物胁迫的多组学技术

(文献来源: 多组学技术在植物应答非生物胁迫中的研究进展)

## 文献一 水稻叶细胞对稻瘟病菌感染的立体反应

文章题目 Single-Cell and Spatial Transcriptomics Reveals a Stereoscopic Response of Rice Leaf Cells to *Magnaporthe oryzae* Infection

发表期刊 Advanced Science (IF: 14.1)

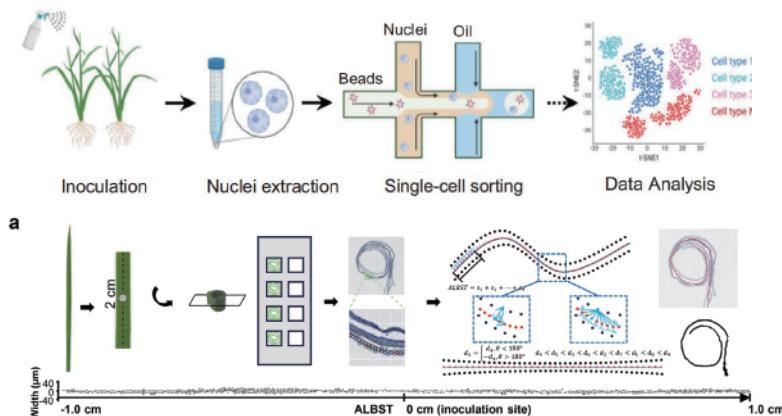
发表时间 2025年3月

研究对象 水稻处理后4个时间点的叶片

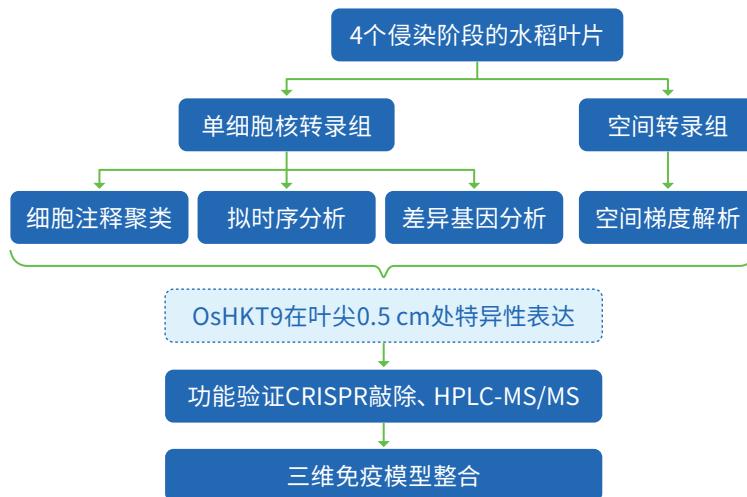
样本处理 处理组：对两周龄的水稻幼苗进行喷雾接种或穿刺接种，使用浓度为 $5 \times 10^5$ 孢子/mL的菌悬液；对照组：使用不含孢子的溶液（含 0.02 % Tween-20）进行同样处理。

核心技术 单细胞核 RNA 测序、空间转录组等

DOI 10.1002/advs.202416846



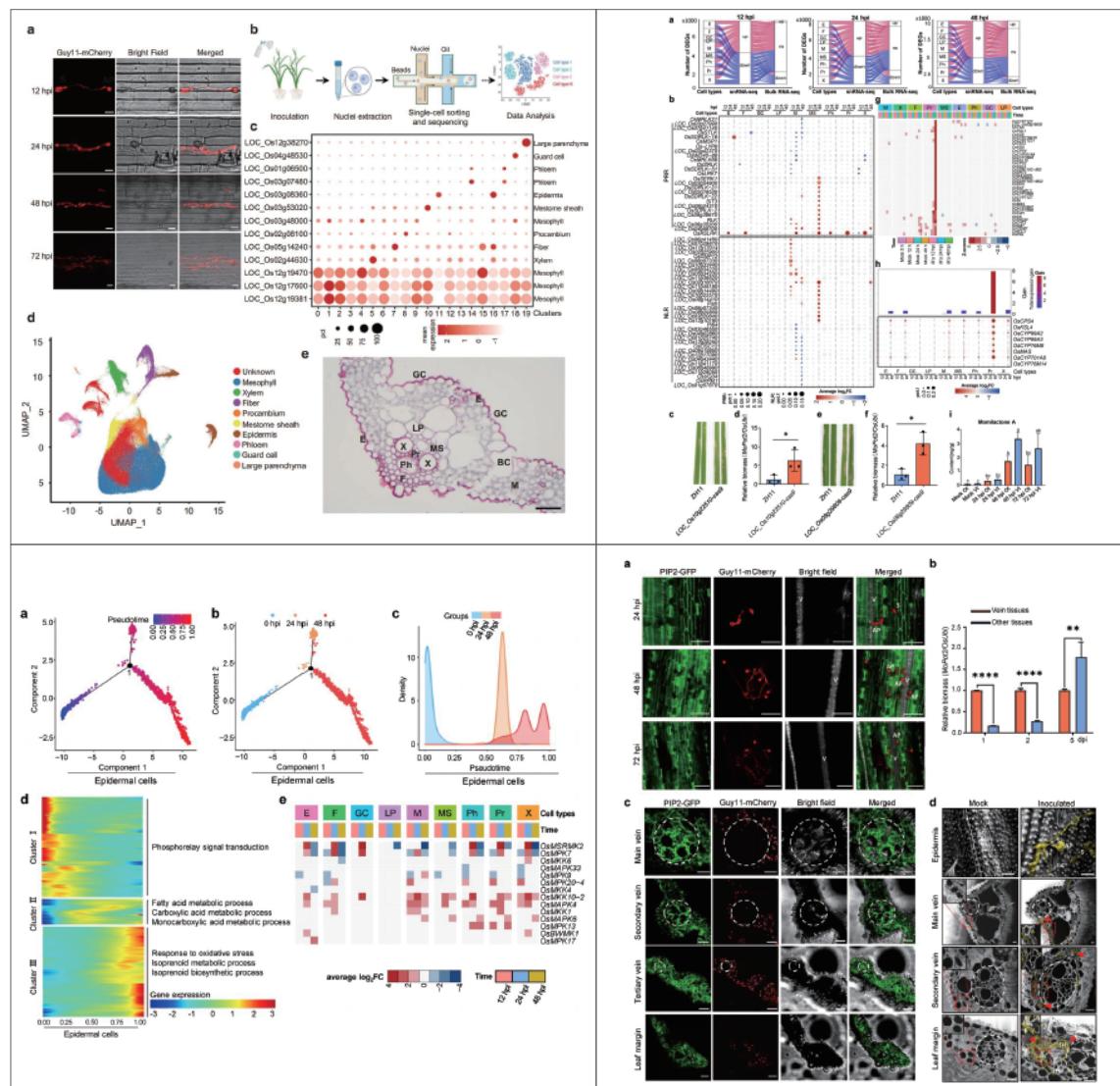
### 技术路线/研究思路



## ► 文章亮点

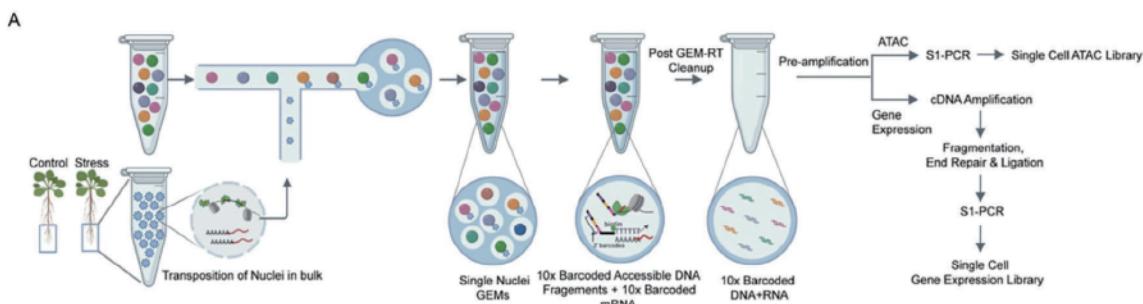
研究旨在从单细胞和空间两个维度，揭示水稻不同细胞类型在抵御真菌入侵过程中表现出的异质性免疫应答，并发现了一种全新的纵向免疫极性现象。

- ① 构建了高分辨率的水稻叶片单细胞转录组图谱
- ② 突变体实验显示OsHKT9敲除导致病斑更长、菌丝扩展更快，证实其在限制病原菌扩展中的关键作用
- ③ 出了一个立体免疫响应模型：在横向维度，维管组织通过高表达免疫受体和合成抗毒素提供局部防御；在纵向维度，叶尖组织的更强免疫力形成梯度防线。

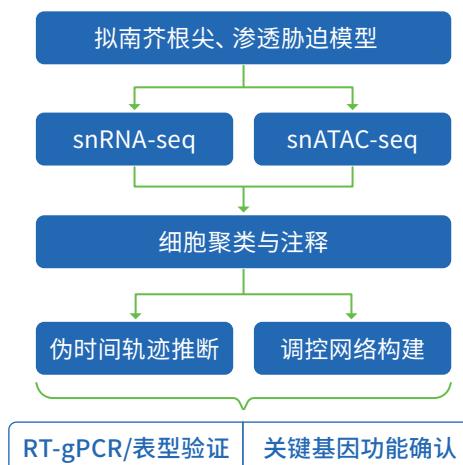


## 文献二 ➤ 渗透胁迫对拟南芥根尖发育的影响

- ▣ **文章题目** Multiome in the Same Cell Reveals the Impact of Osmotic Stress on *Arabidopsis* Root Tip Development at Single-Cell Level
- ▣ **发表期刊** Advanced Science (IF: 14.1)
- ▣ **发表时间** 2024年4月
- ▣ **研究对象** 拟南芥根尖5 mm区域
- ▣ **样本处理** 渗透胁迫组: 1/2 MS + 250 mM山梨醇;  
对照组: 1/2 MS 培养基; 每组 2 个重复。
- ▣ **核心技术** 单细胞核 RNA 测序、单细胞核 ATAC 测序等
- ▣ **DOI** 10.1002/advs.202308384



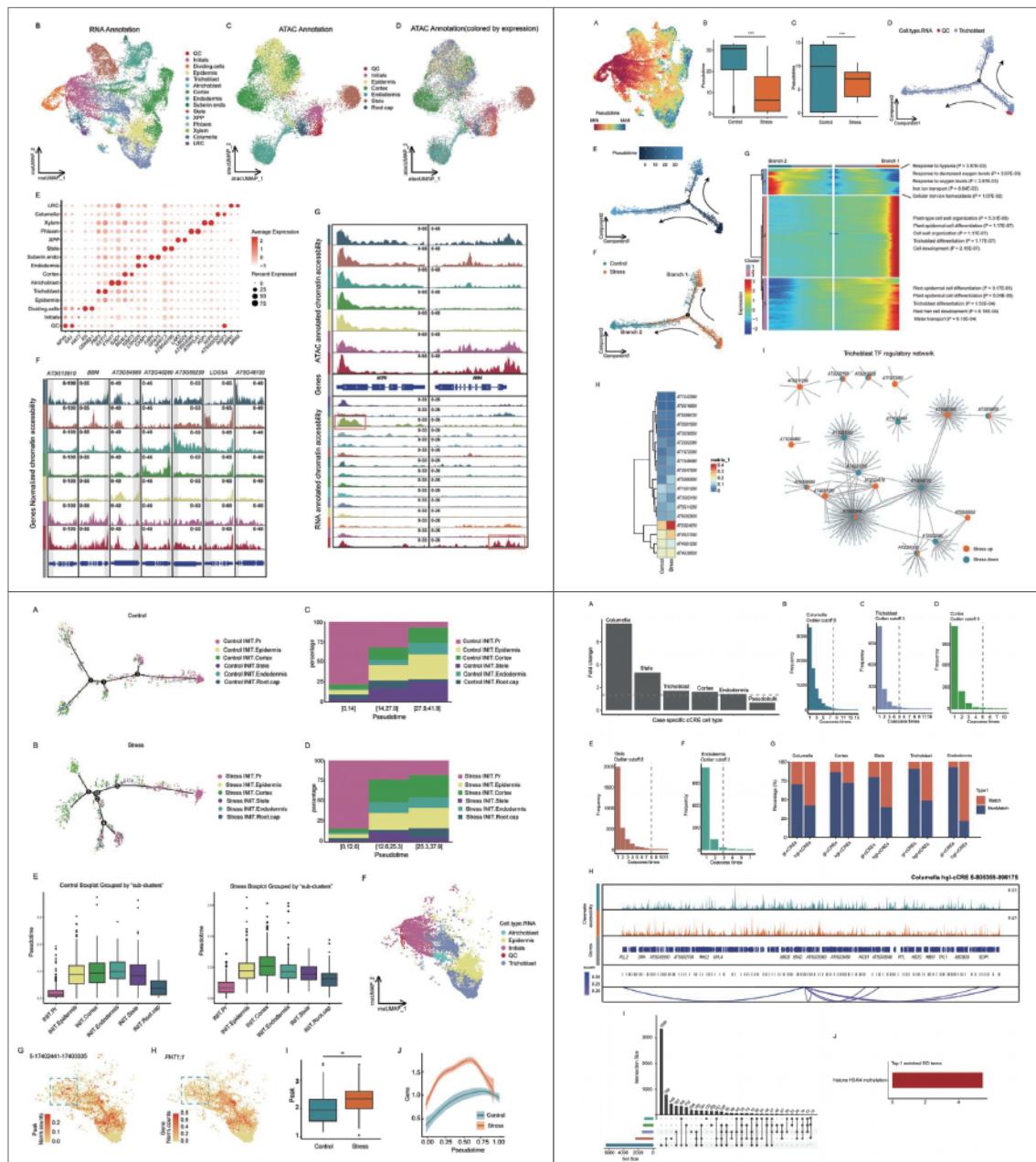
### ► 技术路线/研究思路



## ► 文章亮点

本研究通过同时研究 16,670 个拟南芥根尖核的基因表达和染色质可及性，重建了控制根尖在渗透应激下发育的 TRNs（转录调控网络）。

- ① 首次在植物中实现同一细胞核内 snRNA-seq + snATAC-seq 同步检测，直接关联表观遗传与转录调控；
- ② 发现初始细胞染色质可及性变化先于基因表达；
- ③ 发现毛状体 (Trichoblast) 是渗透胁迫关键响应细胞。



### 文献三 玉米细胞异质单细胞转录组性分析

文章题目 Single-cell transcriptomic profiling of maize cell heterogeneity and systemic immune responses against *Puccinia polysora* Underw

发表期刊 Plant Biotechnology Journal (IF: 10.5)

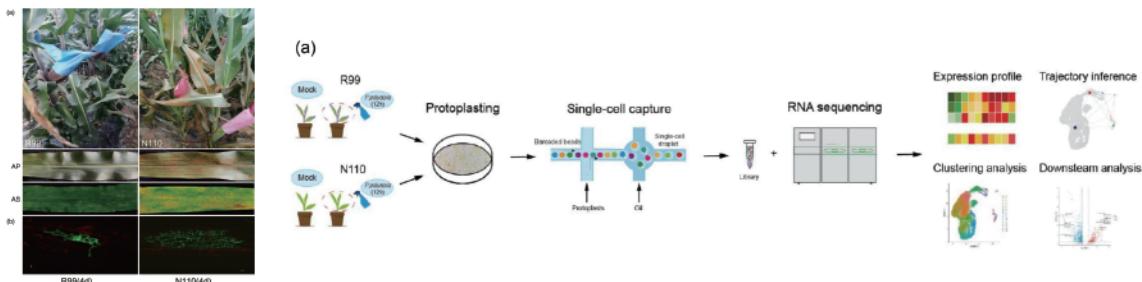
发表时间 2024年11月

研究对象 抗病品种系 R99 vs 感病品种系 N110

样本处理 胁迫组: *Puccinia polysora* 孢子悬浮液接种;  
处理组: 0.02% Tween-20 溶液处理; 每组 2 个重复。

核心技术 单细胞核 RNA 测序

DOI 10.1111/pbi.14519



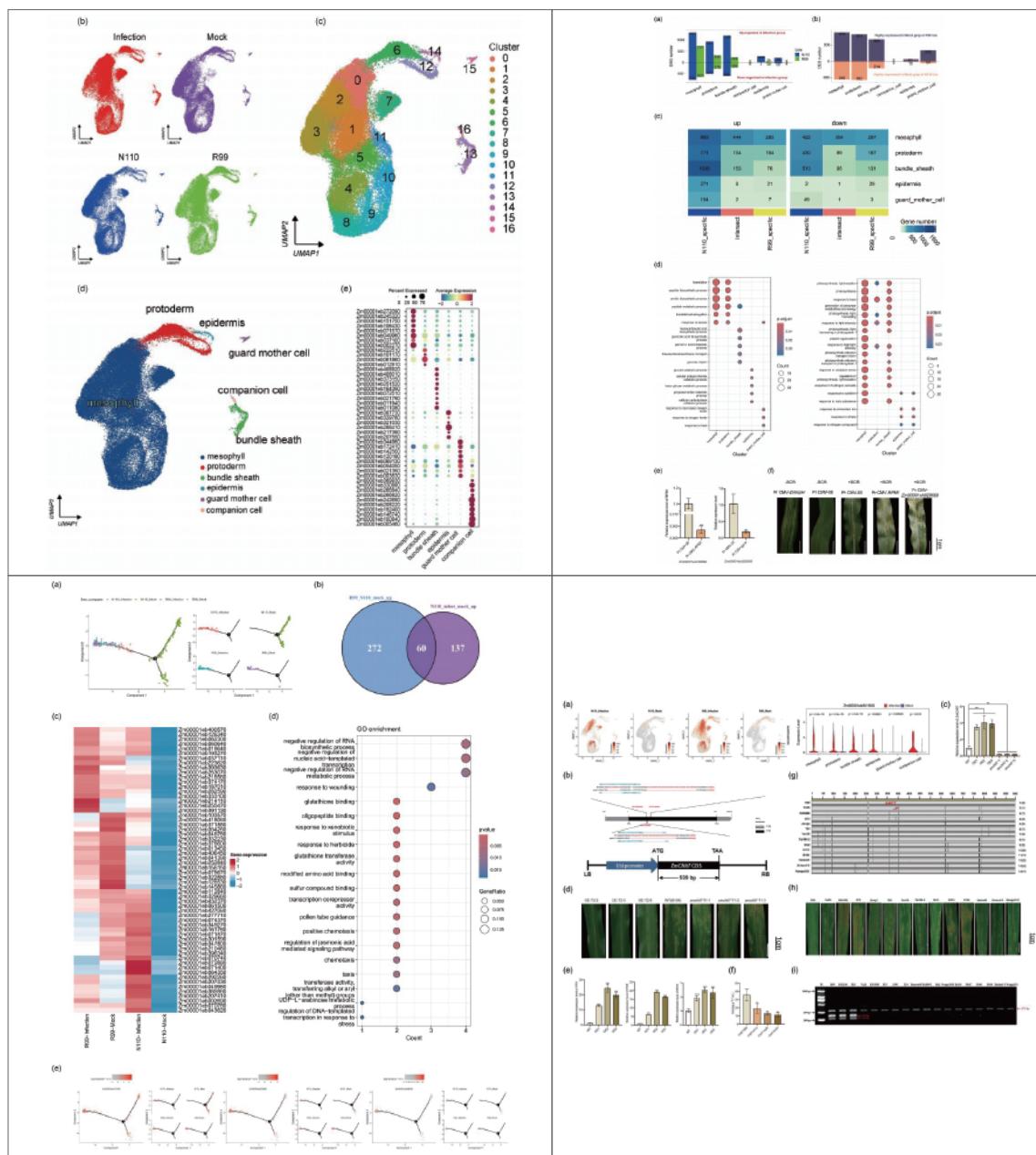
### ▶ 技术路线/研究思路



## ► 文章亮点

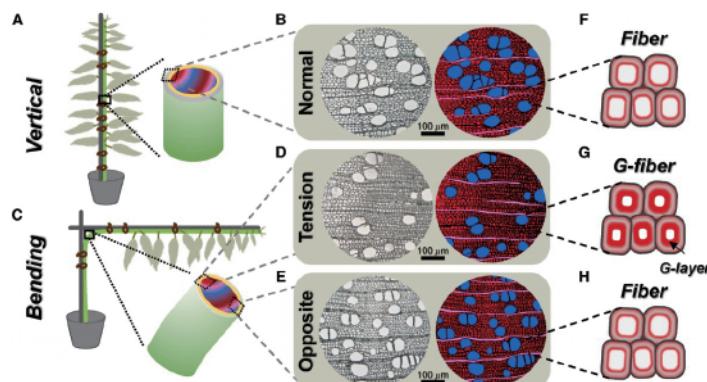
本研究通过单细胞转录组学技术，系统性解析了玉米叶片在南方锈病（由 *Puccinia polysora* 引起）胁迫下的细胞异质性及免疫响应机制。

- 首次构建玉米叶片单细胞转录组图谱，解析细胞异质性；
- 鉴定并验证关键抗病基因 *ZmCHit7* 的功能；
- 揭示细胞类型特异的免疫调控网络。

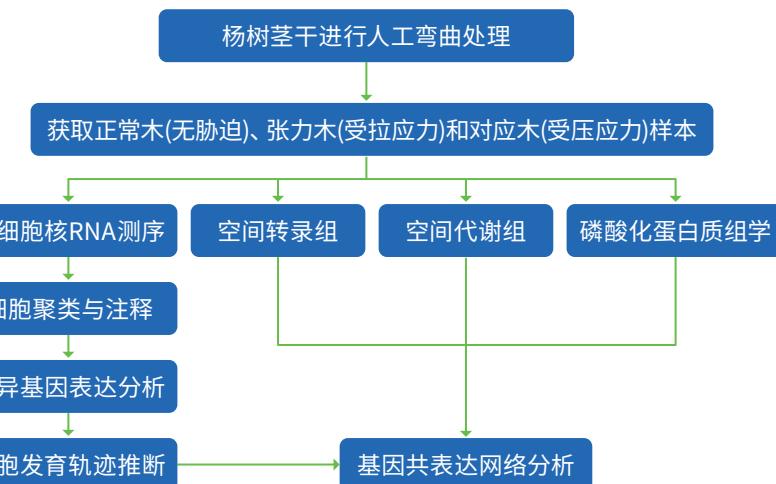


## 文献四 机械应力驱动的木质部发育异质性

- 文章题目 Single-cell and spatial multiomics identifies heterogeneous xylem development driven by mechanical stress in *Populus*
- 发表期刊 Developmental Cell (IF: 8.7)
- 发表时间 2025年7月
- 研究对象 杨树茎干正常木、张力木、对应木
- 样本处理 杨树茎干被人工弯曲至90度并维持 18-21 天, 以诱导张力木和对应木的形成, 4 个重复。
- 核心技术 单细胞转录组、空间转录组、磷酸化蛋白质组和空间代谢组学
- DOI 10.1016/j.devcel.2025.06.038



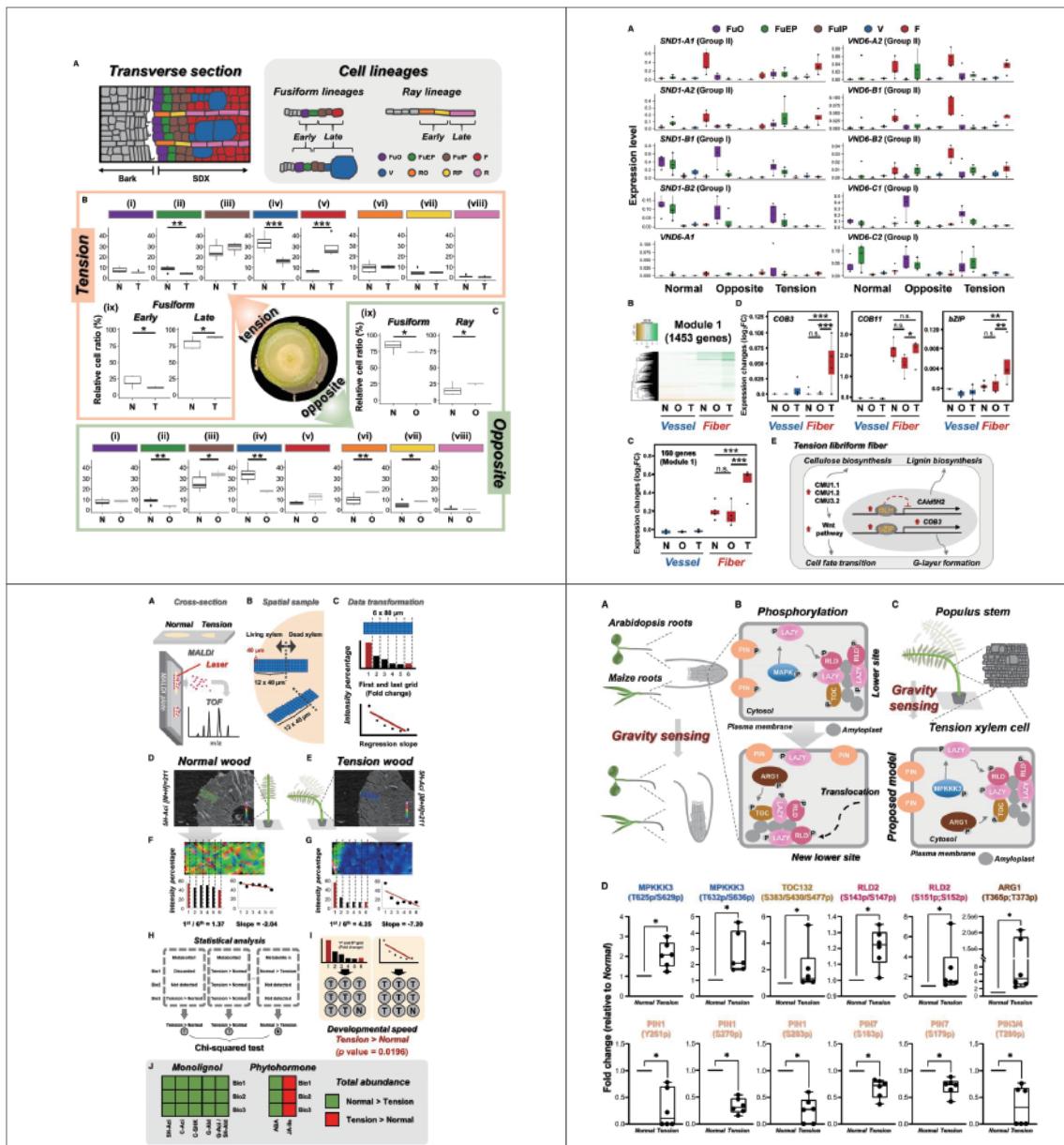
### ▶ 技术路线/研究思路



## ► 文章亮点

这篇杨树机械胁迫研究文章采用了多层次、多组学整合的分析方法，旨在从不同分子层面和空间尺度上全面解析机械应力对木材发育的影响。

- ① 正常木质部和张力木质部中的纤维是同一种细胞类型，但形态不同；
- ② 张力和应力木质部在发育速度和细胞类型比上有所不同；
- ③ 机械应力感知机制在被子植物的茎和根中得以保存；
- ④ 发现一个调控细胞命运的关键基因模块。



## 文献五 ➤ 根毛对盐胁迫的特异性反应

文章题目 Single-cell multiome reveals root hair-specific responses to salt stress

发表期刊 New Phytologist (IF: 8.1)

发表时间 2025年4月

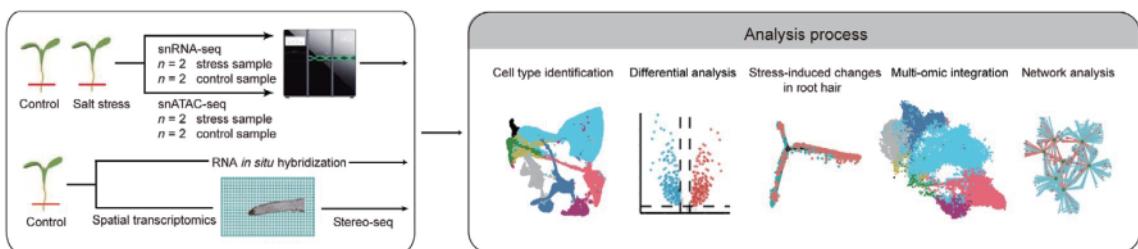
研究对象 不结球白菜 (5mm 根尖)

样本处理 胁迫组: 生长 6 天后, 转移到含有 150 mM NaCl 的 1/2 MS 培养基中处理 12 小时;  
对照组: 在正常的 1/2 MS 培养基中生长 6 天。

核心技术 单细胞核 RNA 测序、单细胞核 ATAC 测序、空间转录组

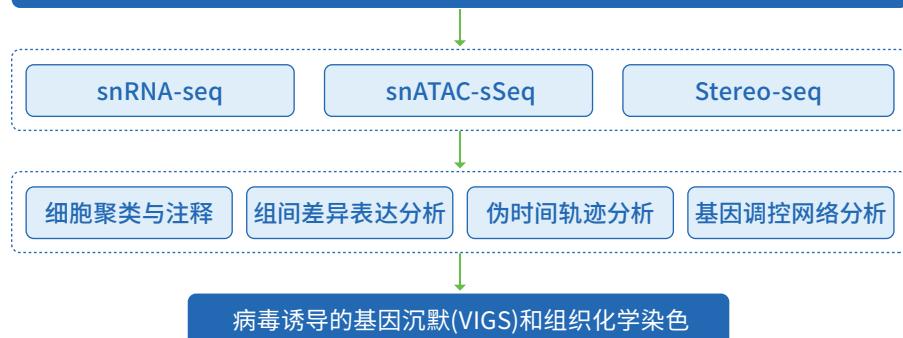
DOI 10.1111/nph.70160

(a)



### ► 技术路线/研究思路

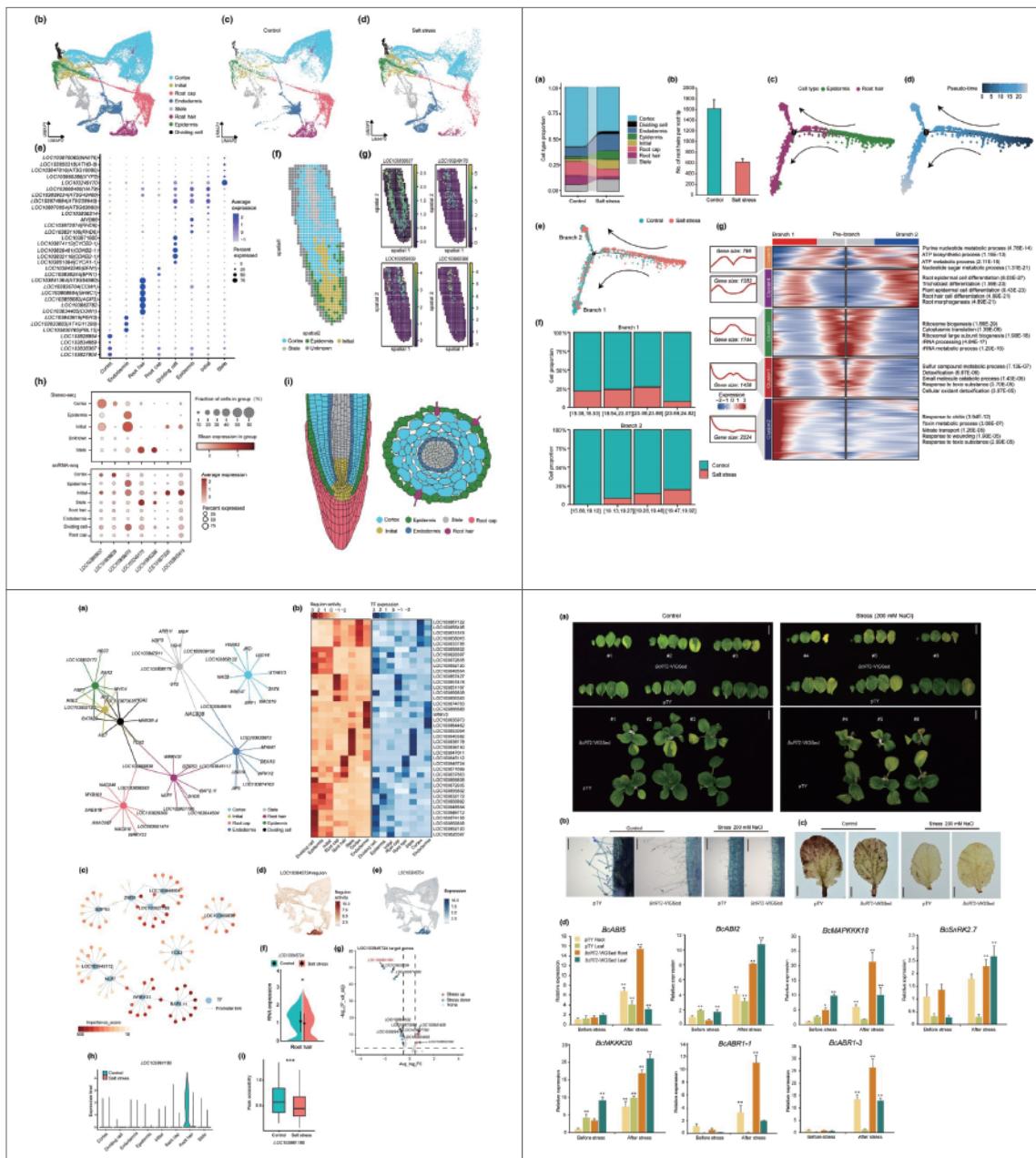
不结球白菜种子生长6天, 后分为对照组和胁迫组(150mMNaCl处理12小时)。  
采集5mm根尖组织用于后续分析。



## ► 文章亮点

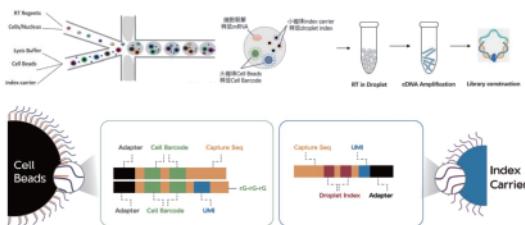
本研究探究植物(不结球白菜, NHCC)的根部如何响应盐胁迫这一全球性的农业非生物胁迫。研究旨在揭示在细胞水平上,盐胁迫如何影响根部的发育和功能。

- ① 构建了首个不结球白菜根尖高分辨率细胞图谱；
  - ② 揭示了盐胁迫对根毛发育的“阻滞”效应；
  - ③ 鉴定出关键基因 *BcIRT2* 并验证其功能。



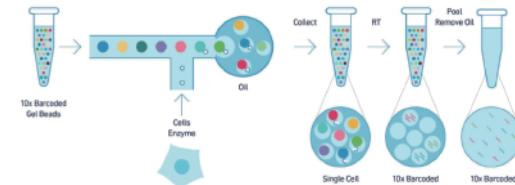
## 相关产品矩阵

### ► 单细胞转录组测序



#### DNBelab C4

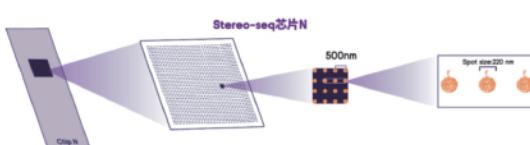
DNBelab C4 技术是基于负压的液滴微流控系统, 通过引入自主专利的液滴标签技术 (Disc-seq : Droplet-indexed high throughput single-cell sequencing), 将带有标签的捕获磁珠与单个细胞或者细胞核包裹在液滴中, 采用 Droplet index 的技术实现磁珠的超泊松分布, 在液滴中完成细胞裂解和捕获 mRNA 或 DNA 分子及用于识别来自同一液滴磁珠的标签序列, 对 cDNA 和 Droplet index 进行文库构建和测序, 即可一次性获得大量细胞的基因表达或染色质开放区基因信息。



#### 10x Chromium

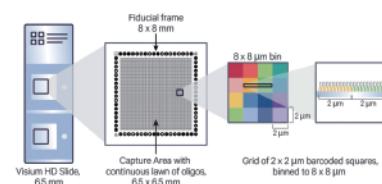
利用微珠加 barcode 标签、微流控、油滴包裹、酶反应和高通量测序等技术一次可以最多捕获 8 万个细胞, 从而获得每个细胞的 3' 端的转录组信息。该技术的细胞捕获效率高, 为大规模细胞图谱构建、疾病研究以及药物开发等提供了更强大的技术支撑, 推动生命科学的研究和临床应用的深入发展。

### ► 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。

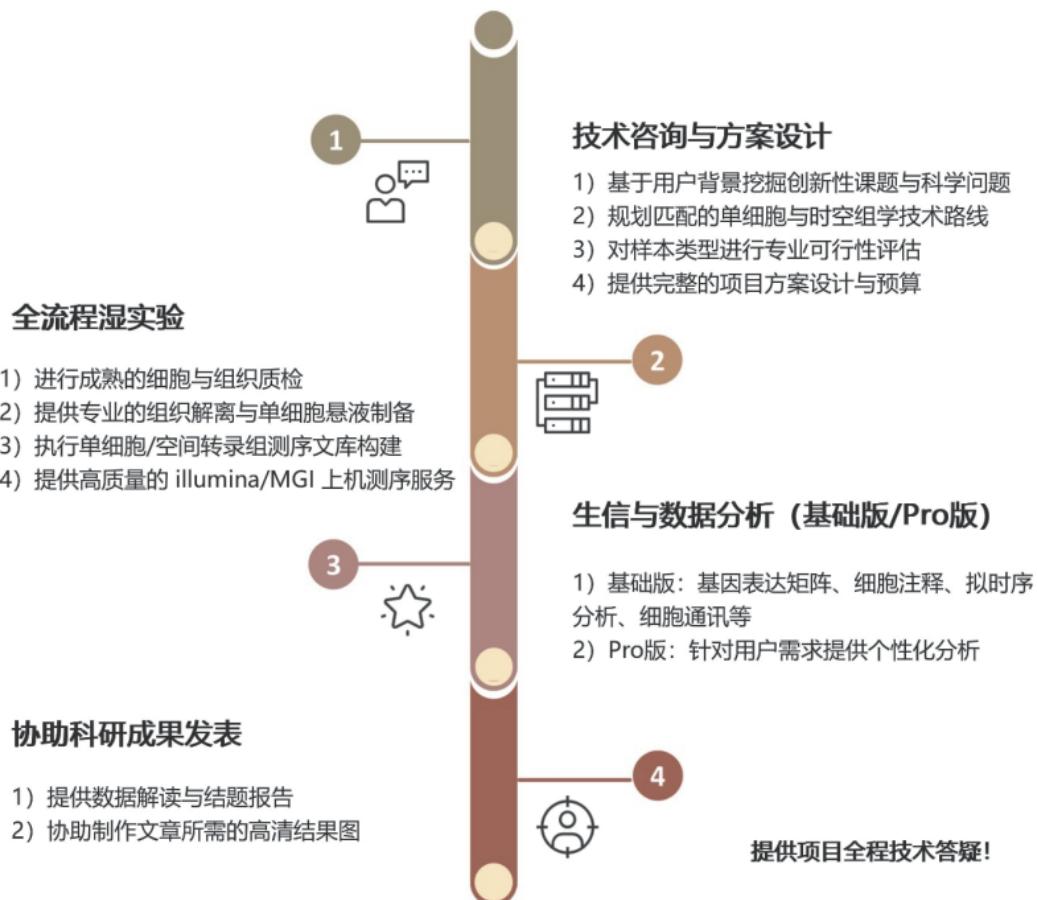


#### 10x Visium HD

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扎实可靠的科学发现，共同拓展生命科学的研究的更多可能。



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