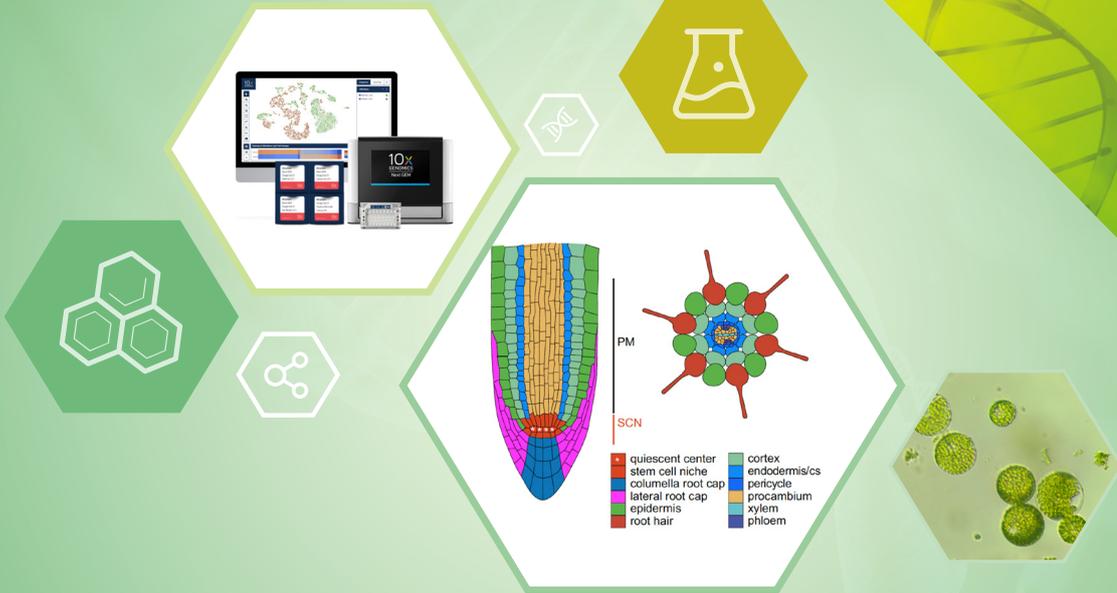


植物单细胞转录组测序



1 技术原理

10x Genomics 单细胞转录组测序技术是一种在单个细胞水平对多个细胞内 mRNA 进行高通量测序分析的技术，为单细胞研究提供更具扩展性的平台。10x Genomics 平台使用油滴包裹的技术原理，可一次性标记 500~10,000 个单细胞，并将标记的单个细胞中微量的 mRNA 进行高效扩增后再进行高通量测序，有效解决了组织样本 bulk 测序无法解决的细胞异质性难题，有助于发现新的细胞类型，在图谱构建、发育分化等研究领域有着广泛的应用。

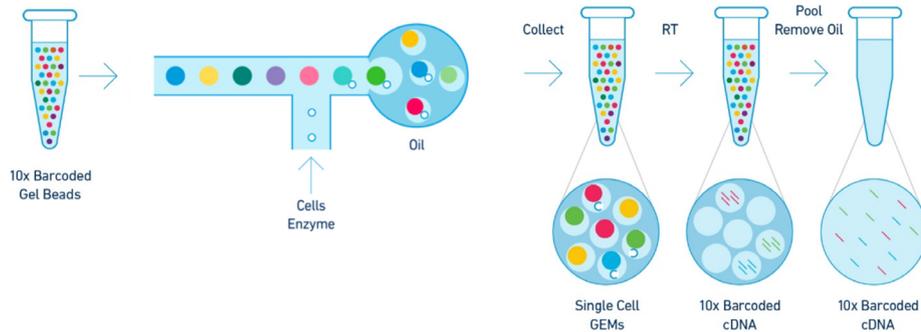


图 1 10x Genomics 单细胞转录组检测技术原理

2 实验流程

10x Genomics 单细胞测序的实验流程如下：

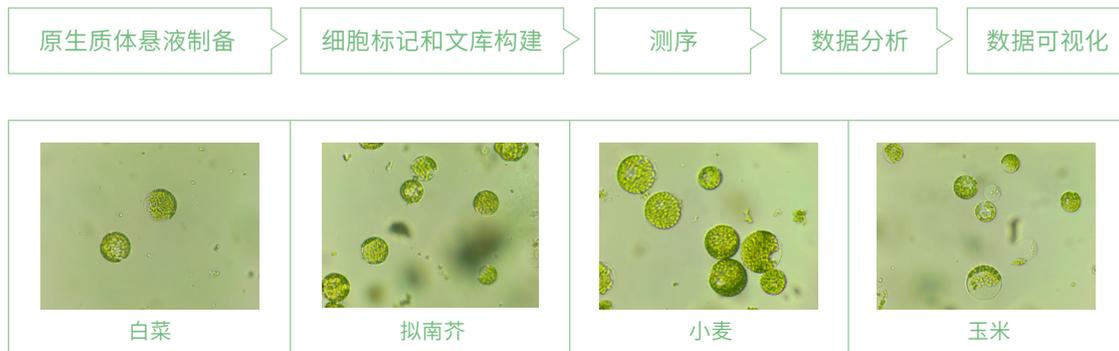


图 2 博奥晶典制备原生质体镜检图

3 适用样品

样品类型	质量要求	保存运输
新鲜单细胞悬液、新鲜组织、培养细胞等	300-600 cell/ μ L, 体积大于 100 μ L, 细胞活性大于 90%, 直径小于 40 μ m	培养基或水培等方式保存, 运输过程保证样品新鲜

4 分析结果展示

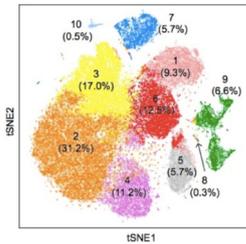


图 3 细胞分群

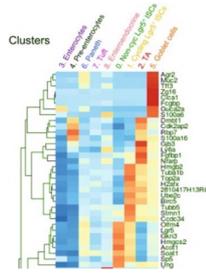


图 4 细胞聚类图



图 5 差异基因蛋白网络互动图

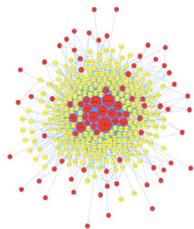


图 6 转录因子注释分析

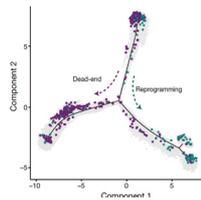


图 7 拟时间序列分析

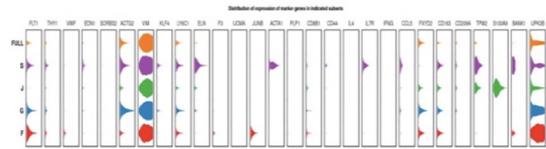


图 8 整合小提琴图

5 平台优势

灵活的细胞选取范围	每个样本可检测细胞数范围为 500-10,000 个
超高的细胞捕获效率	单个样本细胞捕获率高达 65%，高效获取每个细胞中的基因表达信息
高性价比的单细胞测序	真正实现高通量单细胞测序，与低通量或传统人工操作等方法相比，成本降低数十倍
超广的应用范围	对细胞类型无限制，已成功应用于识别细胞周期、鉴定罕见细胞类型、发育与分化等领域
博奥晶典的丰富项目经验	目前已完成拟南芥、白菜等多个物种，100+ 样本类型，2,000+ 样本的单细胞测序，可制备拟南芥、小麦、玉米、苹果等多物种的原生质体

6 应用方向

细胞图谱构建

发育和分化研究

抗逆机制研究

胁迫反应研究

抗病机制研究

信号转导研究

7 应用案例

高通量单细胞测序解析拟南芥根尖的细胞图谱

Single-Cell RNA Sequencing Resolves Molecular Relationships Among Individual Plant Cells

Plant Physiology, 2019,179(4):1444-1456. IF:6.305

样本类型：拟南芥根尖 关键词：单细胞转录组测序、拟南芥图谱、发育轨迹

2019年2月，《Plant Physiology》杂志在线发表了首篇10x Genomics植物单细胞转录组测序文章。该研究对拟南芥根组织原生质体进行了高通量单细胞转录组测序，共获得了7,552个单细胞的转录组数据，包括所有的组织和发育阶段。进一步分析明确了细胞亚群和罕见细胞类型，包括假定的静止中心(QC)细胞。通过分析根表皮细胞的转录组数据，确定了根分生组织分化为根毛细胞和非根毛细胞的发育轨迹。此外对根表皮突变体(*rh6*和*gl2*)细胞进行了单细胞转录组测序，与野生型整合分析后，发现这些突变体并没有完全阻断相应细胞的分化。该研究证明了高通量单细胞测序在植物研究中的可行性和有效性，绘制了第一个拟南芥根部单细胞图谱，为其他物种和组织的单细胞研究奠定了基础。

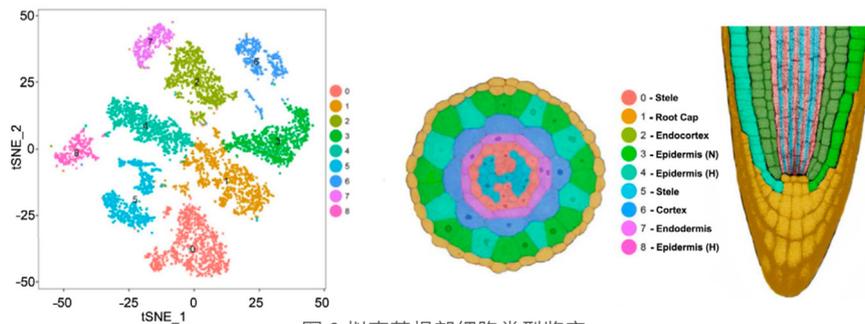


图9 拟南芥根部细胞类型鉴定

单细胞测序绘制拟南芥根尖细胞图谱

A Single-Cell RNA Sequencing Profiles the Developmental Landscape of Arabidopsis Root

Molecular Plant, 2019,12:648-660. IF: 10.812

样本类型：拟南芥根尖 关键词：单细胞转录组测序、拟南芥图谱、分化轨迹

2019年4月，《Molecular Plant》发表了关于拟南芥根尖单细胞图谱的研究。该研究利用10x Genomics单细胞测序平台，对拟南芥根7,695个细胞进行了捕获测序分析，发现拟南芥根中的细胞转录组具有高度异质性，7,695个细胞共鉴定出24个细胞亚群。不同发育阶段的单细胞时空转录组分布证明了它们的层次结构，使根系发育的连续分化轨迹得以重建。此外还发现每个根细胞群都表现出不同的离子吸收和激素响应模式。另外研究人员还建立了一个公共数据库(<http://wanglab.sippe.ac.cn/rootatlas/>)，以便后续研究者使用本研究中生成的数据集。

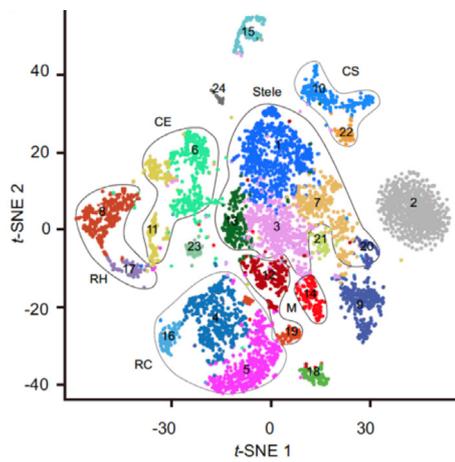


图 10 拟南芥根尖细胞图谱

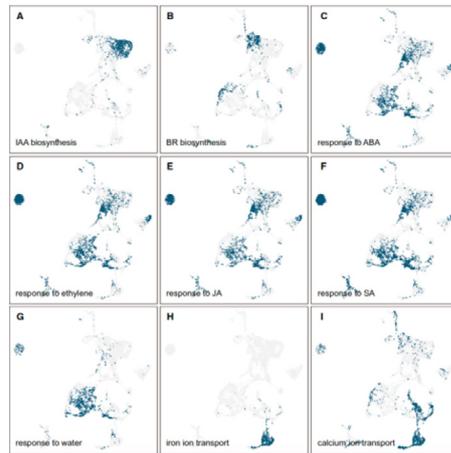


图 11 离子吸收和激素响应模式

单细胞测序解析玉米减数分裂的分子特征
Defining the developmental program leading to meiosis in maize

Science, 2019,364:52-56. IF:41.037

样本类型：玉米胚芽 关键词：单细胞转录组测序、玉米、减数分裂

2019年4月，《Science》发表了关于玉米减数分裂过程的研究。利用单细胞RNA测序技术，重建了玉米减数分裂的发育过程。在减数分裂前，整个转录组的表达呈平缓连续变化，接着在细线期经历了两次转录重组，大约有26.7%的转录本发生了2倍或更多的丰度变化。对细胞周期相关基因的表达分析表明，几乎所有的原生殖细胞都经历了增殖，从干细胞状态产生用于减数分裂的细胞。体细胞分化或减数分裂存在缺陷的突变株在减数分裂早期基因表达出现了延迟，但基因表达水平是正常的；因此，生殖转录编程是细胞自主性的，在减数分裂失败的情况下依然可以继续继续进行。

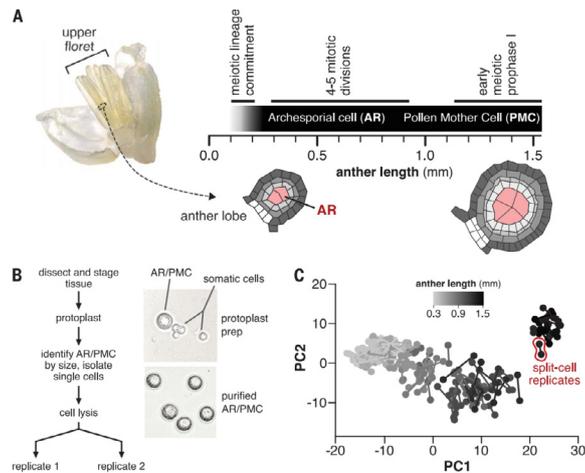


图 12 重建玉米减数分裂过程

表 1 目前已发表植物单细胞文章列表

编号	期刊	影响因子	发表时间	文章题目
1	<i>Plant Physiology</i>	6.305	2019.2	Single-Cell RNA Sequencing Resolves Molecular Relationships among Individual Plant Cells
2	<i>Developmental Cell</i>	9.19	2019.3	Spatiotemporal Developmental Trajectories in the Arabidopsis Root Revealed Using High-Throughput Single-Cell RNA Sequencing
3	<i>Plant Cell</i>	8.631	2019.3	Dynamics of Gene Expression in Single Root Cells of <i>A. thaliana</i>
4	<i>Molecular plant</i>	10.812	2019.4	A Single-Cell RNA Sequencing Profiles the Developmental Landscape of Arabidopsis Root
5	<i>Science</i>	41.037	2019.4	Defining the Developmental Program Leading to Meiosis in Maize
6	<i>Cell Reports</i>	7.815	2019.5	High-Throughput Single-Cell Transcriptome Profiling of Plant Cell Types
7	<i>Cell Reports</i>	7.815	2019.7	Molecular Mechanisms Driving Switch Behavior in Xylem Cell Differentiation
8	<i>Nature Communications</i>	11.878	2020.3	Cell Lineage-Specific Transcriptome Analysis for Interpreting Cell Fate Specification of Proembryos

博奥晶典控股成员



北京博奥晶典生物技术有限公司

地址：北京市经济技术开发区科创六街生物医药园 C 座 邮编：101111 电话：010-69002900 传真：010-69002988 客服：400-9968-999
<http://www.capitalbiotech.com>

