

BGI läutet mit räumlicher Transkriptomik-Technologie eine neue Ära in der Pflanzenforschung ein

SHENZHEN, CHINA, October 11, 2023 /EINPresswire.com/ -- Ein Forschungsteam unter der Leitung von Dr. Xu Xun, Executive Director der BGI Group und Direktor von BGI-Research, wurde kürzlich eingeladen, einen Übersichtsartikel im Plant Journal zu veröffentlichen, der eine detaillierte Analyse der jüngsten Fortschritte und Herausforderungen der Spatial Transcriptomics (ST)-Technologie für die Pflanzenforschung enthält. Der Artikel befasst sich mit der Entwicklung dieser Technologie, ihren einzigartigen Vorteilen, praktischen Anwendungen und ihrem vielversprechenden Potenzial.

Aktueller Stand der ST-Technologie

In den letzten Jahren hat die Einzelzelltechnologie in der Tier- und Humanforschung breite Anwendung gefunden. Aufgrund der technischen Beschränkungen und Herausforderungen, die mit der Präparation von Pflanzengewebe verbunden sind, hinkt ihre Anwendung im Pflanzenreich jedoch weit hinterher.

the plant journal

S

E

B

Focused Review | [Open Access](#) | [CC](#) [BY](#) [NC](#) [ND](#)

Spatial transcriptomics drives a new era in plant research

Ruilian Yin, Keke Xia [✉](#) Xun Xu [✉](#)

First published: 31 August 2023 | <https://doi.org/10.1111/tpj.16437>

Bericht "Spatial transcriptomics drives a new era in plant research" veröffentlicht im Plant Journal

(a) Arabidopsis, Peanut, Orchid, Portulaca, Polor

(b) Spatial location → Cell type identification → Spatial gene expression analysis

(c) Spatial development trajectory

(d) cell-cell interaction

Neueste Anwendungen der ST-Technologie in der Pflanzenforschung.

Das Verständnis der physikalischen Interaktionen zwischen Zellen, die eine zentrale Rolle bei der

Gewebeentwicklung und den physiologischen Funktionen spielen, hängt in hohem Maße von räumlichen Informationen über die Zellposition ab. Die wichtige Verbindung zwischen Genexpression und Zellpositionierung, die die Einzelzelltechnologie nicht liefern konnte, hat zur Entwicklung der räumlichen Transkriptomik (ST) geführt.

Das Aufkommen der ST-Technologie eröffnet der weltweiten wissenschaftlichen Gemeinschaft eine völlig neue Perspektive für die Analyse und das Verständnis der dynamischen Prozesse des Lebens. In der Pflanzenforschung wurde diese Technologie bereits erfolgreich eingesetzt, um Zelltypen zu identifizieren, Zellschicksale zu rekonstruieren und Zell-Zell-Interaktionen aufzudecken. Mit den jüngsten Fortschritten in dieser Technologie ist es möglich geworden, einzelne Zellen in pflanzlichen Geweben aus einer räumlichen Perspektive zu untersuchen.



Basierend auf der Art und Weise, wie räumliche Informationen gewonnen werden, kann die ST-Technologie in drei Typen eingeteilt werden:

1. Methoden auf der Grundlage der Laser-Capture-Mikroskopie: Mit dieser Technik kann eine Einzelzell- und sogar eine subzelluläre Auflösung erreicht werden, aber die Anzahl der nachgewiesenen Gene ist begrenzt.
2. Bildgebende Verfahren: Mit diesem Ansatz kann in der Regel eine Einzelzellauflösung erreicht werden, er ist jedoch durch die zeitaufwändige Bildaufnahme und den Bedarf an komplexer Ausrüstung begrenzt.
3. In-situ-Capture-Sequenzierungsverfahren: Die Auflösung dieser Methode ist in der Regel durch den Durchmesser des Capture-Spots begrenzt.

Eine der in-situ Capture Sequencing ST-Technologien mit Einzelzellauflösung ist die räumlich-zeitliche Omics-Technologie von BGI, Stereo-seq (SpaTial Enhanced REsolution Omics-sequencing). Mit einer Chipgröße von bis zu 13 cm x 13 cm bietet Stereo-seq ein großes Sichtfeld

im Zentimeterbereich. Es kann große Schnitte sequenzieren, die Zellen nebeneinander in großen Geweben zeigen und uns nützliche Einblicke in die Gewebestruktur und die Position der Zellen geben.

ST-Technologien in der Pflanzenforschung

Die ST-Technologie ermöglicht die Untersuchung von Einzelzellmerkmalen pflanzlicher Gewebe aus einer räumlichen Perspektive, die folgende Aspekte umfasst

1. Identifizierung der Zelltypen: Biologen haben die zelluläre Dynamik mehrzelliger Organismen analysiert und die zelluläre Zusammensetzung komplexer Gewebe entschlüsselt. Die ST-Technologie kann Zellsubtypen mit ähnlichen Transkriptomen anhand räumlicher Informationen unterscheiden und klassifizieren. So kann sie beispielsweise die obere von der unteren Epidermis des Arabidopsis-Blattes unterscheiden und neue Markergene für Blattzellen liefern.
2. Bestimmung von Entwicklungslinien des Zellschicksals: Während der Pflanzenentwicklung können sich Zellen differenzieren und zu verschiedenen Zelltypen entwickeln. Die ST-Technologie kann gleichzeitig die transkriptionelle Heterogenität und die räumlichen Koordinaten von Zellen erfassen und ermöglicht so die räumliche Rekonstruktion von Entwicklungslinien des Zellschicksals.
3. Kommunikation und Interaktion von Zelle zu Zelle: Die interzelluläre Interaktion in multizellulären Organismen reguliert deren Aktivitäten und gewährleistet deren geordnetes und effizientes Funktionieren. Die ST-Technologie hat sich zu einem effektiven Ansatz entwickelt, um die vollständige Morphologie einzelner Zellen zu erfassen, die zelluläre Mikroumgebung zu untersuchen und die Interaktionen zwischen einzelnen Zellen zu verstehen. Die ST-Technologie kann beispielsweise zur Untersuchung der Interaktion zwischen Sojabohnen und Rhizobien eingesetzt werden, einer Gruppe von Bodenbakterien, die die Wurzeln von Hülsenfrüchten infizieren, um Wurzelknöllchen zu bilden.

Blick in die Zukunft

Die ST-Technologie hat in den letzten Jahren große Fortschritte gemacht. Sie ist ein wertvolles Werkzeug für die Pflanzenforschung und ermöglicht es den Wissenschaftlern, tief in das Gewebewachstum einzudringen und räumliche Bilder zu erzeugen. Mögliche Anwendungen der ST-Technologie in der Botanik sind die Entwicklungsbiologie von Pflanzen, die Interaktion zwischen Pflanzen und Mikroben und die Analyse pflanzlicher Stoffwechselwege.

Aufgrund der Komplexität und Vielfalt der Pflanzenproben muss die ST-Technologie jedoch weiter verbessert werden. Dazu gehören die Probenahme, die Datenverarbeitung, die Anpassung der Algorithmen zur Segmentierung einzelner Zellen und der Aufbau einer

Referenzdatenbank für Pflanzen.

Die Einzelzellauflösung und das große Sichtfeld der ST-Technologien läuten eine neue Ära in der Pflanzenforschung ein. Dies wird zu neuen Entdeckungen in der Pflanzenbiologie führen, da spezifische Transkriptom-Merkmale, die mit der räumlichen Positionierung verbunden sind, aufgedeckt und Interaktionen zwischen Zellen entschlüsselt werden.

Mit der zunehmenden Verbreitung von ST werden sich zweifellos spezialisierte Analysewerkzeuge, Algorithmen und experimentelle Methoden weiterentwickeln und verbessern. Letztendlich wird die Kombination von ST mit anderen räumlichen Omics-Techniken unser Verständnis der Pflanzenentwicklung, des Stoffwechsels und der Interaktionen mit der Mikrobiota erweitern.

Derzeit arbeitet das Team von Dr. Xun Xu mit führenden Laboren auf der ganzen Welt zusammen, um die großen Vorteile der Stereo-Sequenzierung zu nutzen und eine Reihe von räumlichen Transkriptomstudien an Pflanzen durchzuführen, die die Entwicklung räumlicher Transkriptom-Technologien vorantreiben und neue Entdeckungen in der Pflanzenforschung ermöglichen.

Den Überblicksartikel lesen: <https://doi.org/10.1111/tpj.16437>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/661043214>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2023 Newsmatics Inc. All Right Reserved.