



中国科学院植物研究所
INSTITUTE OF BOTANY, THE CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

🏠 首页 > 科研进展

植物所科研人员开发出简便高效的多基因编辑工具包

发布时间: 2021-12-10 | 【大 中 小】

目前, CRISPR/Cas9基因编辑技术已广泛应用于植物多基因编辑和多基因突变体的创制。在转基因植物中, CRISPR构建会持续发挥编辑作用, 导致新的突变, 人们陆续开发了一些剔除转基因植物中CRISPR构建的方法。但是对于多基因编辑而言, 为了保证靶位点被持续编辑直至发生突变, 一般采用稳定转化的方法来将基因编辑元件表达盒稳定插入到基因组中, 以求编辑元件持续表达。由于针对每个特定基因的gRNA效率不同, 且通过与野生型杂交的方法剔除CRISPR构建会导致多个突变位点的再分离, 因此利用传统方法鉴定不携带CRISPR构建的多基因编辑植物往往耗时耗力。

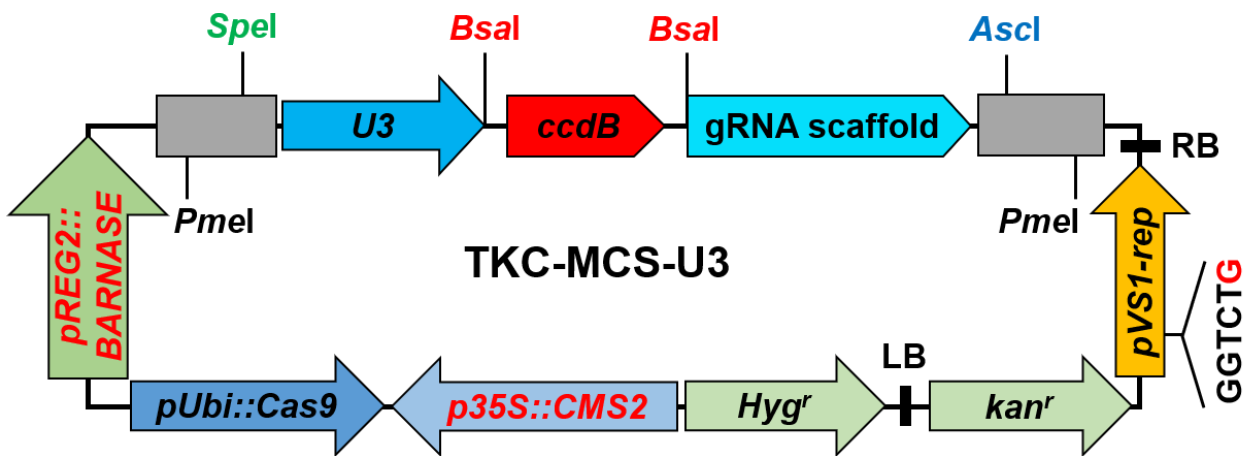
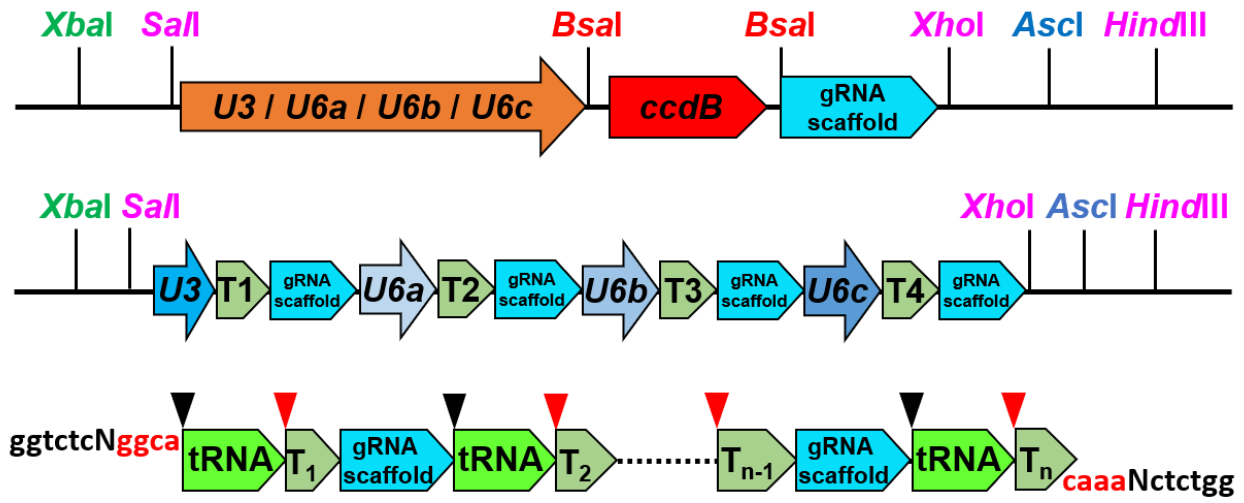
为解决上述问题, 中科院植物所刘春明研究组与合作者对之前报道的gRNA克隆载体和Transgene Killer Construct (TKC) 编辑载体进行了优化改造, 同时结合此前由tRNA间隔实现gRNA串联的方法, 建立了一个创制多突变体的简便高效的Customized Assembly and Simplified Editing (CASE) 工具包, 极大简化了基因编辑载体构建过程, 方便了后期筛选不携带CRISPR构建的多基因编辑植物。利用CASE编辑系统, 对T0代进行基因型鉴定之后, 在T1代挑选尽可能多的基因同时突变的多突株系, 对于二突到六突编辑, 只需要鉴定2到11个T1代单株, 就有90%以上的可能性获得无转基因残留的相应多基因纯合或双等位突变体。该技术可被广泛应用于创制多基因突变体, 大大节省人力、物力和财力成本。

该研究成果于2021年12月6日在线发表于国际学术期刊*Plant Physiology*, 植物所在读博士研究生刘金磊为论文第一作者, 植物所宋秀芬副研究员与南京农业大学和玉兵副教授为共同通讯作者, 在读硕士研究生陈蒙蒙与在读博士研究生陈文强也参与了本项工作。该研究得到了国家自然科学基金、国家转基因重大专项及中科院青年创新促进会的支持。

原文链接:

<https://academic.oup.com/plphys/advance-article-abstract/doi/10.1093/plphys/kiab573/6454115>

(分子生理实验室供稿)



CASE (Customized Assembly and Simplified Editing) 工具包示意图



版权所有 © 中国科学院植物研究所 备案号: 京ICP备16067583
 号-24 文保网安备案号: 1101080078
 地址: 北京市海淀区香山南辛村20号 邮编: 100093
 电话: 010-62590835

