



当前位置: 首页>学校主站点>新闻

生科院博士生发表系列论文完善CRISPR/Cas9植物基因组修饰技术

撰写时间:2015-06-02

来源:生命科学学院

在生命科学研究领域，基因修饰对研究基因功能和应用具有至关重要的作用。相对于传统的随机诱变筛选方法，定点基因组编辑技术可大大提高获取突变体的效率。最近发展起来的CRISPR/Cas9基因组修饰系统仅需要改造sgRNA序列约20个碱基就能引导Cas9蛋白识别和切割特异靶序列并产生突变，是一种革命性的分子生物学和基因工程技术创新。

我校刘耀光研究员的课题组构建了一套适用于单子叶和双子叶植物进行多靶点修饰的CRISPR/Cas9载体系统。利用这套载体系统，课题组对水稻基因组进行了大量靶点的靶向修饰，获得平均突变效率为85.4%，大部分为均一的双等位突变（54.9%）和纯合突变（24.7%），并可遗传到后代。在拟南芥也能获得均一的双等位突变和纯合突变。应用这一系统，对水稻和拟南芥成功突变了基因家族的多个成员（在同一转化体多达8个成员）、生物合成途径中的多个基因、以及单个基因的多个靶点，在转化体第一代就获得有表型的突变体。相关研究成果于2015年5月28日在Molecular Plant正式发表(<http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2015.04.007>)，第一作者为博士研究生马兴亮。

基因组靶向修饰产生的双等位突变和杂合突变序列的PCR扩增产物的直接测序会产生复杂的重叠峰，而克隆后测序又费时和费用高。为解决这个问题，马兴亮同学开发了一种简便的“简并序列解码法（Degenerate Sequence Decoding, DSD）”，可以高效地将测序重叠峰信息分解出2个突变序列。该方法于今年3月在Molecular Plant (<http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2015.02.012>)发表，第一作者为马兴亮。为了提高对大量测序文件的解码效率，课题组根据DSD法原理开发了一个开放的在线软件工具DSDDecode (<http://dsdecode.scgene.com/>)，从而实现了对各种类型突变的测序文件解码自动化。相关论文近日在Molecular Plant在线发表（DOI: 10.1016/j.molp.2015.05.009, <http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2015.05.009>），博士研究生谢先荣为共同第一作者。以上三篇系列论文的通讯作者均为刘耀光研究员。

目前该载体系统已被国内外近百个实验室使用。本套载体系统和相关的测序分析配套技术在基础与应用研究中具有重要的作用，将极大促进植物分子生物学基础研究和作物遗传改良。（文/生命科学学院 赵秀彩）

（责任编辑：蒙丽）

SCAU Copyright © 2012华南农业大学. All rights reserved.

地址：广州市天河区五山华南农业大学

粤ICP备05008874号 备案编号：4401060500010