



首页 概况简介 机构设置 人才队伍 研究生/博士后 院地合作 国际交流 科研平台 学术出版物 党建 文化 科学传播 信息公开

#### 新闻中心

- 近期要闻
- 头条新闻
- 科研进展

您现在的位置: 首页 > 新闻中心 > 科研进展

## 微生物所邱金龙研究组受邀在Nature Plants发表植物基因组编辑研究综述

2017-08-14 | 作者: | 【大】 【中】 【小】 【打印】 【关闭】

序列特异性核酸酶使得基因组编辑成为可能,快速推动了基础和应用生物学的发展。CRISPR-Cas9系统自出现以来,作为可转化植物的基因组编辑工具已得到广泛应用。CRISPR-Cas9对基因组靶位点进行定向切割,造成DNA双链断裂。DNA双链断裂主要通过两种高度保守的机制进行修复,即非同源末端连接(Non-homologous end joining, NHEJ)和同源重组(Homologous recombination, HR)。通过NHEJ方式,断裂的DNA会重新连接,但往往是不精确的,断裂位置会产生少量核苷酸的插入或删除,通常产生基因敲除突变体;与之相反,HR方式以同源序列为模板进行合成修复,可以产生精确的定点替换或插入突变,精准编辑靶基因。通过基因组定向突变进行基因功能鉴定和性状改良在植物中已得到广泛应用。然而,在植物中进行精准基因组编辑的需求极其迫切,尤其是对于那些难以转化的物种。目前,新开发出来的Cas9变体、新型RNA导向的核酸酶、碱基编辑系统和无DNA的CRISPR-Cas9递送方法都为植物基因组工程提供了前所未有的机遇。本文综述了植物基因组编辑的现状,重点关注由于植物基因组编辑的自身特点(图1)所带来的特殊挑战和机遇,并介绍了新近发展出的基因组编辑工具、方法及其在植物中潜在的应用。文章最后还展望了植物基因组编辑的前景和未来方向。

该文章已于近日在线发表于生命科学重要期刊Nature Plants上。邱金龙研究组助理研究员尹康权为第一作者,邱金龙研究员和中科院遗传与发育研究所高彩霞研究员为共同通讯作者。相关研究得到了国家转基因专项(2016ZX08010-002)、国家重点研发项目(2016YFD0100602)北京市科委项目(Z171100001517001)、中国科学院战略性先导科技专项(XDB11030500)和国家自然科学基金(31672015)等经费支持。

文章链接: <https://www.nature.com/articles/nplants2017107>

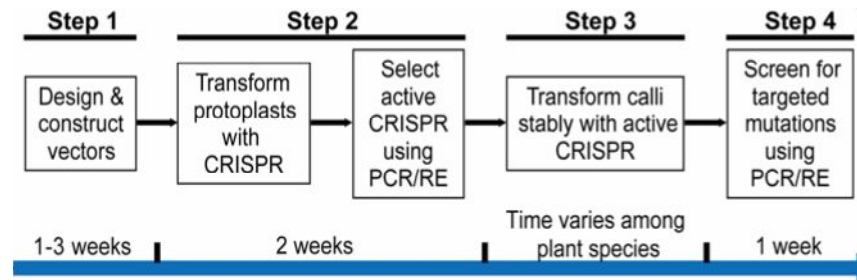


图1 利用 CRISPR-Cas9 进行植物基因组编辑的基本工作流程



1996-2014 中国科学院微生物研究所 版权所有 备案序号: 京ICP备05064432号 文保网安备案号: 110402500054

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院3号 邮编: 100101 电话: 86-10-64807462 传真: 86-10-64807468 Email: office@im.ac.cn