科学家整合多种遗传操作技术构建新型家蚕性别调控体系

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/1436.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

昆虫性别决定机制具有高度多样性，其分子机理还有待于进一步阐明。近年来，植生生态所黄勇平研究组和谭安江研究组以鳞翅目模式昆虫家蚕为主要研究对象，在阐明其性别决定和调控机制研究方面取得一系列成果。

家蚕的性染色体为ZW型，雄性为ZZ，雌性为ZW。雌性具有独特的W染色体，其序列高度重复。该研究组合了TALEN和CRISPR/Cas9两种基因组编辑工具，利用TALEN介导的同源重组将胚胎发育极早期启动子nos驱动的Cas9表达框定点整合到W染色体特定位点，构建了雌性特异表达Cas9的品系。前期研究发现，敲除家蚕性别决定通路中一个重要因子tra2后会导致家蚕胚胎致死(PLoS Genetics，2017)，这提供了理想的靶标基因位点。靶向tra2的转基因sgRNA表达品系与雌性特异表达Cas9的品系杂交后，只有雌性个体中才会同时有Cas9和sgRNA的表达，导致tra2被定点敲除，从而诱发胚胎致死;而雄性个体因无W染色体存在，没有Cas9的表达，不会受到任何影响。该研究构建的雌性胚胎特异致死系统整合了piggyBac转座子、TALEN、CRISPR/Cas9等多种遗传操作工具、采用了转基因、基因定点敲除和敲入等多种遗传操作手段，也是首次利用基因组编辑工具针对昆虫性染色体实施的基因定点整合，在蚕业生产和鳞翅目害虫防治中都有较高的应用价值。

博士研究生张忠杰、浙江农科院研究员牛宝龙为论文共同第一作者，研究员谭安江等为共同通讯作者，博士后许军为该研究做出重要贡献。该研究得到了国家自然科学基金委、中科院等相关项目的资助。

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发