科学家开发出简便高效的多基因编辑工具包

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/16837.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！

科学家开发出简便高效的多基因编辑工具包。

近日，中科院植物研究所研究员刘春明团队与合作者开发出一个简便高效的多基因编辑工具包Customized Assembly and Simplified Editing（CASE），极大地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。相关研究成果发表于《植物生理学》。

当前，CRIPSR/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，研究人员对之前报道的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CASE工具包。

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，节省了人力、物力和财力成本。

中科院植物研究所在读博士研究生刘金磊为论文第一作者，副研究员宋秀芬与南京农业大学副教授和玉兵为共同通讯作者。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。（来源：中国科学报田瑞颖）

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/plphys/kiab573

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：刘春明等 来源：《植物生理学》

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