
海洋所在牡蛎基因组编辑方面获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/18839.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！

近日，中国科学院海洋研究所实验海洋生物学重点实验室张琳琳团队在牡蛎基因组编辑方面获新进展。相关研究成果发表在Frontiers in Marine Science (DOI: 10.3389/fmars.2022.912409) 上。

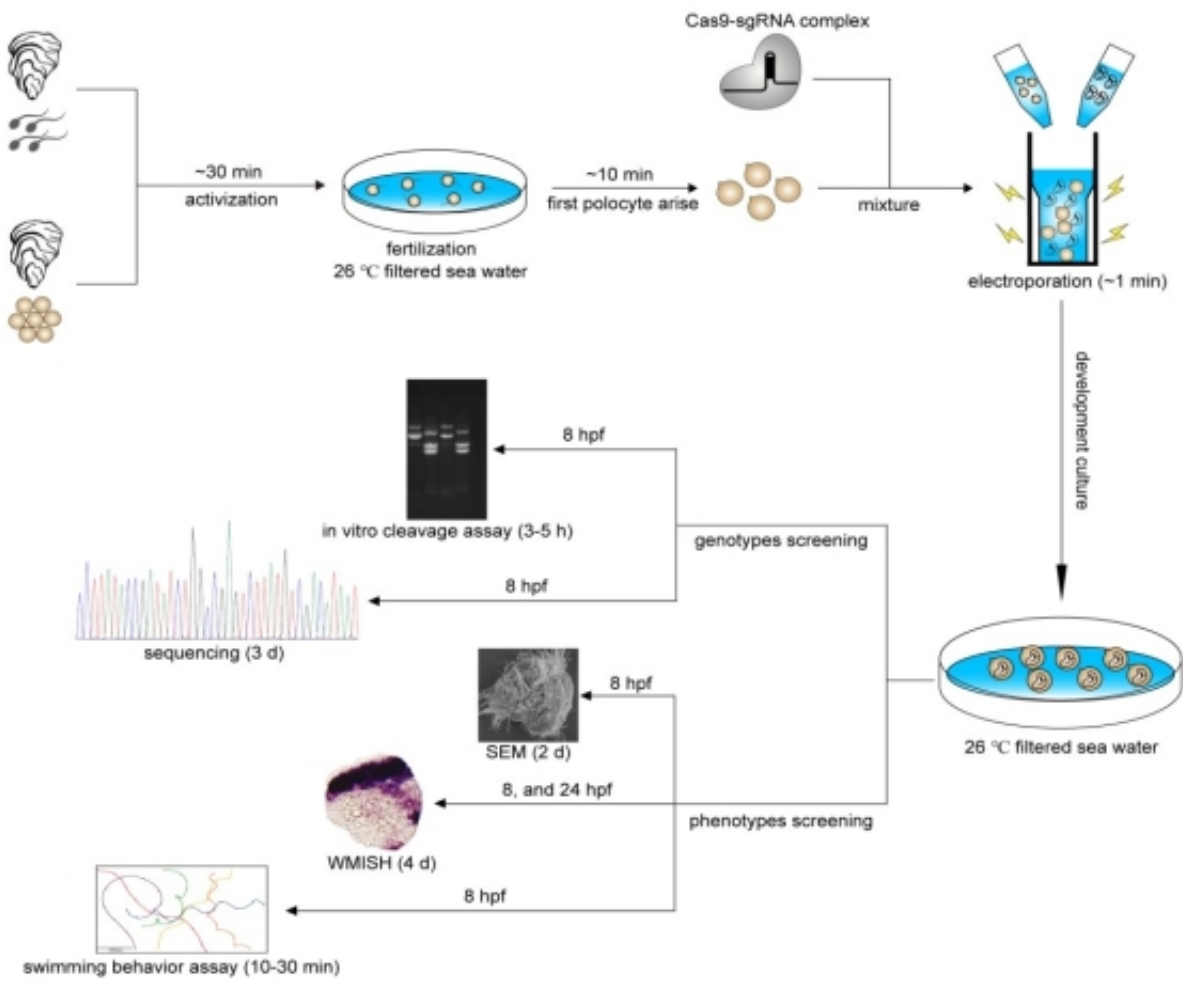
随着高品质动物蛋白需求的增长，水产养殖正成为人类食用海产品的主要来源。与许多成熟的陆生牲畜和作物系统相比，多数水产养殖物种育种仍处于驯化的早期阶段。传统的育种方式如选择、杂交和标记辅助育种系统，推进了水产养殖物种经济性状（包括抗病性、营养价值和生长质量等）的遗传改良。基因组编辑技术是近年来探索基因功能和解析性状直接有效的方法，其中CRISPR/Cas9基因编辑技术具有操作简单、靶点选择广、成本低、效率高等优点，为重要水产物种经济性状的遗传解析和良种培育提供了有力工具。

牡蛎为世界大宗水产养殖贝类，而与水产鱼类相比，基因组编辑育种技术在牡蛎中应用尚处于起步阶段。针对牡蛎卵径小（~50 μm）、显微操作难、幼虫死亡率高、间接发育时间时间长以及在获得可遗传纯系方面难度大、成本高、耗时长的问题，张琳琳团队经过长期研究攻关，搭建了一套基于电穿孔的Cas9/sgRNA复合物高通量递送和突变体快速检测的技术平台，实现了对牡蛎（Crassostrea gigas angulata）基因组中标记基因（ α -tubulin）的高效编辑。

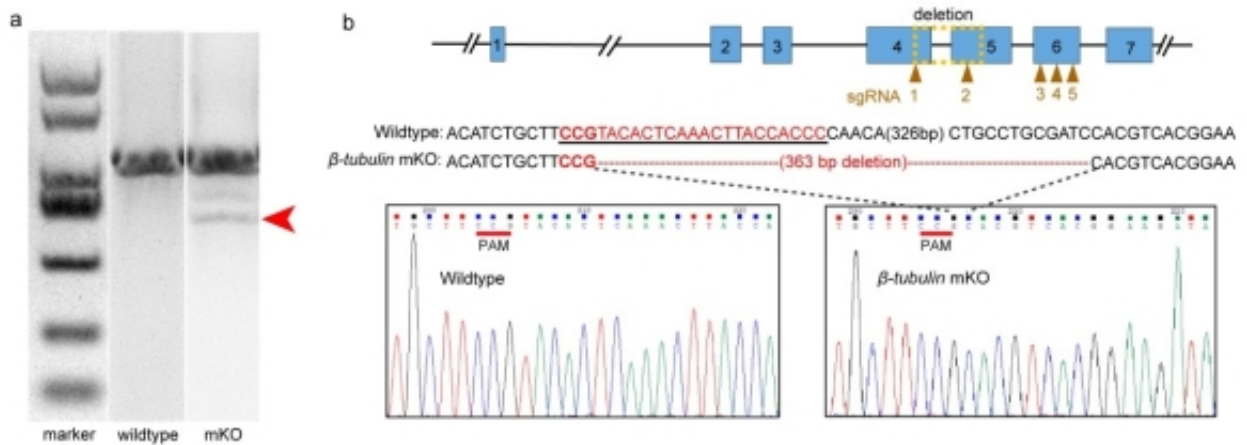
研究采用前期研发的“长片段缺失镶嵌性突变技术”（Zhang L., et al, 2016, Nature Communications; Zhang L., et al., 2017, PNAS

）。通过同时电穿孔多个靶基因sgRNAs，研究在长牡蛎靶向基因中检测到超过300 bp的长片段缺失突变，使研究可以使用PCR和常规琼脂糖凝胶电泳对突变体进行快速筛选和基因分型。这种同时传递两个以上sgRNAs以获得长片段缺失的策略是显著的改进，简化了基因组编辑基因型检测的工作流程。此外，利用原位杂交和行为学分析等表型检测手段，研究在牡蛎G0代幼虫中观察到表型的镶嵌型突变（纤毛的缩短、缺失）和运动能力下降。这种镶嵌型突变有利于探究在G0代个体中对突变表型进行快速鉴别，同时能规避目标基因完全缺失导致的胚胎致死性。该研究在海洋经济贝类牡蛎中建立了基于电穿孔和长片段缺失镶嵌性突变的CRISPR/Cas9基因编辑平台，可为今后基于CRISPR/Cas9基因组编辑技术在海洋贝类中开展基因功能研究提供有益参考，并为牡蛎以及其他水产养殖物种的基因组编辑育种提供有力工具。

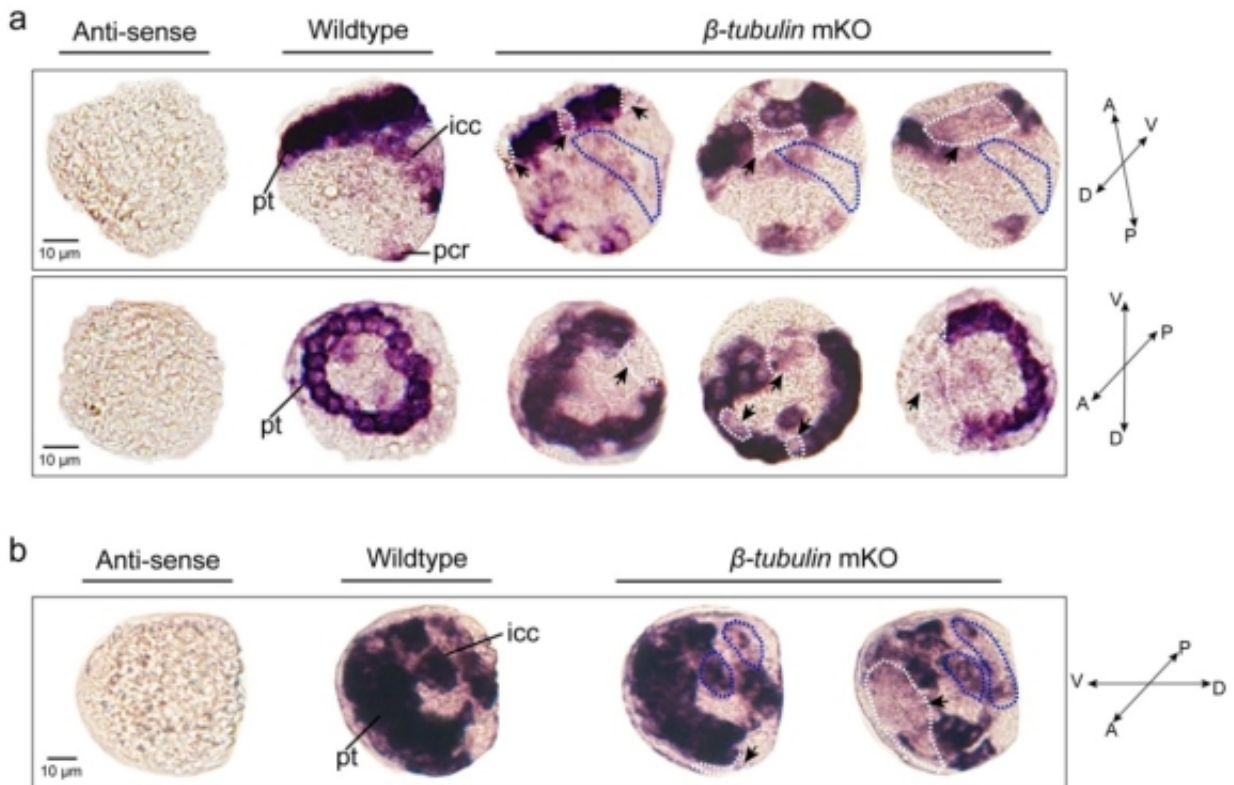
研究工作得到山东省“海洋生命资源绿色发展技术与应用”工作站、中科院战略性先导科技专项（B类）和国家海外引才计划青年项目等的支持。



基于电穿孔的CRISPR/Cas9基因编辑系统和突变表型快速检测平台示意图



CRISPR/Cas9系统介导的长牡蛎 β -tubulin基因的长片段缺失



CRISPR/Cas9系统介导的长牡蛎镶嵌型突变的纤毛表型

研究团队单位：海洋研究所

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](https://www.iikx.com)转发