
遗传发育所建立植物高特异性抵御DNA病毒新方法

作者：writer 来源：中国科学院

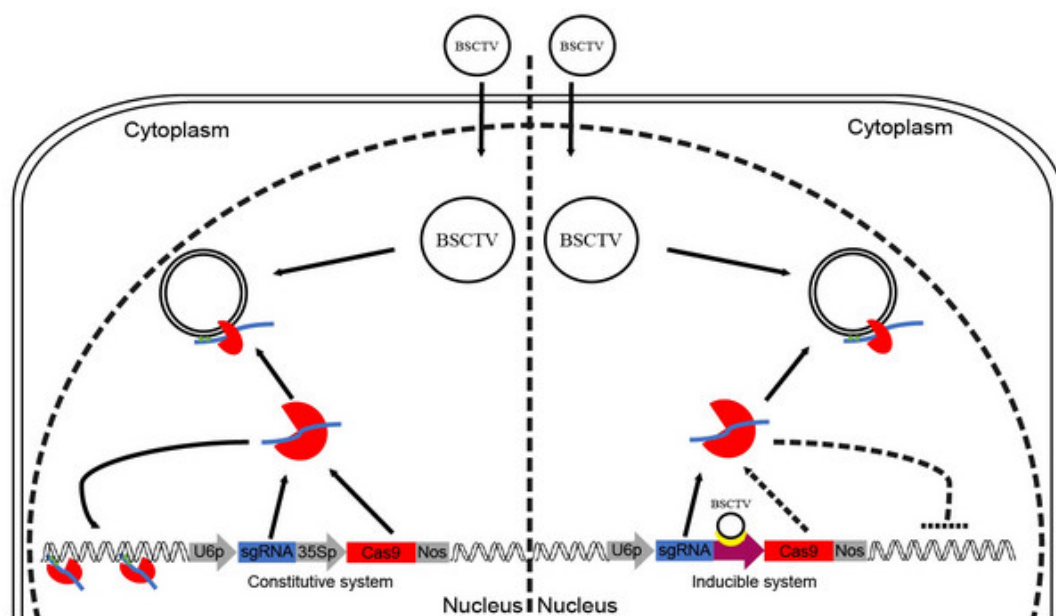
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3309.html>

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！

遗传发育所建立植物高特异性抵御DNA病毒新方法。双生病毒(Geminiviruses)是存在于植物中唯一一类具有孪生颗粒形态的单链DNA病毒，也是目前已知的最大的单链DNA病毒家族。据ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses)报道该类病毒目前已增至九个属，其在单子叶和双子叶植物中具有广泛的宿主，对农业生产危害较大。传统抗病机理的研究主要基于对病毒基因功能的分析及宿主病毒互作机理的解析，但目前在育种中的应用还比较有限。中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞研究组先前利用源于细菌中的适应性免疫系统CRISPR/Cas9特异识别切割病毒和外源DNA的特性，以甜菜严重曲顶病毒BSCTV(Beet severe curly top virus)为模式病毒，分别选取模式植物本氏烟(Nicotiana benthamiana)和拟南芥(Arabidopsis thaliana)为寄主材料，在植物中建立了新型、简易、高效的双生病毒防御体系(Ji et al, Nat. Plants, 2015)。

然而脱靶(即对非目标位点的编辑)是CRISPR/Cas9系统应用于基因治疗和分子育种的一大弊端。导致脱靶的发生主要有两方面因素。第一是sgRNA序列的容错性。已报道称在动物细胞中sgRNA的容错性可高达5个碱基;第二是Cas9蛋白的持续表达易造成对非靶标位点的切割。因而基于过表达CRISPR/Cas9系统的该抗病毒体系很可能对植物基因组发生脱靶修饰。在该研究中，高彩霞研究组以过表达CRISPR/Cas9系统的抗病拟南芥为目标，寻找到高抗病毒靶位点(C3)在拟南芥基因组上的10个潜在脱靶位点(3或4个碱基错配)。二代测序分析结果表明10个潜在脱靶位点有8个发生了脱靶的修饰。因而虽然过表达CRISPR/Cas9系统能够对双生病毒产生高抗性但也易在植物体内的基因组上产生脱靶修饰。因而研究人员利用双生病毒(BSCTV)自身存在的一类病毒诱导型启动子，构建了一套新型的病毒诱导型基因组编辑系统VIGE (Virus-inducible genome-editing system)以期避免Cas9的持续表达，从而降低脱靶事件的发生。基于GUS报告系统的结果表明该系统能同步响应BSCTV的激活诱导。且基于本氏烟的瞬时筛选体系和转基因拟南芥植株皆表明该类病毒诱导型基因组编辑系统能够被有效激活并抑制BSCTV在寄主植物中的积累。而通过对转基因拟南芥植株在BSCTV侵染前后的不同组织进行脱靶分析，二代测序结果表明该类系统在转基因植物体内具有高特异性。鉴于该类病毒诱导型启动子在双生病毒基因组中广泛存在，此方法能够应用于培育抗病毒植物。

该研究成果于11月15日在线发表在Genome Biology 杂志上(DOI:10.1186/s13059-018-1580-4)。高彩霞研究组博士研究生姬祥和司小敏为该文共同第一作者。该研究得到转基因专项、基金委基础科学中心以及中科院的资助。



病毒诱导型基因组编辑系统(VIGE)模式图

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