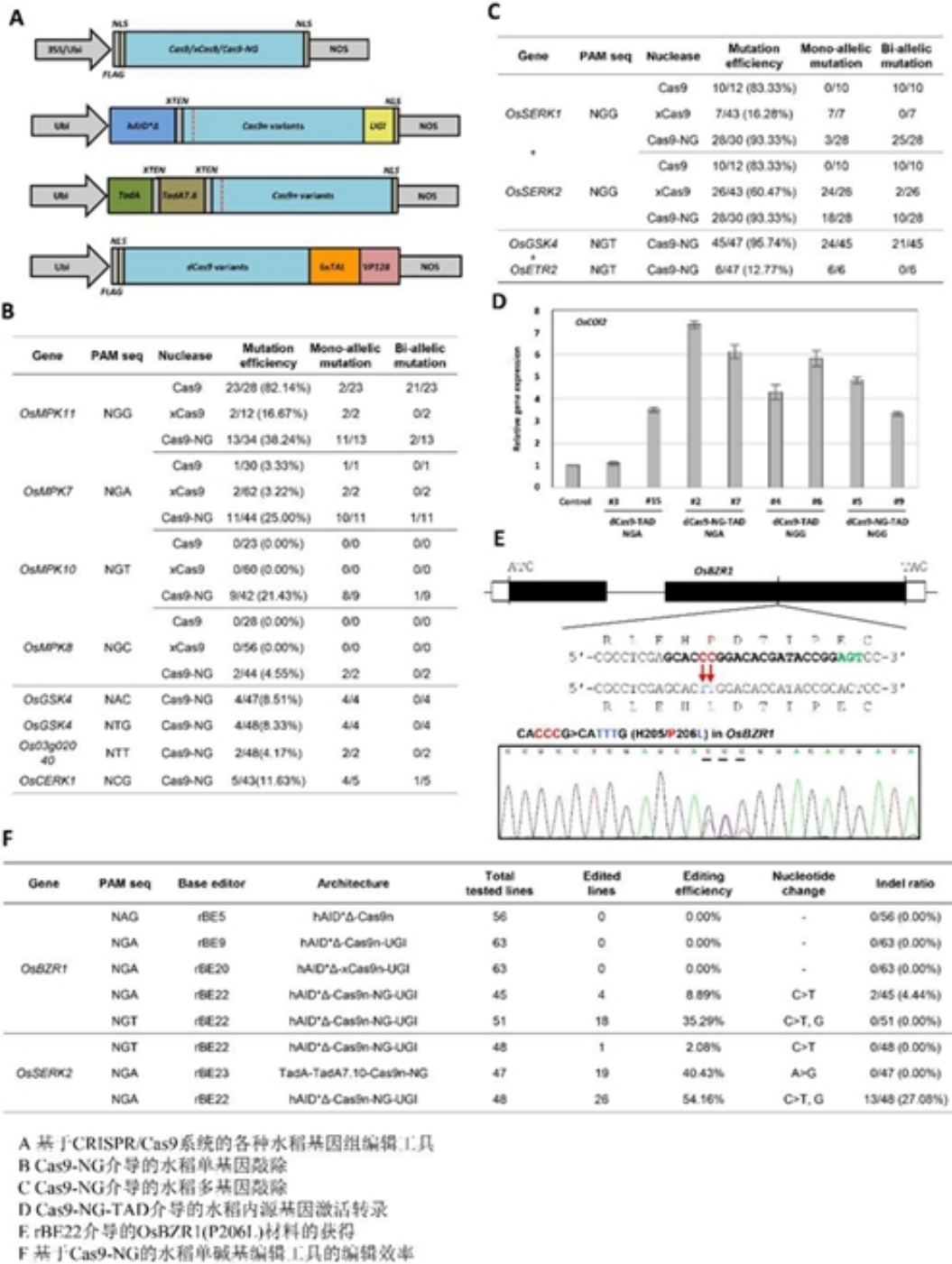

水稻基因组编辑工具箱再添新成员

作者：李晨 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4666.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！



水稻基因组编辑工具箱再添新成员。近日，中国农业科学院植物保护研究所周焕斌课题组、周雪平课题组和四川大学生命科学学院林宏辉课题组合作开发了一系列基于Cas9-NG的各种水稻基因组定点编辑工具，并成功用于水稻单基因敲除、多基因敲除、单碱基编辑(碱基对G·C和A·T的互换)以及靶基因转录激活调控。

相关研究成果在线发表于《分子植物》(Molecular Plant)。来源于化脓链球菌的Cas9核酸酶现已广泛应用于水稻基因组编辑，有效促进了水稻功能基因组学研究和分子育种进程。Cas9在进行基因编辑的过程中需要识别靶DNA序列3'端的保守PAM(前间区序列邻近继续)序列。由于Cas9主要识别NGG PAM序列，这极大限制了基因组范围内的靶DNA序列的选择，尤其是对于特定位点

核苷酸进行单碱基编辑时，往往造成无合适PAM可用。

扩展PAM识别序列，将有利于扩展水稻基因组编辑应用范围。为此，该团队选用Cas9突变体xCas9和Cas9-NG对水稻基因组编辑技术进行了优化和扩展。研究发现，Cas9-NG编辑效果优于xCas9蛋白，并且将识别PAM序列由NGG简化为NG，此外还能识别NAC、NTG、NTT和NCG等PAM序列。Cas9-NG在水稻上的成功应用，在一定程度上突破PAM识别序列的限制，将水稻基因组中的可编辑位点增加了8倍，众多之前无法进行碱基编辑的位点如今可进行操作，大大扩展了编辑范围。

周焕斌指出，该成果对于水稻基因功能解析和分子精准育种具有重要促进作用，加速实现水稻缺陷型基因的修饰矫正，有利于缩短水稻育种进程和延长现有优良品种的应用周期。该研究得到了基金委自然科学基金、国家重点研发计划项目和中国农科院创新工程的资助。

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

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发