



首页 » 新闻动态 » 科研进展 » 作科所利用多基因编辑技术获得一代聚合多个优异等位基因的小麦新种质

作科所利用多基因编辑技术获得一代聚合多个优异等位基因的小麦新种质

来源: 发布时间: 2021-04-02 作者: 作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队 点击数: 1116

近日, 中国农业科学院作物科学研究所作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队, 利用CRISPR/Cas9介导的多基因编辑技术, 在冬小麦品种郑麦7698中实现了同时靶向2个、3个、4个和5个基因的定点敲除编辑, 一代实现了多个优异等位基因聚合, 并通过胚拯救和后代分离, 成功获得了无转基因、聚合多个优异等位基因的小麦新种质, 为小麦和其它多倍体农作物开展多基因聚合育种提供了重要的技术支撑。相关研究成果于4月1日在线发表于《分子植物 (Molecular Plant) 》上。

小麦是世界上重要的粮食作物之一, 其安全生产关系到我国乃至世界的粮食安全。在过去几十年里, 随着绿色革命和育种技术的发展, 我国小麦品种改良取得了辉煌成绩。但是, 随着人口增长、全球气候变暖导致自然灾害频发、耕地逐年减少、化肥农药使用过度等导致生态环境恶化, 小麦安全生产依然面临着巨大挑战。由于小麦的基因功能冗余和多倍体特性, 利用常规育种方法, 对多个基因控制的复杂农艺性状进行遗传改良, 耗时费力、周期长、效率低。目前, CRISPR/Cas9系统介导的基因编辑技术, 已广泛应用于农作物功能基因组研究和作物遗传育种改良。但由于小麦为异源六倍体、基因组比较大且背景复杂, 遗传转化效率相对较低, 目前仍然缺乏高效的小麦多基因编辑体系。

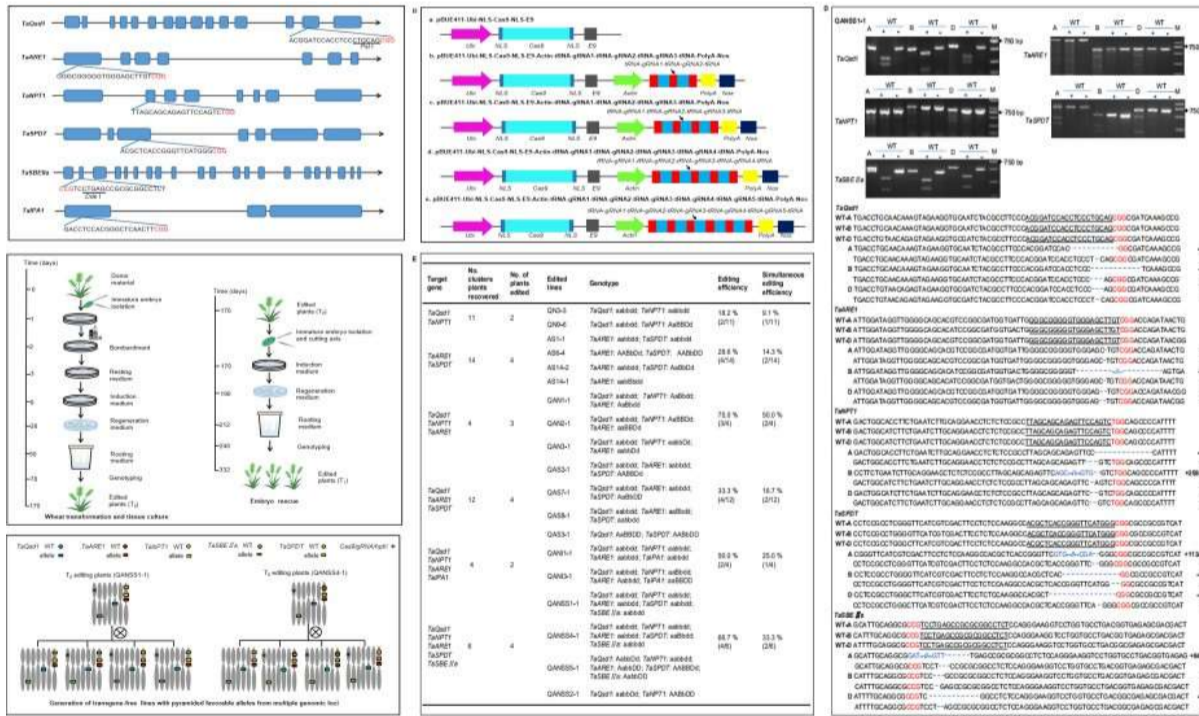


图: CRISPR/Cas9系统介导的小麦多基因编辑, 获得聚合多个优良等位基因的小麦新种质

在本研究中, 利用CRISPR/Cas9系统和多顺反子tRNA自剪切体系, 以目前黄淮麦区大面积推广种植的冬小麦品种郑麦7698为受体材料, 开发了一种高效、通用的多基因编辑技术。以穗发芽抗性相关 (TaQsd1)、氮吸收利用 (TaARE1)、株型 (TaNPT1、TaIPA1)、支链淀粉合成 (TaSBEIIa) 和磷转运 (TaSPDT) 六个基因作为靶基因, 分别构建同时靶向2个、3个、4个和5个基因组合的多基因编辑载体。该载体由水稻组成型启动子Actin驱动表达多个串联排列的tRNA-gRNAs单元, 并且添加了具有增强转录本稳定性的PolyA结构和Nos终止子终止表达。将上述多基因编辑载体通过转化郑麦7698, 获得了2、3、4、5个基因在15个基因组位点编辑的植株, 最高编辑效率可达50%。进一步通过胚拯救和后代分离, 在T1代中成功获得了无转基因、多个优异等位基因聚合的小麦新种质。小麦高效、通用多基因编辑体系的建立, 将有助于促进小麦分子生物学研究和复杂性状形成的网络解析, 定向创制小麦新种质, 加速育种进程。

作科所在读硕士研究生罗金满为本文第一作者, 夏兰琴研究员和马有志研究员为本文共同通讯作者。该研究得到国家重点研发计划、农科英才特支计划、中央公益性科研机构基金和创新工程等项目资助。

<https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.03.024>

新闻推荐

- 1 作科所召开2022年第二...
- 2 作科所成功研发高效代理引...
- 3 内蒙古自治区主席王莉霞考...
- 4 作科所牵头实施“增粮科技...
- 5 [缅怀庄老]赵双宁研究员...
- 6 作科所10个党支部获评“...
- 7 [缅怀庄老]何中虎研究员...
- 8 [缅怀庄老]孙其信教授&...
- 9 [缅怀庄老]钱前院士: 庄...
- 10 [缅怀庄老]万建民院士: ...





打印

关闭



中国农业科学院作物科学研究所
Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences

Copyright © 中国农业科学院作物科学研究所版权所有
地址: 北京市海淀区中关村南大街12号 邮编: 100081 电话: 010-82109715 email: zksbgs@caas.cn
ics.caas.cn, 京ICP备10039560号-5, 京公网安备 11010802014990号
技术支持: 中国农业科学院农业信息研究所

