

利用 PE3 先导编辑系统构建 *STAT1* 缺失细胞模型

王梓豪 边成 席珏敏 马绍辉 杨昭庆*

(中国医学科学院 北京协和医学院医学生物学研究所医学遗传室, 昆明 650118)

DOI:10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2026-0598

附表 1 CRISPR/Cas9 及 PE 编辑系统 gRNA 各组分序列
Table S1 Sequences of gRNA components in the CRISPR/Cas9 and PE editing systems

寡核苷酸名称 Oligonucleotide names	寡核苷酸序列 Oligonucleotide sequences
sgRNA-spacer (CRISPR/Cas9)-F	<u>CACCGTCATGACCTCCTGTCACAGC</u>
pegRNA-spacer (PE)-F	<u>CACCGATTGATCATCCAGCTGTGACGTTTT</u>
sgRNA-spacer (PE)-F	<u>CACCGTGTAATGTAAATCTCCTAGTTTT</u>
3' extension (PE)-F	<u>GTGCACCTCCTGTGATCACAGCTGGATGATCA</u>
Scaffold (PE)-F	AGAGCTAGAAATAGCAAGTTAAATAAGGCTAGTCCGTTATCAAC TTGAAAAAGTGGCACCGAGTCGGTGC

注: 单横线为酶切位点, 双横线为 PBS 序列, 蓝色为插入序列, 虚线为 RT 序列

Note: Single underlines indicate the restriction enzyme sites; double underlines indicate the primer binding site (PBS) sequences; blue colour denotes the inserted sequence; and the dashed lines indicate the reverse transcription template (RTT) sequences

附表 2 本研究使用的引物序列
Table S2 Primer sequences used in this study

引物名称 Primer name	序列 Sequence (5'-3')	产物长度 Product length (bp)	用途 Application
gRNA (CRISPR/Cas9)-testF	AAAGGACGAAACACCGGGTC	~500	sgRNA 重组质粒鉴定
gRNA (CRISPR/Cas9)-testR	TGGAAAGTCCCTATTGGCGT		
gRNA (PE)-testF	GCCTATTCCCATGATTCCCT	~500	sgRNA/pegRNA 重组
gRNA (PE)-testR	TTTTTGTGATGCTCGTCAGG		质粒鉴定
<i>STAT1</i> -testF	CCTGTTGACTTTTCCCCCTCC		Sanger 测序
<i>STAT1</i> -testR	TGCAGCCCCTTTCTTTGGTT		
<i>STAT1</i> -cDNA-F	CACAAGGTGGCAGGATGTCT	~500/300	实时荧光定量 PCR 测
<i>STAT1</i> -cDNA-R	CCACACCATTGGTCTCGTGT		定
<i>GAPDH</i> -cDNA-F	CTGCTGACGCCCTATGTTT	~500	实时荧光定量 PCR 测
<i>GAPDH</i> -cDNA-R	TGAGGGCCTCTCTCTCCTC		定