

استفاده از ساختار انگشت روی جهت خاموش و غیر فعال کردن ژن برای تولید حیوانات تراریخته

سوسن رادپور^{۱*}، محمود نظری^۲، محمدتقی بیگی نصیری^۳

۱- دانشجوی دکتری اصلاح نژاد دام دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان ۲- استاد یار دانشگاه کشاورزی و منابع

طبیعی رامین خوزستان ۳- استاد دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان

*پست الکترونیک: s.radpoor90@yahoo.com

چکیده:

هر ساختار انگشت روی، شامل 23-28 اسید آمینه است که با یک یا چند اتم روی شکل سه بعدی خود را پایدار کرده و با دو اسید آمینه هیستیدین و دو اسید آمینه سیستئین پیوند غیر کووالان برقرار می‌کند و به شکل یک انگشت تا شده که وسط آن یون روی قرار دارد در آمده است. جهت طراحی پروتئین‌های انگشت روی بر اساس توالی DNA مورد نظر مطالعات گسترده‌ای صورت گرفته است. ساختار قطعه آن‌ها (چند واحدی بودن آن‌ها) و توانایی هر قطعه در تشخیص سه باز متوالی از DNA معیار طراحی و ساخت پروتئین‌های انگشت روی جدید می‌باشد. نوکلئاز انگشت روی یک ابزار مفید برای بهبود درک ما از سیستم‌های پیچیده فیزیولوژیک برای تولید حیوانات تراریخته می‌باشد. نوکلئاز انگشت روی‌هایی که بصورت مصنوعی طراحی شده‌اند پتانسیل بسیار بالایی برای ایجاد تغییرات هدفمند در جایگاه خاص در موش، حیوانات اهلی مانند خوک و گاو نشان داده‌اند.

کلمات کلیدی:

۱. مقدمه

مهندسی هدف‌دار ژنوم (genome targeting engineering)، یکی از مهمترین پیشرفت‌های مهندسی ژنتیک در هزاره‌ی سوم است. اساس این فرآیند در عملکرد اندونوکلیازهای مهندسی شده نهفته است. این ابزارها از طریق ایجاد برش‌های دورشته‌ای در یک ناحیه‌ی شناخته شده از ژنوم و به دنبال آن ترمیم این برش‌ها توسط سازوکارهای نوترکیبی هومولوگ (homologous recombination) یا اتصال انتهای غیر هومولوگ (non-homologous end joining)، می‌توان تغییرات ژنتیکی مورد نظر را ایجاد کرد. اندونوکلیازهای ویرایش‌کننده‌ی ژنوم، از توانایی بالایی در راستای فهم عملکرد ژن و کاربردهای ژن درمانی برخوردارند (۴).

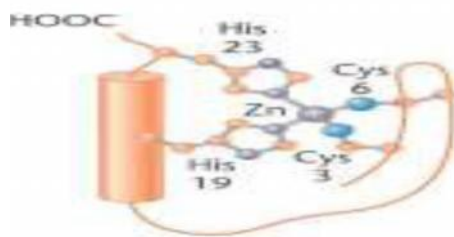
در پژوهش‌های پایه و کاربردی زیست‌شناسی، توانایی ایجاد تغییرات هدف دار در ژنوم پستانداران، دارای اهمیت حیاتی است. مطابق نظریه‌ی اهداف درمانی، برای طیف وسیعی از بیماری‌های ژنتیکی که در اثر رخداد جهش در یک ژن ایجاد می‌شوند، درمان با ژن درمانی روشی موثر به شمار می‌آید. راه کارهایی با میانجی‌گری ویروس برای تحویل کارآمد ژن بیگانه به ژنوم پستانداران توسعه یافته است. با این وجود، فرآیند ورود ژن بیگانه به ژنوم پستانداران اغلب تصادفی بوده که این پدیده، ممکن است ژن‌های درونی معینی را تخریب کرده و به فنوتیپ‌های غیر قابل پیش بینی که استفاده وسیع از این تکنولوژی را محدود می‌کند، بینجامد.

نوکلئازهای مهندسی شده، با وجود قرار داشتن در مرحله‌ی مقدماتی، برای ورود ژن بیگانه به درون یک توالی خاص، در حال توسعه بوده و البته در ایجاد تغییرات ژنتیکی مورد نظر در ارگانسیم‌های متفاوت موفقیت‌هایی نیز داشته‌اند. مهم‌ترین بخش راهکار در مهندسی هدف‌دار ژنوم، ایجاد برش‌های دورشته‌ای اختصاصی جایگاه در یک لوکوس از پیش تعیین شده به وسیله اندونوکلئازهای مهندسی شده است. ترمیم نهایی این برش‌های دورشته‌ای، به وسیله‌ی نوترکیبی هومولوگیا اتصال پایانه‌های غیر هومولوگ، تغییرات ژنتیکی مورد نظر و دلخواه را ایجاد می‌کند. سازوکار اتصال پایانه‌های غیر هومولوگ، به دلیل وارد شدگی‌ها یا حذف‌های کوچک (indel)، می‌تواند سبب تخریب ژن با میانجی‌گری ایجاد جهش‌های تغییر چارچوب (mutation frame shift) شود. در حالی که سازوکار نوترکیبی هومولوگ، می‌تواند تبادل نوکلئوتیدی بین یک ناحیه‌ی ژنومی درونی و یک قطعه DNA بیگانه را توسط توالی‌های هومولوگ احاطه شده، واسطه‌گری کند تا سبب وارد شدگی، حذف و یا جایگزینی یک توالی خاص شود (۱،۴).

برای اینکه یک اندونوکلئاز مهندسی شده، بتواند به طور گسترده‌ای در ویرایش هدف‌دار ژنوم کاربرد داشته باشد باید دارای دو معیار اصلی باشد: الف) توالی بلندی از DNA را با ویژگی بالا شناسایی کند تا از ایجاد سمیت ناشی از برش‌های خارج از جایگاه هدف (off-target) جلوگیری شود. زیرا برش‌های خارج از جایگاه هدف، سبب ایجاد تغییرات در لوکوس‌های ناخواسته شده و فنوتیپ‌های غیر قابل پیش‌بینی را به همراه دارد. ب) شناسایی و برش در یک توالی تعریف شده به آسانی طراحی شود. چهار رده‌ی اصلی از داکسی‌اندونوکلئازها، شامل مگا نوکلئازها، اندونوکلئازهای انگشت روی، اندونوکلئازهای افکتور شبه فعال کننده‌ی رونویسی و سیستم CRISPR هستند که به عنوان ابزار مهندسی ژنوم توسعه یافته محسوب می‌شوند (۲).

۲. نوکلئازهای انگشت روی

نوکلئازهای انگشت روی، پروتئین‌های صناعی هستند که با ادغام چندین قلمرو از رده عامل‌های رونویسی تحت عنوان پروتئین‌های انگشت روی به یک قلمرو برش دهنده‌ی مستقل از توالی مربوطه به اندونوکلئاز محدودکننده نوع II S از FOK I ساخته شده‌اند، شکل (۱)(۱۶).



شکل ۱: انگشت روی نوکلئاز

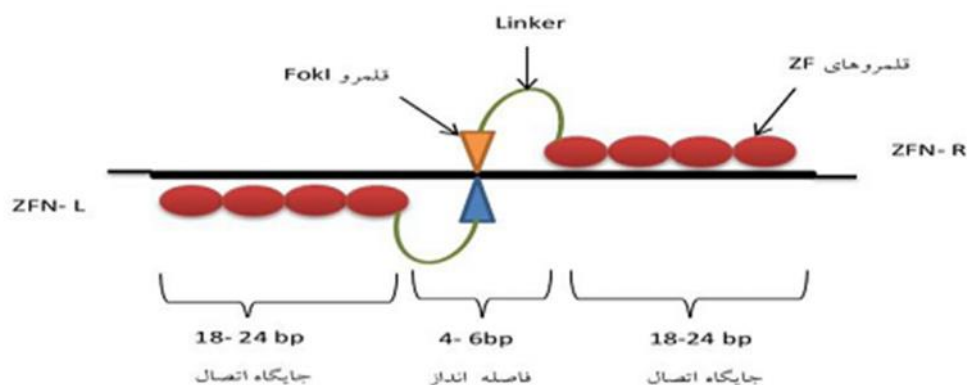
انگشت روی علاوه بر قابلیت شناسایی و اتصال به DNA قادر به شناسایی و اتصال به پروتئین‌های دیگر، RNA، چربی‌ها و دیگر مولکول‌های آلی هستند. از زمان شناسایی آن‌ها تاکنون وجود آنها در بسیاری از موجودات زنده (پروکاریوت‌ها و یوکاریوت‌ها) ثابت شده است و با توجه به نقش بسیار مهم آن‌ها در تنظیم بیان ژن‌ها به عنوان اولین عامل تعیین روشن یا خاموشی ژن‌ها، بسیار

همایش محصولات تراریخته در خدمت تولید غذای سالم، حفاظت از محیط زیست و توسعه پایدار

دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان - ۴ آذر ۱۳۹۵

مورد توجه محافل علمی قرار گرفته است به طوری که هم اکنون از آن ها به طور گسترده در درمان بیماری ها (سرطان، ایدز، دیابت و...) و همچنین در مطالعات ژن ها استفاده می شود (۵).

یک ماریجیج آلفا در هر قلمرو انگشت روی، یک توالی سه تایی اختصاصی از DNA را شناسایی می کند که در مطالعات اولیه هر ZFN مورد استفاده تنها سه قلمرو انگشت روی را داشته که به یک توالی ۹ جفت بازی از DNA متصل شده است. بنابراین، دایمرهای ZFN (گونه های فعال) را قادر ساخته که یک توالی ۱۸ جفت بازی را برای هر برش شناسایی کنند. به دلیل اینکه قلمرو نوکلئاز FOK I به صورت دایمر عمل می کند، نوکلئازهای عملکردی انگشت روی زمانی شکل می گیرند که قلمروهای انگشت روی در نزدیکی همدیگر قرار گیرند و همچنین دارای جهت گیری مناسبی باشند. به طوری که قلمروهای کاتالیک آنزیم FOK I در کنار هم قرار گیرند (شکل ۲) (۲).



شکل ۲: نمای شماتیک نحوه ی اتصال اندونوکلئازهای انگشت روی به DNA

برای به حداقل رساندن برش های ناخواسته، تغییرات متنوعی را می توان در مورد ZFN ها اعمال کرد: الف) نوکلئازهای انگشت روی را طوری طراحی کرده که تنها به صورت هترو دایمر عمل کنند. برای نیل به این هدف، واریانت هایی را در قلمرو کاتالیتیک آنزیم FOK I ایجاد می کنند که تنها ساختارهای هترو دایمر تشکیل شوند و همو دایمرها ناپایدار باشند. ب) طول فاصله انداز (Spacer) بین دو مونومر ZFN معمولا حدود ۴-۶ جفت باز است، اما از طریق ایجاد تغییرات در طول رابط (Linker) بین ZFN و FOK I نیز می توان تا حدی از دایمریزاسیون غیر اختصاصی و در نتیجه برش های خارج از جایگاه هدف جلوگیری کرد (۶).

هر چند که نوکلئازهای انگشت روی برای ویرایش هدف دار ژنوم در طیف متنوعی از سلول ها و ارگانیسم ها استفاده شده اند، اما دو محدودیت اصلی، کاربردهای گسترده ی آن ها را محدود کرده است: الف) قلمروهای انگشت روی به دلیل اثرات binding context dependent DNA - ظرفیت محدودی دارند که هدف قرار دادن هر توالی مورد نظر از DNA را برای نوکلئازهای انگشت روی دشوار می کند. ب) فقدان ویژگی برخی از قلمروهای انگشت روی، می تواند برش هایی را در جایگاه های غیر هدف ایجاد کند که سبب جهش های ناخواسته و در نتیجه ایجاد فنوتیپ های غیر قابل پیش بینی و یا به عبارتی، سبب میزان سمیت بالایی شوند (۳).

۳. انواع مختلف انگشت روی

۱- Cys2His2

این دسته از ماتیف‌های انگشت روی شناخته شده ترین و فراوان ترین نوع انگشت روی در فاکتورهای رونویسی انسان و سایر جانوران پرسلولی می‌باشد. تقریباً ژنوم انسان حاوی ۷۰۰ ژن کد کننده این دسته از پروتئین‌ها می‌باشد. ژن‌های کد کننده این دسته از پروتئین‌ها به صورت کلاستر (به صورت پشت سر هم بر روی کروموزوم) روی ژنوم درج شده است که نشان دهنده‌ی آن است که عمل دوبرابر شدن ژن‌ها در مورد آن‌ها اتفاق افتاده است. علاوه بر این پروتئین‌های دارای ماتیف Cys2His2 معمولاً از نظر تعداد و نحوه قرار گرفتن واحدهای انگشت روی با هم تفاوت دارند برای مثال فاکتور رونویسی Zif268 و Sp1 هر کدام ۳ واحد انگشت روی دارند در حالی که TFIIIA دارای ۹ واحد می‌باشد.

۲- Gag knuckle

این دسته از پروتئین‌های انگشت روی از ۲ صفحه بتا که با یک پیچ به یک مارپیچ آلفا متصل شده است. یون روی در این دسته از پروتئین‌ها با ناحیه آمینی قسمت پیچ و انتهای مارپیچ آلفا اتصال هیدروژنی ایجاد کرده است. به طور معمول هر واحد انگشت روی در این دسته شامل ۲۰ اسید آمینه می‌باشد و معمولاً بصورت دایمر در بسیاری از فاکتورهای رونویسی دیده می‌شوند.

۳- Treble clef

شامل پروتئین‌هایی حاوی ۳۰ تا ۶۰ اسید آمینه می‌باشند که از ۳ صفحه بتا در ناحیه آمینی و یک مارپیچ آلفا در ناحیه کربوکسیلی تشکیل شده اند. یون روی در این دسته از پروتئین‌ها با ناحیه پیچ بین صفحه‌های بتا و قسمت آمینی مارپیچ آلفا اتصال هیدروژنی برقرار می‌سازد. این دسته از پروتئین‌ها نیز معمولاً به صورت دو واحدی (دو واحد انگشت روی یا دایمر) وجود دارند و در دامین‌های متصل شونده به DNA در برخی از هورمون‌ها از جمله گیرنده استروژن در پستانداران مشاهده شده است. این دسته از پروتئین‌های انگشت روی در اتصال به DNA، RNA و پروتئین‌ها نقش دارند.

۴- Zinc ribbon

ماتیف‌های پروتئینی با طول ۳۰ تا ۵۰ اسید آمینه می‌باشند که از ۴ یا ۵ صفحه بتا تشکیل شده‌اند و شکلی شبیه به روبان به خود گرفته اند. یون روی در این دسته از پروتئین‌های انگشت روی با دو پیچ بین صفحه‌های بتا پیوند هیدروژنی برقرار می‌سازد. دامین‌های حاوی این دسته از انگشت‌های روی معمولاً حاوی دو واحد بوده که در اتصال به پروتئین‌ها، DNA و RNA نقش دارند. از این دسته می‌توان به پروتئین متصل شونده به DNA در آدنوویروس نام برد که در تکثیر و بیماری‌زایی ویروس نقش بسیار مهمی دارد.

۵- Zn2/Cys6

هر واحد انگشت روی در این دسته شامل ۲۰ تا ۳۰ اسید آمینه بوده و از دو مارپیچ آلفا و دو صفحه بتا تشکیل شده‌اند. هر یون روی با پیوند هیدروژنی با یک مارپیچ آلفا و یک لوپ اتصال برقرار کرده و هر واحد انگشت روی حاوی دو یون روی می‌باشد. این دسته از پروتئین‌های انگشت روی در ایجاد دامین‌های متصل شونده به DNA و پروتئین نقش دارند و از جمله مهمترین آنها می‌توان پروتئین Ga14 را نام برد که یکی از تنظیم کننده‌های مهم رونویسی در پستانداران می‌باشد.

۶ - TAZ2 domain like

این دسته به طور معمول از ۲۰ تا ۳۰ اسید آمینه تشکیل شده اند و شامل دو مارپیچ آلفا می‌باشند که با یک پیچ به هم متصل شده‌اند. یون روی در هر واحد انگشت روی با دو مارپیچ آلفا پیوند هیدروژنی برقرار می‌سازد. این دسته از انگشت‌های روی در اینترکشن پروتئین نقش دارند و در DNA پلیمراز III زیر واحد g در باکتری ای کولای تشخیص داده شده است. همچنین در پروتئین اینتگرلز ویروس HIV وجود دارد و در تولید بعضی از داروهای ضد ایدز مورد هدف قرار می‌گیرد.

۷ - Zinc binding loops

به طور معمول حاوی ۲۰ تا ۳۰ اسید آمینه می‌باشند و ایجاد دو لوپ می‌کنند که چهار پیوند هیدروژنی نگهدارنده یون روی از آن‌ها بوجود می‌آیند. در DNA پلیمراز III باکتری ای کولای زیر واحد ' و RNA پلیمراز III پروتئین 3 Rpb وجود دارد.

۸ - Metallothionein

پروتئین‌های سرشار از سیستئین بوده که به طور معمول هر واحد از آن‌ها از ۶۰ تا ۷۰ اسید آمینه تشکیل شده‌اند که با بسیاری از فلزات پیوند برقرار می‌سازند. از آن‌ها به عنوان پروتئین‌های جلوگیری کننده از سمیت عناصر یاد می‌شود زیرا یون‌های اضافی موجود در سلول را جذب می‌کنند (۱۶).

۴. طراحی و ساخت پروتئین‌های انگشت روی جدید

با توجه به فراوانی و توانایی Cys2His ها در شناسایی و اتصال به قسمت خاصی از DNA به صورتی که با تغییر در تعداد و توالی آن‌ها می‌توان محل چسبیدن را مشخص کرد، این دسته از پروتئین‌ها بیشترین استفاده را در حال حاضر دارند. در سال ۲۰۰۶ محققان مرتبط با این زمینه در کنسرسیومی در سال ۲۰۰۵ تصمیم به ساخت یک پایگاه اطلاعاتی برای سهولت استفاده از تجربیات دیگران و طراحی پروتئین‌های انگشت روی برای کاربردهای متفاوت گرفتند. نتیجه کار این محققان ساخت پایگاه اینترنتی Zinc Finger tools در سال ۲۰۰۶ بود که ۴۹ توالی سه نوکلئوتیدی و اسید آمینه‌های مربوطه برای چسبیدن به آن‌ها را شناسایی و در اختیار محققان قرار می‌دهد. در این پایگاه اینترنتی تسهیلاتی از جمله بررسی توالی DNA و پیدا کردن نواحی دارای قابلیت اتصال به انگشت روی، بررسی توالی اسید آمینه‌های یک پروتئین و یافتن قابلیت انگشت روی بودن و همچنین طراحی و ساخت پروتئین‌های انگشت روی برای توالی‌های مورد نظر DNA و کاربردهای متفاوت از جمله فعالیت نوکلئازی گنجانده شده است (۹).

همایش محصولات تراریخته در خدمت تولید غذای سالم، حفاظت از محیط زیست و توسعه پایدار

دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان - ۴ آذر ۱۳۹۵

اخیراً شرکت Gendaq\Sangamo با استفاده از روش‌های بیان فازی و هیبرید باکتریایی در جهت تهیه آرشیوهای ۶ نوکلئوتیدی (۲ واحد انگشت روی) استفاده کرده است و نتایج کار خود را در اختیار شرکت سیگما قرار داده است. همچنین برای استفاده از این تکنیک‌ها در موجودات زنده دیگر از جمله باکتری‌ها و مخمرها، از این میزبان‌ها نیز جهت تولید و بررسی پروتئین‌های انگشت روی استفاده شده است. روش‌های بیوانفورماتیکی نیز از طریق مدل‌سازی شرایط اتصال، نقش زیادی در افزایش راندمان پروتئین‌های انگشت روی داشته‌اند. با استفاده از روش‌های مذکور تاکنون تعداد زیادی پروتئین حاوی ۴-۶ واحد انگشت روی برای شناسایی توالی‌های به ترتیب ۱۲ و ۱۸ نوکلئوتیدی تولید و مورد استفاده قرار گرفته است (۱).

۵. کاربرد پروتئین‌های انگشت روی در علوم دامی

میوستاتین پروتئینی است که بوسیله سلول‌های عضلات اسکلتی ساخته می‌شود، وارد خون جاندار می‌شود و رشد عضلانی را کند می‌کند، میوستاتین یک تنظیم کننده منفی جهت رشد سلول‌های ماهیچه‌ای است، که اگر موتاسیونی در ناحیه کدکننده این ژن اتفاق افتد، باعث تغییر نقش تنظیم کنندگی آن شده و افزایش عضله را سبب می‌شود. که این امر از طریق افزایش سنتز پروتئین صورت می‌گیرد. سلول‌های ساتالایت دسته‌ای از سلول‌های عضلانی بنیادی هستند که باعث افزایش رشد و ترمیم عضلات می‌باشد. از آنجا که مکانیسم میوستاتین در زیست‌شناسی سلول‌های ساتالایت به خوبی درک نشده است این مطالعه بر تولید سلول‌های حذفی تک آلی با استفاده از mRNA انگشت روی نوکلئاز (ZFN) و همچنین به منظور بررسی اثر اختلال در تکثیر و تمایز سلول‌های ساتالایت گوسفند اولیه به اجرا درآمد نوزده دو آلی و چهار کلون تک آلی حذفی بعد از تجزیه و تحلیل توالی به دست آمد. سلول‌های حذفی تک آلی مشابه با حذف ۵ جفت باز برای ارزیابی بیشتر مورد استفاده قرار گرفت. نتایج بدست آمده نشان داد که تک آلی حذفی ژن میوستاتین منجر به مهار شدن ترجمه می‌شود

مطالعات قبلی در گوسفند بر استفاده از روش‌های حذفی برای غیر فعال کردن ژن میوستاتین متمرکز بود. اخیراً تکنولوژی ZFN یک ابزار قدرتمند برای مهندسی ژنومی، برای جهش‌زایی هدفمند را فراهم کرده است.

ZFN به عنوان یک ابزار ویرایش قوی در تغییر ژنوم در موجودات مختلف از جمله حشرات، دوزیستان، گیاهان و پستانداران استفاده شده است. (۱۳).

با کمک ZFN ها ژانک و همکاران (۲۰۱۴) موفق به تولید فیبروبلاست جنین گوسفند با یک اختلال میوستاتین در جایگاه اگزون ۱ شدند. همچنین ثعلبی و همکاران (۲۰۱۴) نشان دادند که حذف ۵ جفت باز در اگزون شماره ۳ گوسفند منجر به مهار ترجمه ژن میوستاتین و در نتیجه افزایش تکثیر PSCs گوسفندی می‌شود.

در مطالعه ای که به منظور اثرات جهش MSTN بر رشد ماهیچه‌های اسکلتی از طریق نشانگر انگشت روی نوکلئاز روی خوک میشان صورت گرفت نشان دادند که خوک‌های با ماهیچه مضاعف دارای درصد بیشتری از فیبرهای ماهیچه‌ای سفید هستند و مقدار کلاژن کمتری دارند، همچنین گزارش شده است که خوک‌های با ماهیچه مضاعف دارای بافت‌های همبند کمتری هستند که به افزایش تردی گوشت کمک می‌کند (۱۲).

دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان - ۴ آذر ۱۳۹۵

در مطالعه‌ای که توسط لو و همکاران (۲۰۱۴) انجام شد با استفاده از ZFNs ژن میوستاتین را در گاو مختل کردند. توالی‌ها نشان داد که ۲۰ درصد جهش‌ها در سلول‌های سوماتیک و ۸/۳ درصد جهش‌ها bi allelic می‌باشد. تجزیه و تحلیل توالی bi allelic ژن میوستاتین انواع جهش در کلونی گوساله‌ها شامل ۶bp حذف در یک آلل و ۱۱۷ bp حذف و ۹ bp درج در آلل دیگر می‌باشد. در گاو، ZFN واسط برای تولید بتالاکتوگلوبولین حیوانات جهش یافته انجام شد. بتالاکتوگلوبولین پروتئین آب پنیر در شیر گاو است. فیبروبلاست جنین گاوی، با کدگذاری mRNA برای توالی ZFN های طراحی شده برای ژن بتالاکتوگلوبولین منتقل شد. توالی‌ها نشان داد که ۱۵ درصد سلول‌ها از یک نوع جهش از ژن بتالاکتوگلوبولین و ۳ درصد از کلون‌های تک سلولی حذفی Bi-allelic ژن BLG هستند. ژن BLG جهش یافته کوتاهتر (حذف ۹ و ۱۵ جفت باز) نسبت به تیپ وحشی بود (۷).

۶. نتیجه‌گیری

با توجه به قابلیت پروتئین‌های انگشت روی برای چسبیدن به یک قسمت خاص از DNA کاربرد این مولکول‌ها در بیولوژی و پزشکی مورد توجه قرار گرفته است. هم اکنون علاوه بر استفاده از این پروتئین‌ها در مهندسی ژنتیک به منظور برش اسیدهای نوکلئیک در یک قسمت خاص، در پزشکی به منظور ژن درمانی نیز از این مولکول‌ها استفاده می‌گردد. در حال حاضر چندین دارو به منظور درمان بیماری‌هایی از جمله ایدز، سرطان، هانتینگتون و برخی بیماری‌های خاص طراحی و ساخته شده است و در حال طی مراحل کلینیکی برای عرضه به بازار می‌باشند.

۷. منابع

- سیحانی نجف آبادی، موسویان ر، فرهمند ح. انگشت روی و کاربرد آن در بیوتکنولوژی. اولین کنگره ملی زیست‌شناسی و علوم طبیعی ایران.
- نوری دلویی م، عبدالله زاده ر، اسدالهی ک. ویرایش هدف دار ژنوم با میانجی‌گری نوکلئازهای مهندسی شده، رویکردی نو در ژن درمانی. مجله علوم پزشکی دانشگاه سبزوار. ۱۳۹۳. ص ۱۳۱-۱۴۴
- Attanayak V, Ramirez CL, Joung JK, Liu DR. Revealing off-target cleavage specificities of zinc-finger nucleases by in vitro selection. *Nat Methods*. 2011. 8(9): 765-70.
- Baker M. Gene-editing nucleases. *Nature methods*. 2012. 9: 23-6.
- Hall TM. Multiple modes of RNA recognition by zinc finger proteins. *Curr. Opin. Struct. Biol*. 2005.15 (3): 367-73.

6. Händel EM, Alwin S, Cathomen T. Expanding or restricting the target site repertoire of zinc-finger nucleases: the inter-domain linker as a major determinant of target site selectivity. *Mol Ther.* 2009.17(1): 104-11.
7. Hauschild-Quintern J, Petersen B, Cost G J , Niemann H. Gene knockout and knockin by zinc-finger nucleases: current status and perspectives. *Cellular and Molecular Life Sciences* .springer. 2012.
8. Luo J, Song Z, Yu S, Cui D, Wang B, Ding F, Li S, Dai Y , Li N. Efficient Generation of Myostatin (MSTN) Biallelic Mutations in Cattle Using Zinc Finger Nucleases. *PLOS ONE.* 2014. 9.
9. Mandell J, Barbas C. Zinc Finger Tools: custom DNA-binding domains for transcription factors and nucleases. *Nucleic Acids Res.* 2006.34.
10. Miller J, McLachlan AD, Klug A. Repetitive zinc-binding domains in the protein transcription factor IIIA from *Xenopus oocytes*. *EMBO J.* 1985. 4 (6): 1609-14.
11. Pauwels K, Podevin N, Breyer D, Carroll D, Herman P. Engineering nucleases for gene targeting: safety and regulatory considerations. *N Biotechnol.* 2014. 31(1): 18-27.
12. Qian L, Tang M, Yang J, Wang Q, Cai C, Jiang S, Li H, Jiang K, Gao P, Ma D, Chen Y, An X, Li K , Cui W. Targeted mutations in myostatin by zinc-finger nucleases result in double-muscling phenotype in Meishan pigs. *Scientific Reports* .2015.
13. Salabi F, Nazari M, Chen Q, Nimal J, Tong J., Cao W G. Myostatin knockout using zinc-finger nucleases promotes proliferation of ovine primary satellite cells in vitro. *Journal of Biotechnology.*2014.192 .268-280.
14. Sun N, Abil Z, Zhao H. Recent advances in targeted genome engineering in mammalian systems. *Biotechnol J.* 2012. 7(9): 1074-87.
15. Urnov Fyodor D, Edward J, Rebar, Michael C. Holmes, H. Steve Zhang, and Philip D. Gregory. Genome editing with engineered zinc finger nucleases. *Nature Reviews Genetics.* 2010. 11(9): 636-46.
16. Wolfe SA, Nekludova L, Pabo CO. DNA recognition by Cys2His2 zinc finger proteins. *Annu Rev Biophys Biomol Struct.* 2000; 29: 183-212.
17. Zhang C , Wang L , Ren G , Li Z , Ren C , Zhang T , Xu K , Zhang Z. Targeted disruption of the sheep MSTN gene by engineered zinc-finger nucleases. *Mol Biol Rep* .2014. 41:209-215.