
科研人员开发出新型基因组编辑策略

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36857.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！

科研人员开发出新型基因组编辑策略

。植物基因组编辑对作物育种技术升级、保障粮食安全具有重要意义。当前主流的精准编辑技术多数基于先导编辑系统，制约了自主创新成果的产业化进程。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所等，开发了一种新型基因组编辑策略——“榫卯系统”（MT）。该系统在水稻中实现了16.30%—59.47%的精准插入与替换效率，为植物基因组精准编辑提供了新工具，相关研究成果为作物遗传改良开辟了新路径。

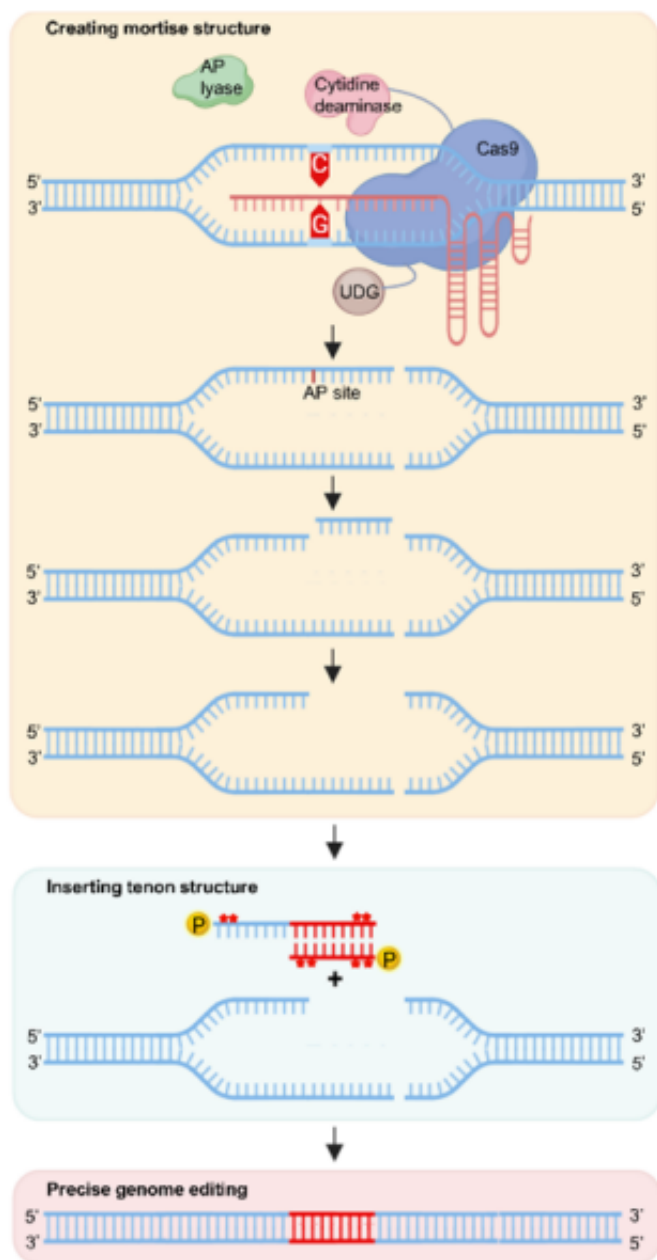
MT系统的设计灵感源于中国古建筑传统木工榫卯结构，核心在于构建“榫头”（tenon）和“卯眼”（mortise）的精准互补配对。研究团队利用遗传发育所高彩霞团队此前开发的精准DNA删除系统（AFID）中的APOBEC-Cas9-UDG/AP裂解酶复合体，在基因组目标位点产生独特的双链断裂结构，即带有单链或双链5'-突出端的“卯眼”，同时设计带有互补5'-粘性末端的双链DNA供体作为“榫头”，通过末端捕获作用实现供体片段的精准插入或替换。

该系统展现出三大核心优势：一是特异性强，MT系统利用APOBEC3B对TC基序的特异性识别，可精准生成预期长度的粘性末端，有效避免非特异性编辑；二是适用性广，无论是单TC基序还是多TC基序的目标位点，均可通过设计对应粘性末端的供体实现高效编辑；三是功能全面，既能完成小片段的精准插入，也能实现片段替换，且编辑事件可稳定遗传给后代。在水稻GRF1、NRT1.1B、SLR1、D53和IPA1等多个基因位点的测试中，MT系统的精准编辑效率显著优于传统系统，最高达到59.47%。

值得关注的是，MT系统在理论上具备大片段DNA编辑潜力。若能实现长链双链DNA供体的5'-粘性末端修饰，该系统有望突破现有技术对插入片段长度的限制，为作物复杂性状改良、关键基因簇导入等提供更高效的解决方案。目前，研究团队已针对MT系统的供体递送效率、大片段供体制备等关键技术进行优化探索。未来通过结合新型递送技术与供体修饰方法，有望进一步降低脱靶风险，实现基因组DNA大片段精准编辑，拓展该系统在更多作物中的应用场景。

相关研究成果发表在《分子植物》（Molecular Plant）上。研究工作得到国家自然科学基金、国家重点研发计划等的支持。

[论文链接](#)



MT系统工作原理示意图

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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](http://iikx.com)转发