
研究开发新型融合蛋白靶向DNA捕获方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/37011.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！

研究开发新型融合蛋白靶向DNA捕获方法

。高效、特异地捕获目标DNA片段是精准基因检测、基因组研究及疾病诊断中的关键技术环节。传统杂交探针捕获方法在特异性、灵活性和低丰度样本处理方面存在局限，尤其在实现对多靶标位点高通量富集时，捕获效率低、操作复杂且成本高，制约了靶向测序和分子诊断技术应用推广。

中国科学院天津工业生物技术研究所研究团队开发了新型融合蛋白靶向DNA捕获方法UdgX-SSBE3，实现了通过酶促标记与共价捕获相结合的策略，对目标DNA片段进行高效富集。该方法核心原理为：利用胞苷脱氨酶在目标DNA上将胞嘧啶（C）转化为尿嘧啶（U）以打上“标签”，随后由UdgX识别并与其形成共价结合，实现对几乎任意目标位点精准捕获。

团队以多基因疾病相关突变片段和标准靶标序列为模型，验证了UdgX-SSBE3的捕获性能。在复杂基因组背景中，该融合蛋白能够准确识别目标DNA并高效富集，捕获特异性明显优于传统杂交探针方法；该方法兼具可编程性和灵活性，通过更换gRNA可快速切换不同目标序列，实现多靶标并行捕获。深度测序结果显示，该方法在低丰度DNA样本中可实现稳定、重复性高的富集效果，为高通量靶向测序提供技术保障。

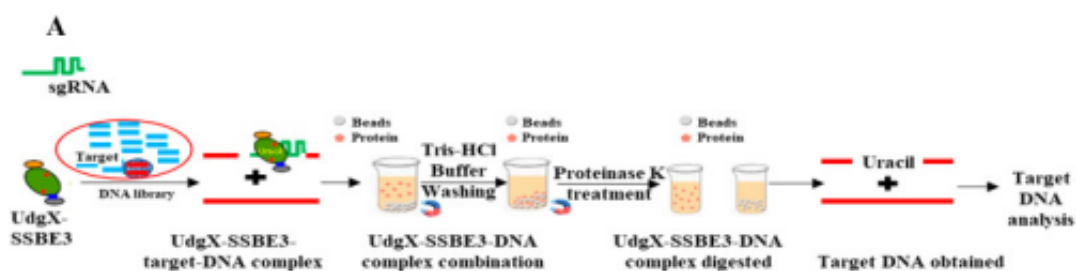
与现有方法相比，该技术可实现更高比例有效测序覆盖。但新方法在整体覆盖完整性与准确性方面更具优势，有助于提升目标片段的捕获效率和数据可靠性。在实验流程中，该技术采用更低密度的sgRNA设计，无需额外标记步骤，并缩短杂交时间，从而简化操作。整体实验周期压缩至数小时，提升了通量和效率。相比于传统探针捕获和商业化富集产品，UdgX-SSBE3介导的捕获方法探针需求量减少、操作条件温和、捕获效率高且具有灵活可编程性，为靶向测序和基因组分析提供了新的技术路径。

未来，该技术可广泛应用于疾病相关突变检测、肿瘤液体活检、病原体快速鉴定及高通量基因组研究，为精准医学和分子诊断提供有力工具。

相关研究成果发表在《化学工程杂志》（Chemical Engineering Journal

）上。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中国科学院战略性先导科技专项等的支持。

[论文链接](#)



UdgX-SSBE3蛋白靶向DNA捕获方法

UdgX-SSBE3蛋白靶向多基因疾病相关靶点捕获方法

研究团队单位：天津工业生物技术研究所

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

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