
高通量核酸适体筛选与动力学分析平台成功开发

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/37581.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！

高通量核酸适体筛选与动力学分析平台成功开发

。2026年1月1日，中国科学院杭州医学研究所构建了全球首个融合单细胞分辨率与高通量测序的核酸适体筛选与动力学分析平台——SPARK-seq，为精准分子识别、靶标发现及药物递送等领域提供了全新的研究工具与思路。

三阴性乳腺癌因其细胞表面缺乏类似HER2那样明确的药物作用靶点，导致许多特效药“无的放矢”，使临床治疗面临巨大挑战。

研究人员

需要在根本上实现“双突破”——既要为这类疾病快速找到关键靶点，又要定制精准的治疗方案。传统寻找新药物靶点（“目标”）和对应治疗分子（“钥匙”）的方法效率低下，如同“大海捞针”。

SPARK-seq相当于

布下了一张“智能渔网”，其工作流程分为三步。

第一步，利用CRISPR基因编辑技术，对大量癌细胞进行“微创手术”，使其表面不同的膜蛋白功能逐一缺失；同时引入包含海量候选分子的核酸适体库。

第二步，

借助单细胞测序技

术，为每个细胞拍摄“高清全景照”

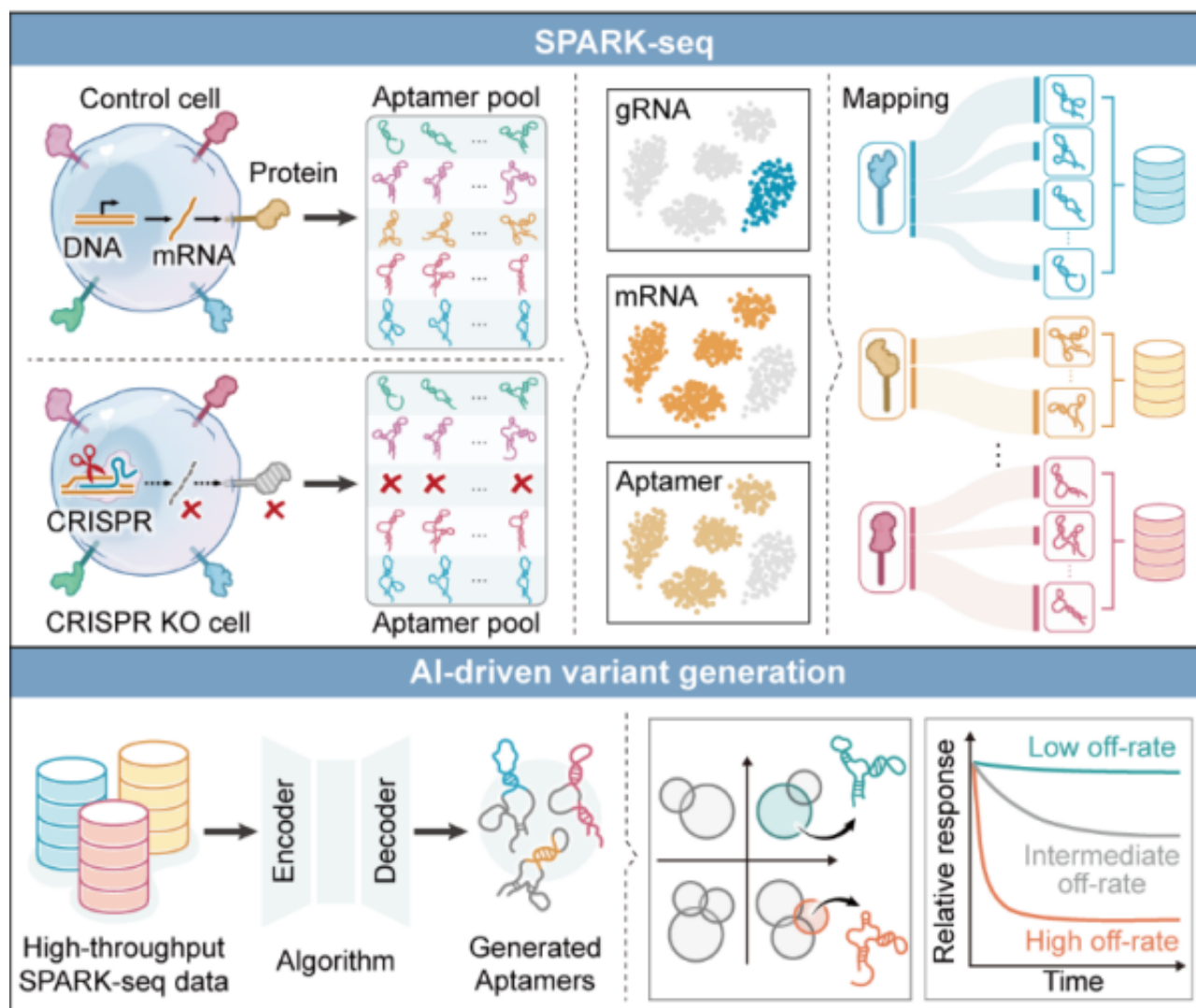
，同步捕获关键信息。

第三步，通过开发新的算法和大数据分析，在海量数据中直接找出那些只牢牢结合在有癌变特征“目标”上的“钥匙”，并量化其结合的牢固程度。

这意味着，研究人员能在闭环系统中，同步发现新的疾病关键靶点，并获得能精准作用于该靶点的潜在治疗工具——核酸适配体，实现了“既发现锁，又配好钥匙”的一体化突破。SPARK-seq的研发，使得高效、规模化地发现与优化靶向分子成为可能，为生物医学领域建立了快速研发平台。

这一研究为三阴性乳腺癌等肿瘤带来了新的治疗希望，开创了强大的原创研发模式。未来或许能够像查询字典一样，快速锁定目标，并定制专属的“特效钥匙”。

[论文链接](#)



SPARK-seq平台用于核酸适体发现和变体设计

研究团队单位：杭州医学研究所

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