

مجله ایمنی زیستی

دوره ۱۸، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۴

شاپای چاپی: ۰۶۳۲ - ۲۷۱۷، شاپای الکترونیکی: ۹۸۰۴ - ۲۷۱۶

ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ویرایش ژنوم گیاهان



نوع مقاله: مروری [20.1001.1.27170632.1404.18.2.2.9](https://doi.org/10.1001.1.27170632.1404.18.2.2.9)

صدیقه سادات سیددعائیان، ابراهیم دورانی*

گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

dorani@tabrizu.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۲/۱۴، تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۳/۵

صفحه ۳۰-۱۳

چکیده

رشد سریع جمعیت و تغییرات اقلیمی توسعه محصولات زراعی با عملکرد بالا و مقاوم به تنش‌ها را به یک ضرورت جهانی تبدیل کرده است. ظهور فناوری‌های ویرایش ژنوم مانند CRISPR-Cas9 تحولی در این زمینه ایجاد کرده‌اند، اما نگرانی‌های ایمنی‌زیستی ناشی از ایجاد شکست‌های دو رشته‌ای دی‌ان‌ا و اثرات خارج از هدف، کاربرد آن در گیاهان را با موانعی مواجه ساخته است. ویرایش آغازین به عنوان نسل جدیدی از ابزارهای ویرایش ژنوم، بدون نیاز به ایجاد شکست‌های دورشته‌ای و کاهش قابل توجه اثرات خارج از هدف قادر است انواع جهش‌ها را بدون نیاز به دی‌ان‌ای دهنده خارجی انجام دهد. به همین دلیل، علی‌رغم محدودیت‌های ویرایش آغازین مانند کارایی پایین آن در گیاهان و محدودیت توالی‌های PAM، این فناوری همچنان از پتانسیل زیادی برای توسعه محصولات برتر کشاورزی برای اهداف مختلف، از جمله افزایش عملکرد، ایجاد مقاومت به انواع تنش‌های زیستی و غیر زیستی، و بهبود کیفیت محصول گیاهی برخوردار است. بر همین اساس این مقاله با هدف معرفی اجمالی این فناوری به عنوان گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی ناشی از فناوری‌های ویرایش ژنوم در گیاهان شکل گرفته است.

واژه‌های کلیدی: امنیت غذایی، دست‌ورزی ژنتیکی، کریسپر، ویرایش ژنوم

مقدمه

جامعه جهانی امروز جهت تأمین امنیت غذایی با چالش‌های جدی، نظیر رشد روزافزون جمعیت، کاهش منابع و تغییرات اقلیمی مواجه است (Brock *et al.*, 2025). برای مقابله با این چالش‌ها توسعه ارقام زراعی با کیفیت و عملکرد بالا و مقاوم به بیماری‌ها و تنش‌ها از مهمترین وظایف کشاورزی مدرن است (Tian *et al.*, 2025). اگرچه پیش از این روش‌های سنتی به‌نژادی پاسخگوی نیازهای بشر بودند اما اکنون با توجه به چالش‌های موجود و محدودیت‌های روش‌های سنتی، شامل چرخه‌های طولانی به‌نژادی، وابستگی شدید به تنوع ژنتیکی موجود و دشواری در دست‌یابی به بهبود صفات به صورت دقیق و کارآمد، نیاز به فناوری‌های جدید برای پاسخگویی به نیازهای تغذیه‌ای حال و آینده بشر بیش از گذشته است (Ahmad *et al.*, 2020). با افزایش نیاز به تکنولوژی‌های جدید در حوزه تولید محصولات کشاورزی، نگرانی‌های حاصل از کاربرد فناوری‌های جدید و اهمیت توجه به ایمنی‌زیستی نیز افزایش یافته است. ایمنی‌زیستی مفهومی است برای حصول اطمینان از بی‌خطر بودن محصولات بیوتکنولوژی مدرن و موجودات تراریخته که از طریق مهندسی ژنتیک تولید می‌شوند (Alalwani *et al.*, 2024). محصولات تراریخته محصولاتی هستند که ژنوم آن‌ها با استفاده از مهندسی ژنتیک و وارد ساختن یک یا چند توالی دی‌ان‌ای خارجی دچار تغییر شده است. این قطعات جدید می‌توانند موجب بروز صفات مفید و بهبود یافته‌ای در گیاه شوند که دست‌یابی به آن‌ها از طریق روش‌های متداول به‌نژادی دشوار و یا بسیار زمان‌بر است (Permyakova and Deineko, 2024). اگرچه در حال حاضر فناوری‌هایی مانند تولید محصولات تراریخته پیشرفت‌های بسیاری داشته و رویکرد ساده‌تری را ارائه داده است (Alemzadeh, 2024). اما با چالش‌هایی همچون فرآیندهای طولانی جهت

تایید تجاری محصولات، موانع نظارتی سخت و پیچیده و افکار منفی مواجه است و همین امر بهره‌مندی از این تکنیک را با پیچیدگی‌هایی روبرو ساخته است (Tuncel *et al.*, 2023). علی‌رغم وجود تمام این موانع، توسعه ارقام جدید همچنان یک نیاز ضروری است. لذا برای پاسخ به این نیاز فناوری‌های ویرایش ژن، که از لحاظ ملاحظات ایمنی‌زیستی با چالش‌های کمتری همراه هستند، پدید آمدند. تکنیک‌های ویرایش ژنوم می‌توانند به عنوان تکنیک به‌نژادی جایگزین برای تولید محصولات کشاورزی مطلوب به کار گرفته شوند (Permyakova and Deineko, 2024). در این میان روش CRISPR/Cas9 به پرکاربردترین و پیشرفته‌ترین تکنیک ویرایش ژنوم تبدیل شده و فرصت‌های قابل توجهی را برای بهبود گیاهان زراعی و مطالعه عملکرد ژن‌ها فراهم کرده است (Zhang *et al.*, 2021). فناوری CRISPR/Cas9 قادر است بدون افزودن دی‌ان‌ای خارجی و با استفاده از قیچی‌های مولکولی تغییرات ژنتیکی مشابه با جهش‌های طبیعی ایجاد کند. قیچی‌های مولکولی پس از ویرایش می‌توانند از سلول‌ها حذف شوند و همین امر موجب کاهش نگرانی‌های مرتبط با محصولات آن‌ها در برخی کشورها است (VanVu *et al.*, 2022). سیستم CRISPR/Cas کمک آران‌ای راهنما، دی‌ان‌ای را هدف‌گیری کرده و شکست دو رشته‌ای ایجاد می‌کند. این شکست‌ها توسط دو مسیر ترمیم اتصال انتهایی غیر همولوگ (NHEJ) و ترمیم نوترکیبی همولوگی (HDR) بازسازی می‌شوند. ترمیم اتصال انتهایی غیر همولوگ معمولاً منجر به درج‌ها یا حذف‌های تصادفی می‌شود. ترمیم نوترکیبی همولوگی می‌تواند درج‌های دقیق ژنی تولید کند، اما فراوانی وقوع آن در گیاهان کم بوده و نیازمند دی‌ان‌ای اهدا کننده است (Vats *et al.*, 2024). به طور کلی سیستم‌های مبتنی بر شکست‌های دو رشته‌ای با موانعی نظیر تولید محصولات غیر هدف،

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

چالش‌های مرتبط با فراهم ساختن الگوهای دهنده در گیاهان و وجود برش‌های خارج از هدف مواجه هستند (Lazzarotto *et al.*, 2020; Gallo *et al.*, 2025; Pandit and Bohara, 2025). بر همین اساس می‌توان گفت علی‌رغم موفقیت‌های حاصل از کاربرد CRISPR/Cas9، این فناوری نیز با مشکلات متعدد مواجه است. برای حل این مشکلات فناوری‌های ویرایش ژن بدون نیاز به ایجاد شکست‌های دورشته‌ای و الگوی دهنده، شامل ویرایش پایه و ویرایش آغازین، شکل گرفتند (Matres *et al.*, 2021). ویرایش پایه متشکل از ترکیب nCas9 با آنزیم دآمیناز دی‌ان‌ا است. دآمینازهای سیتیدین تبدیل جفت‌بازهای C.G به T.A و دآمینازهای آدنوزینی تبدیل جفت‌بازهای A.T به G.C را انجام می‌دهند (Anzalone *et al.*, 2020). ویرایشگرهای آغازین برخلاف ویرایشگرهای پایه که محدود در ۴ جهش انتقالی هستند محدودیتی در این زمینه ندارند (Pandit and Bohara, 2025). ویرایش آغازین با استفاده از یک آران‌ای راهنمای ویرایش آغازین (pegRNA)، مجموعه nCas9 (H840A یا D10A) و آنزیم رونوشت‌بردار معکوس (RT) را به جایگاه مشخص در ژنوم هدایت می‌کند. این مجموعه امکان ایجاد تغییرات در مکان‌های هدف را از طریق بخش بسط یافته آران‌ای راهنمای ویرایش آغازین و با اتکا به فعالیت رونوشت‌بردار معکوس فراهم می‌کند. محصول حاصل یک فلاپ ۳۰ نوکلئوتیدی خواهد بود که می‌توان آن را از طریق مجموعه‌ای از مراحل زیست‌مولکولی مرتبط با مسیرهای ترمیم و همانندسازی دی‌ان‌ا در جایگاه ژنومی مورد نظر وارد کرد (Vu *et al.*, 2024). ویرایش آغازین، فناوری ویرایش ژنوم به سبک جست و جو و جایگزینی است که توانایی آن در درج‌ها، حذف‌ها، تمام تبدیل‌های ممکن پایه به پایه و ترکیب‌های آن‌ها بدون ایجاد شکست دو رشته‌ای در سلول‌های انسانی به اثبات رسیده است (Anzalone *et al.*, 2021).

ضرورت ویرایش ژنوم در گیاهان

جامعه بشری در قرن حاضر با چالش‌های چندگانه‌ای نظیر تغییرات اقلیمی، کاهش منابع و رشد مداوم جمعیت مواجه است. این چالش‌ها تامین امنیت غذایی در سطح جهان را با مشکلات بیشتری همراه ساخته است (Tian *et al.*, 2025). تنش‌های زیستی و غیر زیستی هزینه‌ای بالغ بر میلیارد‌ها دلار از نظر خسارت به محصولات کشاورزی به دلیل عوامل زیستی و تغییرات اقلیمی ایجاد می‌کنند (Saurabh, 2021). برای مقابله با این مشکلات، توسعه ارقام گیاهی با عملکرد بالا همراه با افزایش کیفیت و افزایش مقاومت این گیاهان نسبت به انواع تنش‌های زیستی و غیر

زیستی از ضروری ترین نیازهای عصر حاضر در بخش کشاورزی است (Tian *et al.*, 2025).

اگرچه روزگاری روش های سنتی به نژادی با انقلاب سبز نقش مهمی در کشاورزی و تامین نیازهای بشر در این حوزه ایفا کردند اما امروزه محدودیت های این روش ها شامل چرخه های طولانی به نژادی، وابستگی شدید آن ها به تنوع ژنتیکی موجود و دشواری در دستیابی به بهبود دقیق و کارآمد صفات و چالش های موجود در این حوزه مانع از توانمندی روش های سنتی در رفع نیازها و بهبود تأمین امنیت غذایی است (Gelvin, 2018). حفظ تأمین پایدار محصولات کشاورزی و در عین حال بهبود محتوای تغذیه ای آن ها در جهت مقابله با تغییرات اقلیمی نیازمند بهره مندی از راهبردهای نوآورانه به نژادی در کشاورزی است و فناوری ویرایش ژنوم از مهمترین این راهبردها است (Bortesi *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2018a). ویرایش ژنوم نسبت به فناوری های پیشین مانند فناوری تولید محصولات تراریخته نیز مزایای متعددی دارد، مهم تر از همه اینکه امکان جهش هدفمند و تک ژنی را در سراسر ژنوم گیاه فراهم می کند (Lassoued *et al.*, 2019). مجموعه ابزارهای ویرایش ژن شکل ساده تر، کاربردی تر و دقیق تری از جهش زایی را ارائه می دهند که انتقال صفت مطلوب به نسل های بعد را بدون از دست دادن هیچ اثربخشی تسهیل می کند (Georges and Ray, 2017). از سوی دیگر دستیابی به بسیاری از اهداف در زیست شناسی گیاهی، مانند اصلاح جهش های نقطه ای، ایجاد چندشکلی های تک نوکلئوتیدی و ایجاد حذف و یا درج های چندنوکلئوتیدی مستلزم توانمندی در ویرایش دقیق ژنوم گیاهان است (Hassan *et al.*, 2020). در حال حاضر از ویرایش ژنوم برای دستیابی به صفات مهم زراعی و کیفی در محصولات زراعی به ویژه غلات استفاده شده است. این صفات شامل ویژگی های موثر در کاهش اثرات تغییرات اقلیمی،

تحمل به تنش های زیستی، عملکرد بیشتر، ساختار گیاهی بهینه تر، کیفیت دانه و محتوای تغذیه ای بهبود یافته و تولید محصولات ایمن تر می شود (Matres *et al.*, 2021). در این راستا به عنوان نمونه می توان به تلاش ها و مطالعات محققان در زمینه تولید برنج و ذرت مقاوم به تنش خشکی (Shan *et al.*, 2014; Lou *et al.*, 2017; Shi *et al.*, 2017)، برنج، ذرت، سیب زمینی، سویا و پنبه مقاوم به علف کش ها (D'Halluin *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2015; Svitashv *et al.*, 2015; Butler *et al.*, 2016; Sun *et al.*, 2016)، تنباکوی مقاوم به ویروس پیچیدگی بوته چغندر (Ji *et al.*, 2015)، برنج مقاوم به بیماری بلاست (Wang *et al.*, 2016)، گندم مقاوم به سفیدک پودری (Wang *et al.*, 2014)، پنبه مقاوم به پژمردگی ورتیسیلیومی (Zhang *et al.*, 2018b)، افزایش محتوای بتاکاروتن در برنج (Dong *et al.*, 2020) و افزایش محتوای گاما آمینو بوتیریک اسید در گوجه (Nonaka *et al.*, 2017) اشاره کرد. اگرچه همه صفات را نمی توان از طریق ویرایش ژنوم به دست آورد و نیاز به رفع برخی چالش های فنی و نظارتی موجود است تا این فناوری بتواند به پتانسیل کامل خود دست یابد، با این حال، ویرایش ژنوم در حال حاضر انقلابی در بهبود محصولات کشاورزی به ویژه غلات ایجاد کرده است و آماده است تا همراه با سایر نوآوری های به نژادی، کشاورزی ایمن تر و مطلوب تری را شکل دهد (Matres *et al.*, 2021).

فناوری های ویرایش ژنوم در گیاهان

ویرایش ژنوم اصطلاحی است برای اشاره به مجموعه ای از تکنیک ها که امکان ایجاد تغییرات دقیق و مشخص در ژن های هدف را فراهم می کنند. به عبارتی ویرایش ژنوم را می توان جهش زایی هدفمند نامید (Brock *et al.*, 2025). پیش از اواسط دهه ی ۱۹۹۰، ابزارهای تغییر ژنتیک عمدتاً وابسته به تکنیک های پرزحمت و

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

وقت‌گیر شامل جهش‌زایی تصادفی، ایجاد تراریختی و هدف‌گیری ژن‌ها با ناقل‌های نوترکیبی همولوگ بودند (Luo et al., 2025). ویرایش ژنوم مبتنی بر نوکلئازهای انگشت‌روی که از اتصال اختصاصی توالی یک پروتئین انگشت‌روی به یک دی‌ان‌ای نوکلئاز تشکیل شده است در سال ۱۹۹۶ معرفی شد (Kim et al., 1996). این فناوری منجر به ایجاد اولین جاندار ویرایش شده ژنومی یعنی مگس سرکه *Drosophila melanogaster* در سال ۲۰۰۲ شد (Bibikova et al., 2002).

اما پیچیدگی‌های فنی، وجود محدودیت در انتخاب جایگاه هدف، هزینه‌های بالا و اثرات فراوان و مشکل‌ساز خارج از هدف مانع از ادامه به کارگیری این روش و گسترش آن توسط جامعه علمی شد (Luo et al., 2025). در سال ۲۰۰۹ نیز پژوهش‌هایی در خصوص افکتورهای شبه فعال‌کننده رونویسی منتشر و منجر به توسعه این روش برای ویرایش ژنوم شد (Boch et al., 2009). این روش با اتصال دامنه اتصال دهنده دی‌ان‌ا در افکتورهای شبه فعال‌کننده رونویسی برای شناسایی هدفمند دی‌ان‌ا و نوکلئاز FokI برای شکافت دی‌ان‌ا مورد استفاده قرار می‌گیرد. اگرچه طراحی و مهندسی نوکلئازهای شبه فعال‌کننده رونویسی با توالی اختصاصی ساده‌تر بوده و بهبود قابل توجهی را در هدف‌گیری جایگاه‌های ژنومی نشان داد اما این روش نیز وابسته به هدایت پروتئین بوده و در نتیجه دچار محدودیت در هدف‌گیری هم‌زمان چندین ناحیه ژنی و دشواری در طراحی‌های سفارشی به دلیل افزایش ناقل‌های مورد نیاز برای مهندسی بود (Luo et al., 2025). با توجه به محدودیت روش‌های وابسته به پروتئین، محققان به دنبال روش‌های ساده‌تر و دقیق‌تری در ویرایش ژنوم بودند. با پیدایش فناوری کریسپر (تکرارهای کوتاه پالیندرومیک خوشه‌ای منظم فاصله‌دار) و سیستم شکافت دی‌ان‌ای وابسته به آرنا تحول جدیدی در این حوزه ایجاد شد

(Zhang et al., 2017). این تکنیک که برگرفته از مکانیسم ایمنی باکتری‌ها است با استفاده از ترکیب پروتئین Cas9 و آرنا‌ی راهنما و با شناسایی توالی‌های PAM به دی‌ان‌ای هدف متصل شده و موجب ایجاد شکست‌های دورشته‌ای می‌شود. در نتیجه این شکست‌ها و مکانیسم‌های ترمیم طبیعی، شامل اتصال انتهای غیر همولوگ (NHEJ) و ترمیم نوترکیبی همولوگی (HDR)، حذف، اضافه و یا جایگزینی‌های نوکلئوتیدها رخ می‌دهد (Permyakova and Deineko, 2024).

ویرایش ژنوم کلاسیک مبتنی بر CRISPR/Cas9 به سیستم ترمیم دی‌ان‌ای درونی سلول برای ترمیم شکست‌های دورشته‌ای ناشی از Cas9 متکی است که عمدتاً از طریق مکانیسم اتصال انتهای غیر همولوگ صورت گرفته و منجر به ایجاد حذف‌ها یا درج‌های کوچک در سلول‌ها می‌شود. از زمان پیدایش این سیستم، ابزارهای مبتنی بر کریسپر غالب شده و استفاده از روش‌های پیشین به میزان قابل توجهی کاهش یافت (Luo et al., 2025). هرچند تکنیک CRISPR/Cas9 به طور گسترده برای توسعه محصولات مطلوب جهت تولید پایدار غذا در کشاورزی مورد استفاده قرار گرفته است (Zaidi et al., 2019)، با این حال نگرانی‌هایی در مورد ویرایش‌های ناخواسته و خارج از هدف در استفاده از این روش وجود دارد. برای غلبه بر این چالش‌ها فناوری‌های ویرایش ژنوم دقیق‌تر و بدون شکست‌های دورشته‌ای مانند ویرایش پایه برای جایگزینی‌های تک نوکلئوتیدی (Komor et al., 2016) و ویرایش آغازین برای جایگزینی‌های بدون دی‌ان‌ای الگو، درج‌ها یا حذف‌ها و تنظیم‌کننده‌های رونویسی توسعه یافته‌اند (Anzalone et al., 2019). ویرایش آغازین گستره وسیع‌تری از انعطاف‌پذیری نسبت به ویرایش پایه را فراهم می‌کند "جدول ۱" و به همین دلیل برای ایجاد تغییرات پیچیده‌تر در ژنوم، کارآمدتر است (Gallo et al., 2025). به

دلیل تطبیق پذیری بیشتر و اثرات خارج از هدف
کاهش یافته، ویرایش آغازین در حال حاضر به یکی
از محورهای اصلی پژوهش در زمینه ویرایش ژنوم
تبدیل شده است و جایگزینی دقیق تر و
انعطاف پذیرتر نسبت به ویرایش پایه سنتی ارائه
می دهد (Gallo *et al.*, 2025).

جدول ۱. مقایسه دو نوع فناوری ویرایش ژنوم، ویرایش پایه و ویرایش آغازین

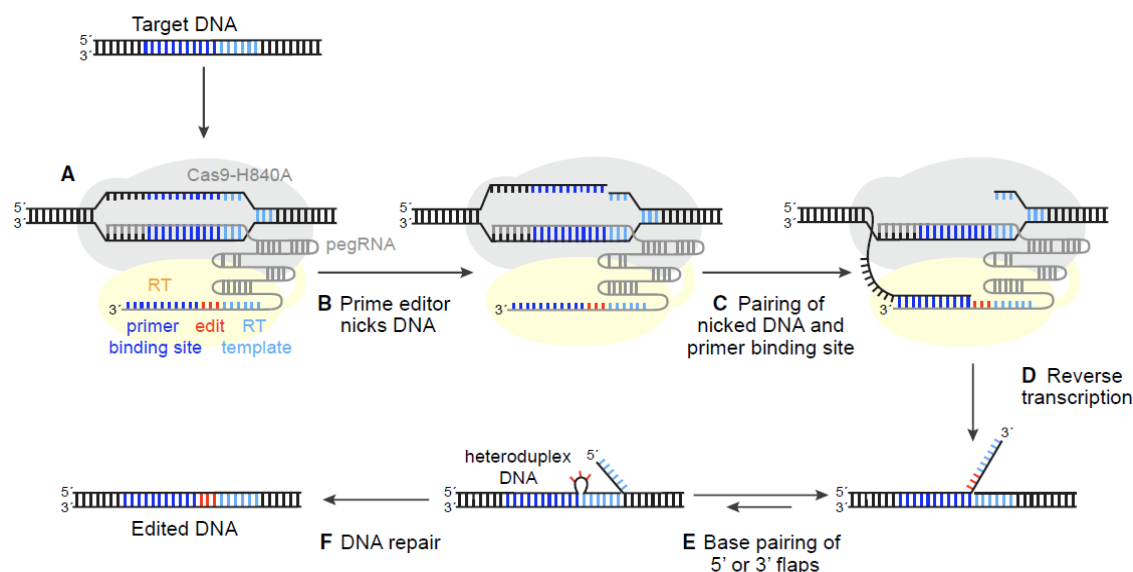
فناوری	ویژگی ها	نقاط قوت	نقاط ضعف	سال معرفی و منبع
ویرایش پایه	امکان ایجاد ۴ نوع جهش جایگزینی نوکلئوتیدی (C→T, G→A, A→G, T→C) استفاده از دامیناز سیتیدین یا آدنین متصل به نیکاز Cas9 بی نیاز از شکست های دورشته ای و الگوهای اهداکننده	دقت بالا در جهش های نقطه ای انتقال موثر و ساده کارآمدی در سیستم های حیوانی و گیاهی	محدود به جایگزینی انتقالی خطر اثرات جانبی و آمین زدایی خارج از هدف غیر موثر برای درج یا حذف قطعات بزرگ	معرفی شده در سال ۲۰۱۶ (Komor <i>et al.</i> , 2016; Gaudelli <i>et al.</i> , 2017; Anzalone <i>et al.</i> , 2019)
ویرایش آغازین	انجام تمام ۱۲ جایگزینی نوکلئوتیدی قابلیت درج یا حذف قطعات کوچک و بزرگ استفاده از نیکاز Cas9 متصل به رونوشت بردار معکوس و آران ای راهنمای ویرایشگر آغازین بی نیاز از شکست های دورشته ای و الگوهای اهداکننده	انعطاف پذیری بسیار بالا (پشتیبانی از انواع جایگزینی، درج و حذف) پایین بودن میزان اثرات جانبی و ویرایش های خارج از هدف دقت بالا بدون نیاز به شکست های دورشته ای و الگوی اهدا کننده قابل استفاده در گونه های مختلف	اندازه ساختاری بزرگ و مکانیسم پیچیده تر نیازمند بهینه سازی برای افزایش کارایی به ویژه در گیاهان محدودیت انتقال در برخی گونه ها	معرفی شده در سال ۲۰۱۹ (Anzalone <i>et al.</i> , 2019; Lin <i>et al.</i> , 2020; Zhong <i>et al.</i> , 2024)

ویرایش آغازین

ویرایش آغازین یکی از فناوری های ویرایش ژنوم است که در سال ۲۰۱۹ معرفی و اعتبارسنجی شد (Anzalone *et al.*, 2019). ویرایشگر آغازین از یک nCas9 (H840A یا D10A) متصل به انتهای آمینی آنزیم رونوشت بردار معکوس (مشتق از ویروس لوسمی مورین مولونی (MMLV)) تشکیل شده است. این مجموعه همراه با یک آران ای راهنمای منفرد (sgRNA) اصلاح شده به نام آران ای راهنمای ویرایشگر آغازین (pegRNA) عمل می کند (Gallo *et al.*, 2025). با اتصال مجموعه nCas9-MMLV به جایگاه هدف در دی ان ا، ساختار حلقه R ایجاد می شود. پس از آن، آنزیم نیکاز رشته غیرهدف را می شکافد تا اتصال آران ای راهنمای ویرایشگر آغازین و آغاز

رونوشت برداری معکوس را تسهیل کند. سپس انتهای ۳' شکسته شده، که دارای گروه هیدروکسیل آزاد است، به ناحیه محل اتصال پرایمر (PBS) در آران ای راهنمای ویرایشگر آغازین متصل می شود. سپس آنزیم رونوشت بردار معکوس با استفاده از انتهای ۳' به عنوان پرایمر، از قسمت ۳' آران ای راهنمای ویرایشگر آغازین به عنوان الگو برای ساخت رشته دی ان ا جدید استفاده می کند. پس از این مرحله، بخش برآمده (فلاپ ۵') برداشته می شود و فلاپ ۳' در جایگاه هدف به دی ان ا متصل می شود و در نهایت یک دی ان ای هترو دوپلکس یا دی ان ای دوگانه ناجور شکل می گیرد "شکل ۱" (Anzalone *et al.*, 2019).

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."



شکل ۱. مکانیسم عملکرد ویرایش آغازین (Yan *et al.*, 2020). A) اتصال مجموعه ویرایشگر آغازین، متشکل از Cas9-H840A متصل به آنزیم رونوشت‌بردار معکوس (RT) و آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین (pegRNA) به دی‌ان‌ای هدف. B) برش تکرشته دی‌ان‌ا توسط دامنه نوکلئازی Cas9-H840A. C) اتصال رشته برش خورده دی‌ان‌ا به محل اتصال پرایمر (Primer binding site) در انتهای ۳' آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین. D) طویل شدن رشته برش خورده دی‌ان‌ا توسط آنزیم رونوشت‌بردار معکوس. E) رقابت بین رشته طویل شده توسط آنزیم رونوشت‌بردار معکوس (flap'3) و رشته اصلی برش خورده (flap'5) برای اتصال به دی‌ان‌ای هدف. F) ترمیم دی‌ان‌ا و تبدیل دی‌ان‌ای دوگانه ناجور (heteroduplex DNA) به دی‌ان‌ای ویرایش شده

مورد نیاز، از تغییر یک باز نوکلئوتیدی منفرد تا تغییرات پیچیده‌تر (درج، حذف، تغییرات چند نوکلئوتیدی و غیره)، استفاده کرد. تلاش‌های اولیه برای به‌کارگیری ویرایش آغازین در گیاهان، بازدهی پایینی (غالباً زیر ۱٪ و به ندرت بالای ۱۰٪) نشان می‌داد (Li *et al.*, 2020; Lin *et al.*, 2020).

در سال‌های اخیر پیشرفت‌های متعددی منتشر شد که امکان دست‌یابی گیاه‌شناسان به نرخ‌های نزدیک به مقادیر به دست آمده در سیستم‌های حیوانی را فراهم کرده است. این پیشرفت‌ها همچنین به بهبود عملکرد اختصاصی این فناوری در ایجاد ال‌های مورد نظر و کاهش یا حذف ال‌های ناخواسته کمک کردند (Gallo *et al.*, 2025). با بهینه‌سازی مداوم کارایی ویرایش آغازین در گیاهان، به احتمال زیاد این سیستم به ابزار برگزیده، هم برای جهش‌زایی هدفمند در

در نسخه‌های اولیه ویرایشگرهای آغازین، مانند PE1 و PE2 هتروdupلکس به طور خودبه‌خودی توسط مسیر ترمیم عدم جفت‌شدگی ممکن است یا تثبیت شود و یا به توالی اولیه بازگردد. در نسخه PE3، از یک راهنمای دوم و کلاسیک استفاده می‌شود تا رشته هدف در فاصله‌ای کوتاه از جهش‌های معرفی شده شکسته شود و بدین ترتیب، جهش هدفمند توسط مسیر ترمیم عدم جفت‌شدگی تثبیت می‌شود. بدین ترتیب کارایی تثبیت جهش مورد نظر به طور قابل توجهی افزایش می‌یابد (Anzalone *et al.*, 2019; Gallo *et al.*, 2025). این فناوری نشان‌دهنده پیشرفتی بزرگ نسبت به فناوری کریسپر پایه است و دقتی فراتر از ابزارهای سنتی ویرایش ژنوم ارائه می‌دهد (Gallo *et al.*, 2025). از نظر تئوری، می‌توان از ویرایش آغازین برای معرفی تقریباً هرگونه جهش

مکان‌های شناخته‌شده و هم برای ایجاد جهش‌های جدید در مکان‌های ناشناخته، تبدیل خواهد شد (Tingting *et al.*, 2023).

کاربردهای ویرایش آغازین در گیاهان

با توجه به اهمیت برنج، گندم و ذرت به عنوان محصولات غذایی اصلی، افزایش عملکرد پایدار این گیاهان در تامین و حفظ امنیت غذایی در سطح جهانی از ارزش بالایی برخوردار است. از همین رو، مطالعات با هدف بهبود عملکرد افزایش مقاومت این گیاهان در برابر عوامل بیماری‌زای گیاهی از طریق فناوری‌های به‌نژادی ژنتیکی نیز مورد توجه پژوهشگران قرار دارد (Matres *et al.*, 2021; Huang and Liu, 2023). مطالعات نشان داده‌اند که ویرایش آغازین (پرایم ادیتینگ ۲ و ۳) در برنج و گندم کارایی قابل قبولی دارند (Lin *et al.*, 2020). به طور مشابه، سیستم ویرایش آغازین بهبود یافته برای گیاهان (enpPE2) نیز به طور موثر در گیاهان عمل می‌کند و امکان ایجاد تغییرات دقیق و وراثت‌پذیر در چندین ژن را فراهم می‌آورد. این ویژگی، ویرایش آغازین را به ابزاری ارزشمند برای بهبود صفات محصولات زراعی از طریق تغییرات ژنومی هدفمند تبدیل می‌کند (Li *et al.*, 2022). کارایی ویرایش آغازین بهبود یافته برای گیاهان در برنج، بسته به محل هدف، از ۰ تا ۳۱ درصد متغیر بوده است (Xu *et al.*, 2020). امروزه بازدهی این روش با طراحی‌های کارآمدتر آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین و همچنین استفاده از سیستم‌های بهبود یافته ویرایش آغازین، در محل‌های ژنی بیشتری افزایش یافته است (Zhong *et al.*, 2024). سایر ویژگی‌های مفید ویرایش آغازین بهبود یافته برای گیاهان، که برای اهداف خاص در نسل صفر برنج تا حدود ۷۰ درصد گزارش شده است، شامل جایگزینی پروموتور، اصلاحات آنزیم رونوشت‌بردار معکوس و افزایش پایداری آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین است.

(Lin *et al.*, 2020). طی پژوهشی محققان دریافتند با حذف دامنه RNase H آنزیم رونوشت‌بردار معکوس و افزودن پروتئین نوکلئوکسید ویروسی بازده ویرایش آغازین در گیاهان به طور قابل توجهی افزایش می‌یابد. ترکیب این دو رویکرد منجر به بهبود کارایی انواع جانمایی‌های نوکلئوتیدی، حذف‌های تا ۹۰ جفت باز و درج‌های تا ۳۴ جفت باز در برنج و گندم می‌شود. این ویرایشگر مهندسی شده همچنین می‌تواند تولید گیاهان برنج مقاوم به علف‌کش‌های نوع سولفونیل اوره و ایمیدازولینون را تسهیل نماید (Zong *et al.*, 2022). در تلاشی دیگر، پژوهشگران دانشگاه کشاورزی چین با جهش‌زایی آنزیم رونوشت‌بردار معکوس و مهندسی ساختار پروتئین ویرایشگر آغازین، موفق به ویرایش همزمان ده ژن در پروتوپلاست‌های گندم و هشت ژن در گندم‌های تراریخته شده‌اند (Ni *et al.*, 2023).

مطالعات اخیر گزارش داده‌اند که ویرایشگرهای آغازین گیاهی بهینه شده‌ای وجود دارند که قادر به دستیابی به بازدهی بیش از ۲۰ درصد برای تغییر چند نوکلئوتیدی و درج نشانگرهای کوچک در برنج، با کمترین تشکیل توالی‌های حذف و اضافه ناخواسته هستند (Li *et al.*, 2023; Zhong *et al.*, 2024). در پژوهشی با بهینه‌سازی بیان آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین کارایی ویرایش ژن رمزگذار آنزیم استولاکتات سینتاز (ALS) در سلول‌های ذرت بهبود یافت (Jiang *et al.*, 2020). به منظور تولید لاین‌های ذرت مقاوم به علف‌کش حاوی جهش P165S یا جهش مضاعف W542L/S621I در ژن‌های *ZmALS1* و *ZmALS2*، یک سیستم ویرایش آغازین حاوی دو نوع آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین برای هدف قرار دادن همزمان *ZmALS1* و *ZmALS2* طراحی شد تا جهش‌های مضاعف ایجاد شود. نتایج نشان داد که به ترتیب ۵۳/۲ درصد و ۶/۵ درصد از لاین‌های

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

توالی‌های تنظیمی را تغییر دهد. این امر مسیرهای جدیدی را برای تنظیم دقیق الگوهای بیان ژن، افزایش بهره‌وری و کیفیت محصولات کشاورزی و توسعه گیاهانی با تحمل تنش بهبودیافته فراهم می‌کند (Vu *et al.*, 2024). یکی از مزایای اصلی ویرایش آغازین، توانایی آن در ایجاد تغییرات دقیق تقریباً در هر مکانی، از جمله مکان‌هایی است که تغییر آنها با ویرایشگرهای پایه یا سیستم‌های معمول CRISPR/Cas9 دشوار است. این فناوری به ویژه برای مهندسی واریت‌های آلی و تصحیح جهش‌های نقطه‌ای مضر بدون افزودن توالی‌های خارجی، مفید بوده است (Nayagam, 2025). با این حال، کارایی نسبتاً پایین این فناوری در گیاهان، کاربرد آن را در بیوتکنولوژی گیاهی و کشاورزی محدود می‌کند. بنابراین، توسعه یک سیستم ویرایش ژنومی آغازین کارآمد نیاز فوری است. این امر نشان می‌دهد که بهینه‌سازی بیشتر این فناوری برای ویرایش گیاهان مورد نیاز است که شامل تکامل ساختاری افکتورها، بهینه‌سازی آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین و بازطراحی سیستم آن است (Huang and Liu, 2023).

مزیت‌های ویرایش آغازین از منظر ایمنی‌زیستی
فناوری‌های جدید به‌نژادی که بر پایه ویرایش ژنوم هستند و امکان تغییر همزمان چندین جایگاه ژنتیکی را در ارقام برتر فراهم می‌کنند، روند بهبود محصولات را سرعت بخشیده و امنیت غذایی جهان را تقویت می‌کنند (Yin *et al.*, 2017). فناوری‌های ویرایش ژنوم برخلاف فناوری تولید محصولات تراریخته، تغییراتی را ایجاد می‌کنند که به شکل طبیعی و یا با روش‌های سنتی به‌نژادی ایجاد می‌شوند (Duensing *et al.*, 2018). بر همین اساس می‌توان گفت به طور کلی فناوری‌های ویرایش ژنوم به دلیل حفظ ساختار اصلی ژنومی پس از ویرایش، تکنولوژی‌های ایمنی برای بهبود محصولات زراعی محسوب می‌شوند (Kamburova *et al.*, 2017; Friedrichs *et al.*, 2019). با وجود این درک کلی،

تراریخته حامل جهش‌های S621I و W542L در ژن‌های *ZmALS1* و *ZmALS2* بودند و در مقایسه با برنج، کارایی ویرایش بالاتری نشان دادند (Huang and Liu, 2023). نمونه‌ای از به کارگیری ویرایش آغازین در گیاهان دولپه‌ای، در گیاه گوجه صورت گرفته است. ویرایشگر آغازین اصلاح‌شده به نام pCXPE03 با استفاده از پروموتور RPS5A گوجه‌فرنگی برای بیان MMLV بهینه‌شده از نظر کدون گیاهی (pMMLV) و پروموتور U6 آرآیدوپسیس برای بیان آران‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین و آران‌ای راهنمای منفرد، تغییرات دقیق ژنومی را در سه ژن (*PDS1*، *ALS2*، *GAI*) گیاه گوجه‌فرنگی ممکن ساخت (Lu *et al.*, 2021). در پژوهشی دیگر که روی گیاه سیب زمینی تتراپلوئید انجام شده است نیز کارایی ویرایش آغازین با عدم وجود جهش‌زایی‌های خارج از هدف به اثبات رسیده است (Perroud *et al.*, 2022).

مجموعه مطالعات انجام شده در این زمینه نشان می‌دهد که فناوری ویرایش ژنوم آغازین دارای چشم‌انداز کاربرد گسترده‌ای در گیاهان است (Vu *et al.*, 2024). ویرایش آغازین در گیاهان روشی دقیق و کارآمد برای ایجاد تغییرات خاص در دی‌ان‌ا از جمله انواع تبدیل بازها، درج یا حذف توالی‌های دی‌ان‌ا، جایگزینی‌ها و ادغام دقیق توالی دی‌ان‌ا در ژنوم گیاه است (Gao 2021; Sun *et al.*, 2024). علاوه بر ایجاد تغییرات نوکلئوتیدی، از ویرایشگر آغازین می‌توان برای جهش‌زایی هدفمند درون گیاهی (Xu *et al.*, 2021) و تنظیم ژن اختصاصی جایگاه در گیاهان استفاده کرد (Shi *et al.*, 2023). همچنین، با وارد کردن دقیق جهش‌های طراحی‌شده (شناخته‌شده) به نواحی تنظیمی غیررمزشونده، عناصر پروموتوری یا چارچوب‌های خوانش باز بالادست (Liu *et al.*, 2021; Tang and Zhang, 2023) می‌تواند، مشابه آنچه در سیستم CRISPR/Cas9 رخ می‌دهد، سطوح بیان ژن را تعدیل کرده و یا

نگرانی‌هایی نیز درباره ایمنی‌زیستی محصولات ایجاد شده با استفاده از این روش‌ها وجود دارد. اصلی‌ترین چالش مرتبط با ایمنی‌زیستی در استفاده از فناوری ویرایش ژنوم نگرانی ناشی از ایجاد تغییرات ژنتیکی ناخواسته در گیاهان به دلیل جهش‌های خارج از هدف است (Liang et al., 2019; pineda et al., 2018; al., 2018). در همین راستا تلاش‌های قابل توجهی برای به حداقل رساندن اثرات خارج از هدف این فناوری‌ها انجام شد و طراحی و توسعه ویرایش‌های پایه و آغازین نیز در راستای دستیابی به این اهداف بوده است (Shimatani et al., 2017; El-Mounadi et al., 2020). برهمین اساس آنزالون و همکاران (۲۰۱۹) بیان داشتند سه مرحله در فناوری ویرایش آغازین سبب کاهش اثرات خارج از هدف ناشی از این ویرایش می‌شود. این سه مرحله شامل این موارد است: مکمل بودن و یا تطابق توالی فاصله‌انداز در مولکول آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین با دی‌ان‌ای هدف که امکان اتصال دامنه Cas9 را فراهم می‌کند. مکمل بودن ناحیه اتصال پرایمر در آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین با دی‌ان‌ای هدف برای آغاز رونویسی معکوس و مکمل بودن محصول رونویسی معکوس با دی‌ان‌ای هدف برای تکمیل و ترمیم فلاپ نوکلئوتیدی است.

در راستای اثبات این فرضیه مبنی بر تاثیر سه مرحله مذکور در کاهش میزان اثرات خارج از هدف ویرایش آغازین و جهت ارزیابی اثرات خارج از هدف ویرایش آغازین نسبت به Cas9، پژوهشی با استفاده از سلول‌های HEK293T و فناوری‌های ویرایش آغازین (نسخه‌های ۱ و ۲)، Cas9 و ۱۶ نوع آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین که ۴ جایگاه ژنومی را هدف قرار می‌دهند و هریک حداقل ۴ جایگاه خارج از هدف شناخته شده برای Cas9 (توالی‌هایی که مطالعات قبلی نشان داده‌اند در صورت استفاده از Cas9 احتمال ویرایش‌های خارج از هدف یا ناخواسته در آن‌ها بسیار زیاد

است) دارند، صورت گرفت (Tsai et al., 2015; Kleinstiver et al., 2016; Anzalone et al., 2019). مقایسه میان نتایج حاصل از کاربرد هریک از این سه روش شامل، استفاده از Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای منفرد (Cas9+ sgRNA)، Cas9 همراه با ۱۶ نوع آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین (Cas9+ pegRNA) و استفاده از سیستم ویرایشگر آغازین، انجام شد. استفاده از Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای منفرد، منجر به ایجاد اثرات خارج از هدف در ۴ جایگاه شناخته شده EMX1، HEK3، HEK4 و FANCF با ترتیب میانگین فراوانی $48 \pm 28\%$ ، $16 \pm 16\%$ ، $26 \pm 60\%$ و $3 \pm 5.6\%$ شد. استفاده از Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین، اثرات درون هدف را به میزان مشابه با Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای منفرد و اثرات خارج از هدف را به میزان $4/4\%$ کمتر از Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای منفرد نشان داد. استفاده از ویرایش آغازین تنها در ۳ مورد از ۱۶ جایگاه، اثر خارج از هدف نشان داد. تنها در یک مورد از آن‌ها کارایی ویرایش خارج از هدف بیش‌تر و یا برابر با ۱٪ بوده است. میانگین ویرایش خارج از هدف با استفاده از ویرایش آغازین در همان ۴ جایگاه (EMX1، HEK3، HEK4 و FANCF) به ترتیب $16 \pm 0\%$ ، $11 \pm 0\%$ ، $2 \pm 5.2\%$ و $13 \pm 0\%$ بوده است. همچنین در جایگاه HEK4، کارایی اثر خارج از هدف حاصل از کاربرد Cas9 همراه با آر‌ان‌ای راهنمای ویرایشگر آغازین، برابر با ۹۷٪ و کارایی اثر خارج از هدف حاصل از ویرایش آغازین تنها برابر با ۲٪ بوده است. نتایج حاصل از این پژوهش فرضیه محققان آن را مبنی بر تاثیر سه شرط مکملی فناوری ویرایش آغازین بر کاهش اثرات خارج از هدف در جایگاه‌های خارج از هدف شناخته شده توسط Cas9 به اثبات رساند (Anzalone et al., 2019). این در حالی است که در سیستم سنتی ویرایش ژن CRISPR-Cas، تنها شرط لازم برای انجام ویرایش، هیبرید شدن یا جفت‌شدگی بین دی‌ان‌ای هدف و بخش شناساگر

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

آران‌ای راهنمای منفرد است، که این امر به طور قابل توجهی احتمال وقوع ویرایش خارج‌هدف را افزایش می‌دهد (Jiang and Doudna, 2017; Chen *et al.*, 2020). همچنین مطالعات نشان داده است که در پژوهش‌های صورت گرفته روی گیاهان برنج، گندم و سیب‌زمینی تتراپلوئید هیچ ویرایش غیر قابل پیش‌بینی و خارج از هدف مشاهده نشده است (Hua *et al.*, 2020; Lin *et al.*, 2020; Lin *et al.*, 2021; Perroud *et al.*, 2022; Gupta *et al.*, 2023). بنابراین می‌توان گفت فناوری ویرایش آغازین در مقایسه با Cas9 در جایگاه‌های خارج از هدف شناخته‌شده Cas9، فعالیت خارج از هدف بسیار کمتری دارد، محصولات جانبی بسیار کمتری تولید می‌کند و کارایی آن نسبت به ترمیم همولوگ‌محور ناشی از Cas9 بالاتر یا مشابه است. همچنین این فناوری بر اساس هدف و موضوع استفاده در مقایسه با ویرایشگرهای پایه دارای نقاط قوت و ضعف است (Lin *et al.*, 2020). ویرایش آغازین با امکان انجام درج‌ها، حذف‌ها و هر ۱۲ نوع ممکن از جهش‌های نقطه‌ای به صورت دقیق و هدفمند، بدون نیاز به شکست‌های دو رشته‌ای یا الگوهای دی‌ان‌ا دهنده، این پتانسیل را دارد که مطالعه و تصحیح اکثریت قریب‌به‌اتفاق آلل‌های بیماری‌زا را متحول کند (Tingting *et al.*, 2023).

محدودیت‌ها و چشم‌انداز آینده

فناوری ویرایش آغازین در گیاهان، به عنوان یک فناوری نوظهور هنوز در مراحل اولیه خود قرار دارد. بیشتر مطالعات انجام‌شده در گیاهان کارایی بسیار پایین‌تری را نسبت به سلول‌های حیوانی گزارش کرده‌اند (Anzalone *et al.*, 2019; Lin *et al.*, 2020). همچنین تنوع بسیار زیادی در کارایی بر اساس مکان‌های مختلف هدف وجود دارد، به طوری که کارایی ویرایش در برنج ۲۱/۸٪ و در گوجه ۱/۶۶-۰/۲۵٪ بوده است (Lin *et al.*, 2020).

Lu *et al.*, 2021). سوی دیگر کاربرد ویرایش آغازین در محصولات پلی‌پلوئید مانند گندم فراوانی کمتری از سلول‌های ویرایش‌شده را نسبت به محصولات دیپلوئید مانند برنج نشان می‌دهند، که این امر نشان دهنده نیاز به بهینه‌سازی کاربرد ویرایش آغازین در سیستم‌های پلی‌پلوئیدی است (Lin *et al.*, 2020). ویرایش آغازین در گیاهان هنوز با محدودیت‌هایی مواجه است و نیاز به بهینه‌سازی بیشتر برای غلبه بر برخی محدودیت‌ها وجود دارد (Anzalone *et al.*, 2019; Lin *et al.*, 2020). به طور خاص، به دلیل محدودیت‌های توالی‌های PAM، برخی مکان‌ها قابل ویرایش نیستند. برای رفع این مشکل، می‌توان اجزای سیستم ویرایشگر آغازین را بیشتر بهبود بخشید. علاوه بر این، بررسی واریانت‌های کاربردی‌تر nCas9 می‌تواند به گسترش دامنه ویرایش فراتر از محدودیت‌های فعلی PAM کمک کند (Cebrian-Serrano and Davies, 2017). این فناوری همچنین در تولید گیاهان هموزیگوت نسل اول کارایی پایینی دارد. این امر نه تنها زمان به‌نژادی را طولانی می‌کند، بلکه کاربرد آن را در به‌نژادی گیاهان مانند برنج هیبرید یا به‌نژادی پلی‌پلوئید محدود می‌سازد. بنابراین، نیاز به بهبود بیشتر کارایی این فناوری وجود دارد (Perroud *et al.*, 2022; Tingting *et al.*, 2023). توسعه مستمر سیستم‌های ویرایش آغازین، که ناشی از پیشرفت‌ها در تحقیقات مرتبط با کاربرد این فناوری در پستانداران (Nelson *et al.*, 2022; Zong *et al.*, 2023) و گیاهان (Sun *et al.*, 2024) است و توسعه سیستم‌های نوآورانه ویرایش آغازین مانند جدیدترین انواع آن (PE6) (Doman *et al.*, 2023) سبب می‌شود دامنه وسیع‌تری از راه‌حل‌ها برای غلبه بر محدودیت‌های این فناوری در گیاهان فراهم شود (Vu *et al.*, 2024). بنابراین علی‌رغم انبوه چالش‌ها، ویرایش آغازین این پتانسیل را دارد

بهره‌مندی از فناوری‌های جدید را ضروری ساخته است. با ظهور هر فناوری، چالش‌ها و نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در خصوص نتایج حاصل از کاربرد آن نیز بروز و ظهور می‌یابد. از این رو، محققان همواره به دنبال روش‌هایی با کارایی بالا و نگرانی‌های ایمنی‌زیستی کمتر بوده‌اند. فناوری ویرایش آغازین با توجه به عدم نیاز به ایجاد شکست‌های دورشته‌ای، اثرات خارج از هدف کمتر نسبت به کریسپر و توانمندی آن در ایجاد انواع جهش‌ها و جایگزینی‌ها گامی بزرگ به سمت ویرایش ژنوم ایمن‌تر و قابل پیش‌بینی‌تر محسوب می‌شود. با این حال، کاربرد فعلی این فناوری در گیاهان با چالش‌های مهمی از جمله کارایی پایین و محدودیت در ویرایش برخی مکان‌ها به دلیل محدودیت توالی‌های PAM مواجه است. بنابراین، توسعه سیستم‌های کارآمدتر ویرایش آغازین و بهینه‌سازی این فناوری برای غلبه بر محدودیت‌ها از پیش‌نیازهای اساسی برای انتقال موفق این فناوری به برنامه‌های عملی به‌نژادی دقیق در گیاهان است. تحقق این امر ضمن حفظ ملاحظات ایمنی‌زیستی، افق جدیدی در تولید محصولات زراعی مقاوم و پایدار خواهد گشود.

که جایگاه پیشرو را در تحقیقات پایه ژنومیک گیاهی و برنامه‌های بهبود محصولات کشاورزی به دست آورد (Vats et al., 2024). ویرایش آغازین در آینده، به عنوان یک فناوری ویرایش ژنوم دقیق و قدرتمند، می‌تواند برای بهبود محصولات کشاورزی به‌طور دقیق و بدون تأثیرگذاری بر سایر صفات مطلوب آنها استفاده شود. در عین حال، می‌توان ژن‌های متعدد را به‌طور همزمان و با دقت از طریق به‌نژادی مولکولی با استفاده از این فناوری ویرایش کرد و بدین ترتیب صفات مطلوب چندگانه را به‌طور کارآمد تجمیع نمود. مهم‌تر از همه، ویرایش آغازین می‌تواند ژن‌های کلیدی را برای صفات مهم مختلف در محصولات کشاورزی هدف قرار دهد، ژنوتیپ‌های آلی برتر را شناسایی کند، و منابع ژرم پلاسما محصولات را غنی سازد. این امر به‌نژادی دقیق مولکولی محصولات را تسهیل کرده و زیست‌شناسی مصنوعی گیاهی را پیش می‌برد (Tingting et al., 2023). به اعتقاد محققان با بهبود این فناوری، سیستم ویرایش آغازین یک رویکرد ویرایش ژنوم کارآمد، تطبیق‌پذیر و انعطاف‌پذیر برای تحقیقات گیاهی و بهبود محصولات کشاورزی فراهم خواهد کرد (Xu et al., 2020).

نتیجه‌گیری

چالش‌های موجود در عرصه کشاورزی، تامین غذا و امنیت غذایی، همراه با محدودیت روش‌های سنتی،

منابع

- Ahmad S, Wei X, Sheng Z, Hu P, Tang S. (2020) CRISPR/Cas9 for development of disease resistance in plants: recent progress, limitations and future prospects. *Briefings in Functional Genomics*. 19(1): 26-39. <https://doi.org/10.1093/bfpg/elz041>.
- Alalwani AK, AL-Jaf IH, Abed BM, Latif SA, Ahmed MM. (2024) Biosafety and environmental risks of genetically modified plants: A review. *Journal of University of Anbar for Pure Science*. 18(1). <https://doi.org/10.37652/juaps.2023.144248.1154>.
- Alemzadeh A. (2024) A survey of global adoption of transgenic plants: Past, present, and future. *Journal of Biosafety*. 17(2): 50-72. <https://doi.org/10.1001.1.27170632.1403.17.2.3.3>. [In Persian]
- Anzalone AV, Randolph PB, Davis JR, Sousa AA, Koblan LW, Levy JM, Chen PJ, Wilson C, Newby GA, Raguram A, Liu DR. (2019) Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature*. 576(7785): 149-157. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1711-4>.

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

- Anzalone AV, Koblan LW, Liu DR. (2020) Genome editing with CRISPR–Cas nucleases, base editors, transposases and prime editors. *Nature Biotechnology*. 38: 824–844. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0561-9>.
- Bibikova M, Golic M, Golic KG, Carroll D. (2002) Targeted chromosomal cleavage and mutagenesis in *Drosophila* using zinc-finger nucleases. *Genetics*. 161(3): 1169-1175. <https://doi.org/10.1093/genetics/161.3.1169>.
- Boch J, Scholze H, Schornack S, Landgraf A, Hahn S, Kay S, Lahaye T, Nickstadt A, Bonas U. (2009) Breaking the code of DNA binding specificity of TAL-type III effectors. *Science*. 326(5959): 1509-1512. <https://doi.org/10.1126/science.1178811>.
- Bortesi L, Zhu C, Zischewski J, Perez L, Bassié L, Nadi R, Forni G, Lade SB, Soto E, Jin X, Medina V, Villobina G, Muñoz P, Farré G, Fischer R, Twyman RM, Capell T, Christou P, Schillberg S. (2016) Patterns of CRISPR/Cas9 activity in plants, animals and microbes. *Plant Biotechnology Journal*. 14(12): 2203-2216. <https://doi.org/10.1111/pbi.12634>.
- Brock N, Kaur N, Halford NG. (2025) Advances in genome editing in plants within an evolving regulatory landscape, with a focus on its application in wheat breeding. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*. 34(3): 599-614. <https://doi.org/10.1007/s13562-025-00981-w>.
- Butler NM, Baltes NJ, Voytas DF, Douches DS. (2016) Geminivirus mediated genome editing in potato (*Solanum tuberosum* L.) using sequence-specific nucleases. *Frontiers in Plant Science*. 7: 1045. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01045>.
- Cebrian-Serrano A, Davies B. (2017) CRISPR-Cas orthologues and variants: optimizing the repertoire, specificity and delivery of genome engineering tools. *Mammalian Genome*. 28: 247–261. <https://doi.org/10.1007/s00335-017-9697-4>.
- Chen S, Yao Y, Zhang Y, Fan G. (2020) CRISPR system: Discovery, development and off-target detection. *Cellular Signalling*. 70: 109577. <https://doi.org/10.1016/j.cellsig.2020.109577>.
- D'Halluin K, Vanderstraeten C, Van Hulle J, Rosolowska J, Van Den Brande I, D'Hont PA, Bossut M, Jantz D, Ruiter R, Broadhvest J. (2013) Targeted molecular trait stacking in cotton through targeted double-strand break induction. *Plant Biotechnology Journal*. 11: 933–941. <https://doi.org/10.1111/pbi.12085>.
- Doman JL, Pandey S, Neugebauer ME, An M, Davis JR, Randolph PB, Liu DR. (2023) Phage-assisted evolution and protein engineering yield compact, efficient prime editors. *Cell*. 186(18): 3983-4002. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.07.039>.
- Dong OX, Yu S, Jain R, Zhang N, Duong PQ, Butler C, Li Y, Lipzen A, Martin JA, Barry KW, Schmutz J, Tian L, Ronald PC. (2020) Marker-free carotenoid-enriched rice generated through targeted gene insertion using CRISPR-Cas9. *Nature Communications*. 11: 1178. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-14981-y>.
- Duensing N, Sprink T, Parrott WA, Fedorova M, Lema MA, Wolt JD, Bartsch D. (2018) Novel features and considerations for ERA and regulation of crops produced by genome editing. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 6: 79. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2018.00079>.
- El-Mounadi K, Morales-Florian ML, Garcia-Ruiz H. (2020) Principles, applications, and biosafety of plant genome editing using CRISPR-Cas9. *Frontiers in Plant science*. 11: 56. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00056>.
- Friedrichs S, Takasu Y, Kearns P, Dagallier B, Oshima R, Schofield J, Moreddu C. (2019) Meeting report of the OECD conference on “genome editing: applications in agriculture—implications for health, environment and regulation”. *Transgenic Research*. 28: 419–463. <https://doi.org/10.1007/s11248-019-00154-1>.
- Gallo D, Meunier AC, Périn C. (2025) A long journey towards genome editing technologies in plants: A technical and critical review of genome editing technologies. *Frontiers in Genome Editing*. 7: 1663352. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2025.1663352>.
- Gao C. (2021) Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*. 184(6): 1621-

1635. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.005>.

Gaudelli NM, Komor AC, Rees HA, Packer MS, Badran AH, Bryson DI, Liu DR. (2017) Programmable base editing of A•T to G•C in genomic DNA without DNA cleavage. *Nature*. 551(7681): 464-471. <https://doi.org/10.1038/nature24644>.

Gelvin SB. (2018) *Agrobacterium* biology: From basic science to biotechnology; current topics in microbiology and immunology. Springer, Switzerland. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-03257-9>.

Georges F, Ray H. (2017) Genome editing of crops: a renewed opportunity for food security. *GM Crops Food*. 8: 1–12. <https://doi.org/10.1080/21645698.2016.1270489>.

Gupta A, Liu B, Chen Q, Yang B. (2023) High-efficiency prime editing enables new strategies for broad-spectrum resistance to bacterial blight of rice. *Plant Biotechnology Journal*. 21(7): 1454-1464. <https://doi.org/10.1111/pbi.14049>.

Hassan MM, Yuan G, Chen JG, Tuskan GA, Yang X. (2020) Prime editing technology and its prospects for future applications in plant biology research. *BioDesign Research*. 20: 1-14. <https://doi.org/10.34133/2020/9350905>.

Hua K, Jiang Y, Tao X, Zhu JK. (2020) Precision genome engineering in rice using prime editing system. *Plant Biotechnology Journal*. 18(11): 2167. <https://doi.org/10.1111/pbi.13395>.

Hua K, Han P, Zhu JK. (2022) Improvement of base editors and prime editors advances precision genome engineering in plants. *Plant Physiology*. 188(4): 1795-1810. <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab591>.

Huang Z, Liu G. (2023) Current advancement in the application of prime editing. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 11: 1039315. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2023.1039315>.

Ji X, Zhang H, Zhang Y, Wang Y, Gao C. (2015) Establishing a CRISPR–Cas-like immune system conferring DNA virus resistance in plants. *Nature Plants*. 1: 1–4. <https://doi.org/10.1038/nplants.2015.144>.

Jiang F, Doudna JA. (2017) CRISPR–Cas9 structures and mechanisms. *Annual Review of Biophysics*. 46: 505-529. <https://doi.org/10.1146/annurev-biophys-062215-010822>.

Jiang YY, Chai YP, Lu MH, Han XL, Lin Q, Zhang Y, Zhang Q, Zhou Y, Wang XC, Gao C, Chen QJ. (2020) Prime editing efficiently generates W542L and S621I double mutations in two ALS genes in maize. *Genome Biology*. 21(1): 257. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02170-5>.

Kamburova VS, Nikitina EV, Shermatov SE, Buriev ZT, Kumpatla SP, Emani C, Abdurakhmonov IY. (2017) Genome editing in plants: an overview of tools and applications. *International Journal of Agronomy*. 20(1): 7315351. <https://doi.org/10.1155/2017/7315351>.

Kim YG, Cha J, Chandrasegaran S. (1996) Hybrid restriction enzymes: zinc finger fusions to Fok I cleavage domain. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 93(3): 1156-1160. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.3.1156>.

Kleinstiver BP, Pattanayak V, Prew MS, Tsai SQ, Nguyen NT, Zheng Z, Joung JK. (2016) High-fidelity CRISPR–Cas9 nucleases with no detectable genome-wide off-target effects. *Nature*. 529(7587): 490-495. <https://doi.org/10.1038/nature16526>.

Komor AC, Kim YB, Packer MS, Zuris JA, Liu DR. (2016) Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage. *Nature*. 533(7603): 420-424. <https://doi.org/10.1038/nature17946>.

Lassoued R, Macall DM, Hesseln H, Phillips PW, Smyth SJ. (2019) Benefits of genome-edited crops: expert opinion. *Transgenic Research*. 28(2): 247-256. <https://doi.org/10.1007/s11248-019-00118-5>.

Lazzarotto CR, Malinin NL, Li Y, Zhang R, Yang Y, Lee G, Cowley E, He Y, Lan X, Jividen K, Katta V, Kolmakova NG, Petersen CT, Qi Q, Strelcov E, Maragh S, Krencicute G, Ma J, Cheng Y, Tsai SQ. (2020) CHANGE-Seq reveals genetic and epigenetic effects on CRISPR–Cas9 genome-wide activity. *Nature Biotechnology*. 38: 1317–1327. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0555-7>.

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

- Li Z, Liu ZB, Xing A, Moon BP, Koellhoffer JP, Huang L, Ward RT, Clifton E, Falco SC, Cigan AM. (2015) Cas9-guide RNA directed genome editing in soybean. *Plant Physiology*. 169: 960–970. <https://doi.org/10.1104/pp.15.00783>.
- Li H, Li J, Chen J, Yan L, Xia L. (2020) Precise modifications of both exogenous and endogenous genes in rice by prime editing. *Molecular Plant*. 13: 671–674. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.03.011>.
- Li J, Chen L, Liang J, Xu R, Jiang Y, Li Y, Ding J, Li M, Qin R, Wei P. (2022) Development of a highly efficient prime editor 2 system in plants. *Genome Biology*. 23: 161. <https://doi.org/10.1186/s13059-022-02730-x>.
- Li J, Ding J, Zhu J, Xu R, Gu D, Liu X, Liang J, Qiu C, Wang H, Li M, Qin R, Wei P. (2023) Prime editing-mediated precise knockin of protein tag sequences in the rice genome. *Plant Communications*. 4: 100572. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2023.100572>.
- Liang Z, Chen K, Zhang Y, Liu J, Yin K, Qiu JL, Gao C. (2018) Genome editing of bread wheat using biolistic delivery of CRISPR/Cas9 in vitro transcripts or ribonucleoproteins. *Nature Protocols*. 13: 413–430. <https://doi.org/10.1038/nprot.2017.145>.
- Lin Q, Zong Y, Xue C, Wang S, Jin S, Zhu Z, Wang Y, Anzalone AV, Raguram A, Doman JL, Liu DR, Gao C. (2020) Prime genome editing in rice and wheat. *Nature Biotechnology*. 38(5): 582–585. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0455-x>.
- Lin Q, Jin S, Zong Y, Yu H, Zhu Z, Liu G, Gao C. (2021) High-efficiency prime editing with optimized, paired pegRNAs in plants. *Nature Biotechnology*. 39(8): 923–927. <https://doi.org/10.1038/s41587-021-00868-w>.
- Liu L, Gallagher J, Arevalo ED, Chen R, Skopelitis T, Wu Q, Bartlett M, Jackson D. (2021) Enhancing grain-yield-related traits by CRISPR–Cas9 promoter editing of maize CLE genes. *Nature Plants*. 7(3): 287–294. <https://doi.org/10.1038/s41477-021-00858-5>.
- Lou D, Wang H, Liang G, Yu D. (2017) OsSAPK2 confers abscisic acid sensitivity and tolerance to drought stress in rice. *Frontiers in Plant Science*. 8: 993. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00993>.
- Lu Y, Tian Y, Shen R, Yao Q, Zhong D, Zhang X, Zhu JK. (2021) Precise genome modification in tomato using an improved prime editing system. *Plant Biotechnology Journal*. 19(3): 415–417. <https://doi.org/10.1111/pbi.13497>.
- Luo Y, Ceasar SA, Benabdellah K. (2025) Trajectory of genome editing technology. *BMC Biology*. 23(1): 351. <https://doi.org/10.1186/s12915-025-02450-1>.
- Matres JM, Hilscher J, Datta A, Armario-Nájera V, Baysal C, He W, Huang X, Zhu C, Valizadeh-Kamran R, Trijatmiko KR, Capell T, Christou P, Stoger E, Slamet-Loedin IH. (2021) Genome editing in cereal crops: an overview. *Transgenic Research*. 30(4): 461–498. <https://doi.org/10.1007/s11248-021-00259-6>.
- Nayagam JR. (2025) CRISPR and beyond: The future of induced mutagenesis in plants. *Revista Latinoamericana de la Papa*. 29(1): 181–195.
- Nelson JW, Randolph PB, Shen SP, Everette KA, Chen PJ, Anzalone AV, Liu DR. (2022) Engineered pegRNAs improve prime editing efficiency. *Nature Biotechnology*. 40(3): 402–410. <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01039-7>.
- Ni P, Zhao Y, Zhou X, Liu Z, Huang Z, Ni Z, Sun Q, Zong Y. (2023) Efficient and versatile multiplex prime editing in hexaploid wheat. *Genome Biology*. 24: 156. <https://doi.org/10.1186/s13059-023-02990-1>.
- Nonaka S, Arai C, Takayama M, Matsukura C, Ezura H. (2017) Efficient increase of γ -aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis. *Scientific Reports*. 7: 7057. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-06400-y>.
- Pandit B, Bohara CB. (2025) A review on determinants and optimization strategies in prime editing in cereal and non-cereal crops. *Archives of Agriculture and Environmental Science*. 10(4): 702–711.

<https://doi.org/10.26832/24566632.2025.1004020>.

Permyakova NV, Deineko EV. (2024) Crop improvement: comparison of transgenesis and gene editing. *Horticulturae*. 10(1): 57. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10010057>.

Perroud PF, Guyon-Debast A, Veillet F, Kermarrec MP, Chauvin L, Chauvin JE, Gallois JL, Nogue F. (2022) Prime editing in the model plant *physcomitrium patens* and its potential in the tetraploid potato. *Plant Science*. 316: 111162. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2021.111162>.

Pineda M, Lear A, Collins JP, Kiani S. (2019) Safe CRISPR: challenges and possible solutions. *Trends in Biotechnology*. 37: 389–401. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2018.09.010>.

Saurabh S. (2021) Genome editing: Revolutionizing the crop improvement. *Plant Molecular Biology Reporter*. 39(4): 752-772. <https://doi.org/10.1007/s11105-021-01286-7>.

Shan Q, Wang Y, Li J, Gao C. (2014) Genome editing in rice and wheat using the CRISPR/Cas system. *Nature Protocols*. 9: 2395–2410. <https://doi.org/10.1038/nprot.2014.157>.

Shi J, Gao H, Wang H, Lafitte HR, Archibald RL, Yang M, Hakimi SM, Mo H, Habben JE. (2017) ARGOS 8 variants generated by CRISPR-Cas9 improve maize grain yield under field drought stress conditions. *Plant Biotechnology Journal*. 15: 207–216. <https://doi.org/10.1111/pbi.12603>.

Shi L, Su J, Cho MJ, Song H, Dong X, Liang Y, Zhang Z. (2023) Promoter editing for the genetic improvement of crops. *Journal of Experimental Botany*. 74(15): 4349-4366. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad175>.

Shimatani Z, Kashojiya S, Takayama M, Terada R, Arazoe T, Ishii H, Teramura H, Yamamoto T, Komatsu H, Miura K, Ezura H, Nishida K, Ariizumi T, Kondo A. (2017) Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. *Nature Biotechnology*. 35: 441-443. <https://doi.org/10.1038/nbt.3833>.

Sun C, Lei Y, Li B, Gao Q, Li Y, Cao W, Gao C. (2024) Precise integration of large DNA sequences in plant genomes using PrimeRoot editors. *Nature Biotechnology*. 42(2): 316-327. <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01769-w>.

Sun Y, Zhang X, Wu C, He Y, Ma Y, Hou H, Guo X, Du W, Zhao Y, Xia L. (2016) Engineering herbicide-resistant rice plants through CRISPR/Cas9-mediated homologous recombination of acetolactate synthase. *Molecular Plant*. 9: 628–631. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.01.001>.

Svitashev S, Young JK, Schwartz C, Gao H, Falco SC, Cigan AM. (2015) Targeted mutagenesis, precise gene editing, and site-specific gene insertion in maize using Cas9 and guide RNA. *Plant Physiology*. 169: 931–945. <https://doi.org/10.1104/pp.15.00793>.

Tang X, Zhang Y. (2023) Beyond knockouts: fine-tuning regulation of gene expression in plants with CRISPR-Cas-based promoter editing. *New Phytologist*. 239(3): 868-874. <https://doi.org/10.1111/nph.19020>.

Tian S, Yao L, Zhang Y, Rao X, Zhu H. (2025) Prime editing for crop improvement: A systematic review of optimization strategies and advanced applications. *Genes*. 16(8): 965. <https://doi.org/10.3390/genes16080965>.

Tingting L, Jinpeng Z, Xi Y, Kejian W, Yuchun R, Chun W. (2023) Development and application of prime editing in plants. *Rice Science*. 30(6): 509-522. <http://dx.doi.org/10.1016/j.rsci.2023.07.005>.

Tsai SQ, Zheng Z, Nguyen NT, Liebers M, Topkar VV, Thapar V, Joung JK. (2015) GUIDE-seq enables genome-wide profiling of off-target cleavage by CRISPR-Cas nucleases. *Nature Biotechnology*. 33(2): 187-197. <https://doi.org/10.1038/nbt.3117>.

Tuncel A, Pan C, Sprink T, Wilhelm R, Barrangou R, Li L, Qi Y. (2023) Genome-edited foods. *Nature Reviews Bioengineering*. 1(11): 799-816. <https://doi.org/10.1038/s44222-023-00115-8>.

Van Vu T, Das S, Hensel G, Kim JY. (2022) Genome editing and beyond: What does it mean for the future of plant breeding? *Planta*. 255(6): 130. <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03906-2>.

Vats S, Kumar J, Sonah H, Zhang F, Deshmukh R. (2024) Prime editing in plants: prospects and

"سیددعائیان و دورانی، ویرایش آغازین: گامی نو در راستای کاهش نگرانی‌های ایمنی‌زیستی در مسیر ..."

challenges. *Journal of Experimental Botany*. 75(17): 5344-5356. <https://doi.org/10.1093/jxb/erae053>.

Vu TV, Nguyen NT, Kim J, Hong JC, Kim JY. (2024) Prime editing: mechanism insight and recent applications in plants. *Plant Biotechnology Journal*. 22(1): 19-36. <https://doi.org/10.1111/pbi.14188>.

Wang Y, Cheng X, Shan Q, Zhang Y, Liu J, Gao C, Qiu JL. (2014) Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. *Nature Biotechnology*. 32: 947-951. <https://doi.org/10.1038/nbt.2969>.

Wang F, Wang C, Liu P, Lei C, Hao W, Gao Y, Liu YG, Zhao K. (2016) Enhanced rice blast resistance by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the ERF transcription factor gene OsERF922. *PloS One*. 11(4): E0154027. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154027>.

Xu R, Li J, Liu X, Shan T, Qin R, Wei P. (2020) Development of plant prime-editing systems for precise genome editing. *Plant Communications*. 1(3): 100043. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2020.100043>.

Xu R, Liu X, Li J, Qin R, Wei P. (2021) Identification of herbicide resistance OsACC1 mutations via in planta prime-editing-library screening in rice. *Nature Plants*. 7(7): 888-892. <https://doi.org/10.1038/s41477-021-00942-w>.

Yan J, Cirincione A, Adamson B. (2020) Prime editing: precision genome editing by reverse transcription. *Molecular Cell*. 77(2): 210-212. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2019.12.016>.

Yin KQ, Gao CX, Qiu JL. (2017) Progress and prospects in plant genome editing. *Nature Plants*. 3(8): 17107. <https://doi.org/10.1038/nplants.2017.107>.

Zaidi SSEA, Vanderschuren H, Qaim M, Mahfouz MM, Kohli A, Mansoor S, Tester M. (2019) New plant breeding technologies for food security. *Science*. 363(6434): 1390-1391. <http://dx.doi.org/10.1126/science.aav6316>.

Zhang K, Raboanatahiry N, Zhu B, Li M. (2017) Progress in genome editing technology and its application in plants. *Frontiers in Plant Science*. 8: 177. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00177>.

Zhang Y, Li D, Zhang D, Zhao X, Cao X, Dong L, Liu J, Chen K, Zhang H, Gao C, Wang D. (2018a) Analysis of the functions of TaGW2 homoeologs in wheat grain weight and protein content traits. *The Plant Journal*. 94(5): 857-866. <https://doi.org/10.1111/tpj.13903>.

Zhang Z, Ge X, Luo X, Wang P, Fan Q, Hu G, Xiao J, Li F, Wu J. (2018b) Simultaneous editing of two copies of Gh14-3-3d confers enhanced transgene-clean plant defense against *Verticillium dahliae* in allotetraploid upland cotton. *Frontiers in Plant Science*. 9: 842. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00842>.

Zhang D, Zhang Z, Unver T, Zhang B. (2021) CRISPR/Cas: A powerful tool for gene function study and crop improvement. *Journal of Advanced Research*. 29: 207-221. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2020.10.003>.

Zhong Z, Fan T, He Y, Liu S, Zheng X, Xu Y, Ren J, Yuan H, Xu Z, Zhang Y. (2024) An improved plant prime editor for efficient generation of multiple-nucleotide variations and structural variations in rice. *Plant Communications*. 5(9): 100976. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2024.100976>.

Zong Y, Liu Y, Xue C, Li B, Li X, Wang Y, Gao C. (2022) An engineered prime editor with enhanced editing efficiency in plants. *Nature Biotechnology*. 40(9): 1394-1402. <https://doi.org/10.1038/s41587-022-01254-w>.

Prime Editing: A New Step toward Reducing Biosafety Concerns in Plant Genome Editing

Sedigheh Sadat Seyeddoaeian, Ebrahim Dorani*

Department of Plant Biotechnology and Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

dorani@tabrizu.ac.ir

Abstract

Rapid population growth and climate change have made the development of high-yielding, stress-tolerant crops a global necessity. The emergence of genome editing technologies such as CRISPR-Cas9 has revolutionized this field. However, biosafety concerns arising from DNA double-strand breaks and off-target effects have posed obstacles to their application in plants. Prime editing, as a next-generation genome editing tool, can introduce various types of mutations without inducing double-strand breaks and with significantly reduced off-target effects, and it does not require an external DNA donor template. Therefore, despite certain limitations of Prime editing, such as its low efficiency in plants and PAM sequence constraints, this technology holds great potential for the development of superior agricultural crops for various purposes, including yield enhancement, conferring resistance to various abiotic and biotic stresses, and improving the quality of plant products. Accordingly, this article aims to provide a brief introduction to this technology as a novel step toward mitigating biosafety concerns associated with genome editing technologies in plants.

Keywords: Food security, Genetic modification, CRISPR, Genome editing