科学家构建基因编辑工具研究恶性疟原虫

作者：writer 来源：中国科学报

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/3542.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！

科学家构建基因编辑工具研究恶性疟原虫。分子水平的遗传操作是研究恶性疟原虫病理学以及抗药机制的重要工具。中科院上海巴斯德研究所江陆斌研究组利用CRISPR/dCas9系统，在恶性疟原虫中成功构建了基于表观遗传修饰的新型基因编辑工具。相关研究成果于12月24日在线发表于《美国国家科学院院刊》。

疟原虫是引起疟疾的真核病原微生物，其中恶性疟原虫的感染致死率最高。当前对疟原虫的研究急需发展一种高效简便的基因编辑工具。

Cas9的两个关键酶活位点被突变后的dCas9保留了结合DNA功能，但是失去了切割DNA的功能。将dCas9与一些表观遗传修饰因子相偶联，可以高效地对特定基因进行转录水平的调节。

研究人员分别将dCas9与恶性疟原虫乙酰转移酶(PfGCN5)和去乙酰化酶 (PfSir2a)融合表达。在特异性sgRNA的引导下，dCas9重组蛋白可以在靶基因的转录起始位点(TSS)附近特异性调节染色质组蛋白乙酰化修饰水平，从而控制该基因表达的沉默或激活。

运用此新型CRISPR/dCas9技术，该团队分别对恶性疟原虫感染人体红细胞的两个关键基因PfRh4和PfEBA-175成功地进行了表达调控，并诱导出相应的感染表型的变化。

该研究成果为恶性疟原虫基因编辑提供了新的有效的遗传操作工具，为恶性疟原虫功能基因组学研究提供了强大的遗传操作系统。(来源：中国科学报)

相关论文信息：DOI：10.1073/pnas.1813542116

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转发