

---

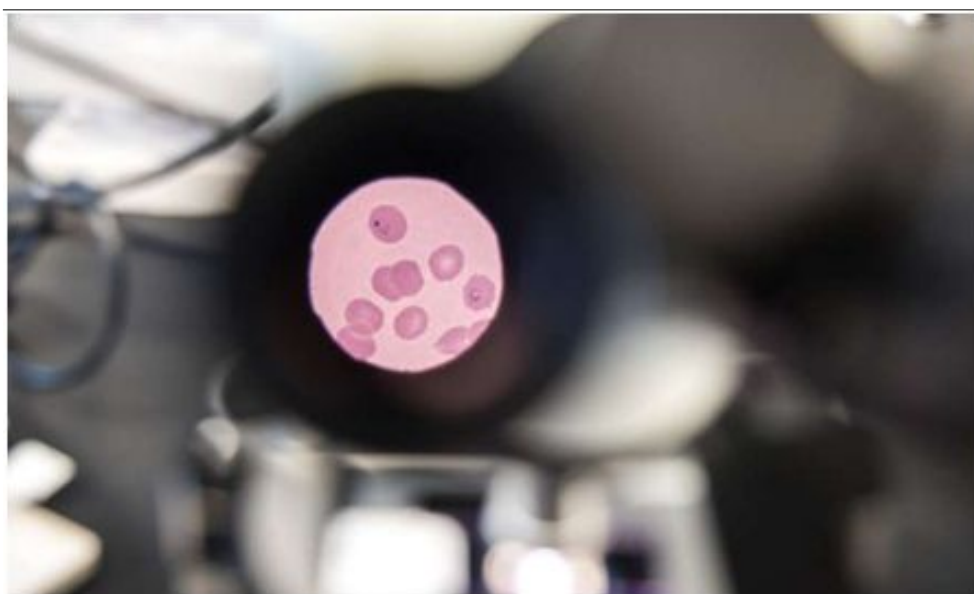
# Science：鉴定出人体最为致命性疟原虫的基因组漏洞

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/482.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！**

2018年5月9日讯，疟疾是由疟原虫引起的。2016年全球有2亿多人受到疟原虫感染，将近50万人死于这种疾病，主要是5岁以下的儿童。寄生于人体的疟原虫有四种，即间日疟原虫(*Plasmodium vivax*)、三日疟原虫(*Plasmodium malariae*)、恶性疟原虫(*Plasmodium falciparum*)和卵形疟原虫(*Plasmodium ovale*)。恶性疟原虫导致世界上所有疟疾病例的一半，导致大约90%的死亡病例，使得它成为最为致命性的人体疟原虫。当及早发现时，疟疾是一种可治之症，但由于耐药性不断增加，当前使用的抗疟药(如青蒿素)正在很多地区失效了，因此新的药物是迫切需要的。



图片来自Aaron Hilf

为了理解疟原虫需要哪些基因，在一项新的研究中，来自美国南佛罗里达大学和英国维尔康姆基金会桑格研究所的研究人员破坏了恶性疟原虫的5400个基因中的几乎每个基因。令人吃惊地，他们首次发现这些基因中的一半以上是这种疟原虫在红细胞中生长所必需的。相关研究结果发表在2018年5月4日的Science期刊上，论文标题为Uncovering the essential genes of the human malaria parasite *Plasmodium falciparum* by saturation mutagenesis。

来自维尔康姆基金会桑格研究所的研究人员在去年利用小鼠疟原虫---伯氏疟原虫(*Plasmodium berghei*)---开展了一项相关的研究(*Cell*, doi:10.1016/j.cell.2017.06.030)，但是致命性的人体疟原虫需要采用一种不同的方法。

---

在这项新的研究中，这些研究人员使用了一种被称作piggyBac转座子插入突变的技术随机地让恶性疟原虫基因失活，随后开发出一种新的DNA测序技术来鉴定哪些恶性疟原虫基因受到影响。这些研究人员产生38000多种突变，然后寻找没有发生变化的基因，这意味着它们是恶性疟原虫生长所必需的。他们发现2600多个必需基因，其中大约1000个基因在所有疟原虫物种中是保守的，并且具有完全未知的功能。此外，他们发现的很多必需基因位于蛋白酶体通路中，这就使得这个通路成为克服青蒿素耐药性的一个良好靶标。

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](http://www.iikx.com)转发