



我国科学家研发出针对恶性疟原虫的新型遗传操作工具

日期: 2019年01月07日 来源: 科技部

疟疾与艾滋病、结核病一起被列为全球三大传染性疾病。疟原虫是引起疟疾的病原体, 其中恶性疟原虫的感染致死率最高。分子水平的遗传操作是研究恶性疟原虫致病机理以及抗药机制的重要手段。然而, 在恶性疟原虫中通过同源重组方法进行基因编辑的效率极低, 而且恶性疟原虫缺乏可运用RNAi方法来进行基因编辑的关键原件, 因此对恶性疟原虫的研究急需发展一种高效简便的遗传操作工具。

在国家重点研发计划“蛋白质机器与生命过程调控”重点专项的支持下, 中国科学院上海巴斯德研究所江陆斌研究团队研发出针对恶性疟原虫的新型遗传操作工具。研究团队利用CRISPR/dCas9系统, 分别将dCas9与恶性疟原虫的两个表观遗传修饰酶(乙酰转移酶和去乙酰化酶)融合表达, 在特异性sgRNA的引导下, dCas9重组蛋白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, 在恶性疟原虫中成功构建了基于表观遗传修饰的新型遗传操作工具。运用此新型遗传操作工具, 该团队对恶性疟原虫感染人体红细胞的两个关键基因PfRh4和PfEBA-175成功进行了表达调控, 并诱导出相应感染表型的变化。该研究成果为恶性疟原虫功能基因组学研究提供了强大而有效的遗传操作工具。相关研究成果近期在PNAS杂志上发表。

扫一扫在手机打开当前页

打印本页

关闭窗口

