(دکتر مریم اسلامی)

CRISPR سیستم های جدید ویرایش ژنوم را در تجزیه و تحلیل ژنوم های ویروسی پیدا می کند

28 نوامبر 2022 - کشف آنزیم CRISPR-Cas در باکتریوفاژها منبع جدیدی از ابزارهای بالقوه برای ویرایش ژنوم را نشان داد.

باکتری‌ها و باستان‌ها از سیستم‌های CRISPR-Cas برای دفاع از خود در برابر ویروس‌ها استفاده می‌کنند. استفاده مجدد از سیستم ها توسط انسان، ویرایش ژنوم را در سال های اخیر متحول کرده و علاقه به یافتن سیستم های جدید CRISPR با ویژگی های جدید را برانگیخته است. کشف جایگاه‌های CRISPR-Cas در ژنوم‌های فاژ بازسازی‌شده از توالی‌های DNA جامعه میکروبی نشان داد که ویروس‌هایی که در سلول‌های باکتریایی آلوده و تکثیر می‌شوند، منبع بالقوه‌ای از سیستم‌هایی هستند که می‌توانند برای ویرایش ژنوم مورد استفاده قرار گیرند.

جنیفر داودنا، برنده جایزه نوبل شیمی، که کارش در دانشگاه کالیفرنیا، برکلی منجر به کشف CRISPR-Cas9 به عنوان ابزاری برای ایجاد تغییرات هدفمند در ژنوم شد، و همکارانش این اشاره را دنبال کردند که فاژها می‌توانند منبعی از ژنوم باشند. سیستم های جدید برای ویرایش ژنوم

محققان در مقاله ای در 23 نوامبر در ژورنال Cell، تجزیه و تحلیل متاژنومی از نمونه های میکروبی جدا شده از میکروبیوم های خاک، آب، انسان و حیوان را توصیف کردند. مطالعه جامع سیستم‌های CRISPR-Cas در سرتاسر ویروس‌کره نشان داد که "رویداد گسترده سیستم‌های فشرده و متنوع CRISPR-Cas که در ژنوم فاژها کدگذاری شده‌اند." بر اساس این مطالعه، هزاران ویروس سیستم های CRISPR را رمزگذاری می کنند.

سیستم‌های رمزگذاری‌شده با فاژ که توسط Doudna و همکارانش یافت شده‌اند، هر شش نوع شناخته شده CRISPR-Cas را در بر می‌گیرند. بینش‌های فیلوژنتیکی متاژنومیک و بیوانفورماتیک حل‌شده با ژنوم، تجزیه و تحلیل سیستم‌ها را از ویروس‌های کشت‌نشده امکان‌پذیر کرد و نقش‌هایی را که آن‌ها بازی می‌کنند پیشنهاد کرد.

بررسی سیستم‌های CRISPR-Cas بسیار فشرده و واگرا که در Casλ صفر شده است. در حالی که تیم هنوز برخی از جنبه های مکانیکی Casλ را تعریف نکرده است، خانواده آنزیم دارای ساختار فشرده ای است که قادر به ویرایش ژنوم گیاهان و انسان است. محققان این آنزیم را "ابزاری ارزشمند" برای ویرایش ژنوم می دانند.

کار بیشتر می‌تواند ارزش کامل Casλ را باز کند، و محققان خاطرنشان کردند که "درک ساختاری" آن‌ها از آنزیم‌ها "نقطه شروعی برای طراحی آینده گونه‌ها فراهم می‌کند." گونه‌های جدید می‌توانند «قابلیت‌های ویرایش ژنومی گسترده‌ای داشته باشند که مزایای یک پروتئین کوچک را با تطبیق‌پذیری یک دستگاه تشخیص DNA قوی هدایت‌شده با RNA ترکیب می‌کند».

این یافته ها توجه محققان این حوزه را به خود جلب کرده است. کیرا ماکاروا، زیست‌شناس محاسباتی در مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی ایالات متحده، که نویسنده این مطالعه نیست، پیامدهای آن را برای مجله نیچر توضیح داد.

ماکاروا، که پلاسمیدها، مولکول‌های DNA دایره‌ای کوچکی که DNA را بین میکروب‌ها انتقال می‌دهند، به عنوان مکان دیگری می‌بیند، گفت: "این یک گام مهم به جلو در کشف تنوع عظیم سیستم‌های CRISPR-Cas است. در اینجا چیزهای جدیدی کشف شده است." که دانشمندان به دنبال سیستم های CRISPR-Cas خواهند بود.

https://www.scienceboard.net/index.aspx?sec=sup&sub=gen&pag=dis&ItemID=5048