

XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



Diseño y construcción de un minicromosoma con capacidad autorreplicativa

Laura Espíndola¹, Cyntia Paola Rangel^{1,2}, Ana Lilia Hernández¹ y Agustino Martínez-Antonio¹.

Laboratorio de Biología Sintética y Biosistemas, Depto. de Ingeniería Genética, Cinvestav Irapuato, CP 36821

²Universidad Autónoma de Coahuila, Escuela de Ciencias Biológicas, Torreón, CP27000

Palabras clave: biología sintética, sistema mínimo, auto-replicación

Introducción. Una de las principales metas de la biología sintética es la obtención de una célula mínima funcional, la cual contendrá la información mínima necesaria para sustentar su autorreproducción y la cual podrá utilizarse como una plataforma para la obtención de bioproductos dirigidos. Hay varios obstáculos para lograr esto, y creemos que una de las tareas primarias es definir la información genética mínima que permita la autoreplicación física de la información genética, de aquí se desprende uno de los principales objetivos de nuestro grupo de trabajo:

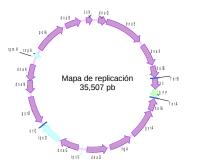
Construir un minicromosoma con un número reducido de genes, capaz autorreplicarse, transcribir y traducir su propia información genética *in vitro*. Un primer paso es construir un sistema autoreplicativo.

Metodología. Mediante la búsqueda de ortólogos de la enterobacteria simbiótica Carsonella ruddii PV^{2,3} en E. coli K12 MG1655 y su comparación con modelos in silico de genomas mínimos¹ y genoma núcleo se propusieron los genes mínimos para las funciones de replicación y transcripción que pudieran existir en carsonella (de tan sólo 182 genes) y que podamos recuperar del genoma de E. coli (carsonella es no cultivable). De esta manera los genes identificados más sus sitios de regulación se obtuvieron del cromosoma de E. coli mediante PCR y se clonaron en el plásmido pJET1.2 (Fermentas). Las biopartes resultantes se ensamblarán mediante ligación de sitios de restricción compatibles entre las diferentes biopartes cuidando de mantener el orden como en E. coli. La funcionalidad del minicromosoma y del sistema de transcripción se verificará por transcripción y traducción in vitro4.

Resultados. El diseño para el sistema autoreplicativo resultó en una lista de 16 genes para replicación, un gen reportero para GFP y un oriC (Figura 1). Los genes de interés más su región de regulación constituyen cada una de las biopartes las cuales se ensamblarán de acuerdo a como se muestran en la figura 1.

Para la expresión de estos genes requerimos una maquinaria de transcripción que estemos seguros que no proviene de los extractos de *E. coli* a utilizarse. Para ello se diseñó una maquinaria mínima de la RNA polimerasa (y el sigma70) expresada a partir de un promotor T7 (viral): *rpoD, rpoA, rpoB, rpoC,* además de YFP como reportero (Figura 2).

Hasta ahora se han obtenido por clonación todas las biopartes tanto del sistema de autoreplicación como de transcripción y se ha comprobado su identidad por secuenciación. En este momento se está realizando el ensamblado de los sistemas y en esta reunión presentaremos nuestros mas recientes avances de este proyecto.



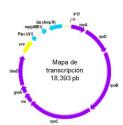


Fig. 1 Mapa del minicromosoma para la función de autoreplicación.

Fig. 2 Mapa del sistema de transcripción

Perspectivas. El sistema de transcripción mínimo servirá expresar los genes del minicromosoma autoreplicativo, con la ayuda de extractos celulares de E. coli libres de ADN y kits comerciales. Las proteínas expresadas por el minicromosoma serán responsables de su replicación, por que monitorearemos la fluorescencia de GFP como indicador de producción de las proteínas y se cuantificará periódicamente la concentración de DNA. Una vez comprobado esto la maguinaria de transcripción será integrada a la de replicación. Los sistemas están diseñados para ir aumentando el número de genes en cada uno y así probar los elementos mínimos requeridos en cada caso.

Agradecimiento. Al CONACYT por los donativos 102854 y 103686 donde incluye una beca de tesis de licenciatura para CPR. LE es becaria de doctorado No. 208153 del CONACYT.

Bibliografía.

- 1. Gil R et al., (2004) Environ Microbiol. 6(11):1109-22.
- 2. Tamames J et al.,(2007) BMC Evol Biol. 1;7:181.
- 3. Nakabachi A et al., (2006) Science. 13;314(5797):267.
- 4. Asahara H, Chong S. (2010) Nucleic Acids Res. 38(13):e141.