

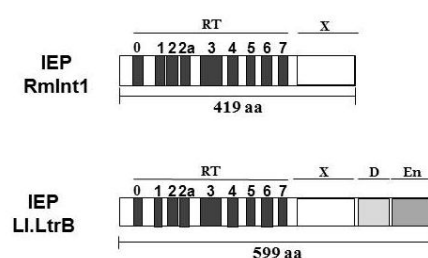
Método para la identificación de dianas para intrones del grupo II en cualquier secuencia de ADN y su inserción eficiente.

Un organismo público de investigación español ha logrado un método para rediseñar un intrón del grupo II para su inserción eficiente en un ADN. Se parte de un intrón inicial del grupo II que codifica una proteína IEP carente del dominio endonucleasa, se selecciona una diana de al menos 25 nucleótidos en el ADN y se modifican total o parcialmente las secuencias de hibridación EBS1, EBS2, EBS3 del intrón inicial para ser totalmente complementarias con las secuencias IBS1, IBS2 e IBS3 de la secuencia diana. Se buscan empresas de biotecnología y sectores relacionados para acuerdos de licencia, de cooperación en I+D+i y cooperación técnica.

Oferta de licencia de patente / colaboración en I+D

Identificación de dianas optimizada.

El método permite la identificación en cualquier secuencia de ADN de la mejor diana posible para ser invadida eficientemente por intrones del grupo II. El método consiste en el análisis de una secuencia de ADN (mediante un algoritmo informático) en grupos de 25 nucleótidos (diana), este grupo se va desplazando a lo largo de la secuencia de nucleótido en nucleótido identificando las mejores dianas. Posteriormente se modifican, en el ARN del intrón, aquellas regiones mediante las cuales el intrón reconoce su diana, denominadas EBSs de forma que reconozcan a la diana seleccionada.



Dominios de la proteína de Rmlnt1 y de la LI.LtrB

Inserción más eficiente.

El método determina cuáles son las posiciones de la diana y qué nucleótido debe ocuparlas para que se dé una invasión eficiente. Mediante un algoritmo informático y utilizando frecuencias de nucleótidos se obtiene una puntuación para cada una de las dianas del intrón. Cuanto mayor sea la puntuación obtenida mayor será el porcentaje de invasión.

A continuación se modifican las secuencias EBSs del intrón del grupo II para hacerlas totalmente complementarias a las secuencias IBSs de la diana. El intrón modificado puede ser utilizado en cualquier aplicación de ingeniería genética, terapia génica, reparación de genes no funcionales, etc.

Estado de patentes

Patentes solicitada en España (prioridad 2014)

Aplicaciones y ventajas principales

La especificidad intrínseca de los intrones del grupo II los convierte en herramientas moleculares muy útiles para su uso en biotecnología, para el análisis funcional de genomas y en terapia génica.

Los intrones del grupo II pueden ser dirigidos a secuencias específicas de ADN disminuyendo la aparición de mutaciones inespecíficas que suceden cuando se utilizan otros métodos como los basados en transposones.

El hecho de que el tamaño de la diana sea mínimo, tan sólo 25 nucleótidos, aumenta las posibilidades de encontrar dianas para estos intrones en cualquier ADN ampliando además el rango de herramientas biotecnológicas que pueden ser usadas, frente a otros métodos basados en intrones que usan dianas de mayor tamaño (35 nucleótidos o más).

Para más información

D. Alfonso Díaz Morales
 Área de ciencias agrarias
 Vicepresidencia Adjunta de
 Transferencia de Conocimiento
 Consejo Superior de Investigaciones
 Científicas (CSIC).
 Tel.: + 34 – 958 18 16 00
 Fax: + 34 – 958 12 96 00
 E-mail: alfonso.diaz@eez.csic.es

