

---

# ENGINYERIA GENÈTICA

---



CIÈNCIES BIOMÈDIQUES UB - PRIMAVERA 2017

ALBERT TORELLÓ PÉREZ

---

# Índex

<b>I</b>	<b>MANEIG D'ÀCIDS NUCLEICS</b>	<b>1</b>
1	<b>Preparació i anàlisi dels àcids nucleics</b>	1
	Introducció — 1 • Purificació del DNA total procariota — 3 • Purificació del DNA plasmídic — 7 • Purificació del genoma de bacteriòfags — 9 • Aïllament de RNA — 10 • Electroforesi d'àcids nucleics — 11 • Quantificació de material genètic — 13	
2	<b>Enzims per la manipulació dels àcids nucleics</b>	15
	Fragmentació d'àcids nucleics — 15 • Enzims modificadors d'àcids nucleics — 22 • Unió de molècules de DNA. Lligases — 22 • Polimerases — 23	
3	<b>Estudi de la seqüència d'àcids nucleics. Marcatge</b>	27
	Marcatge uniforme — 27 • Marcatge d'extrems — 28 • Sondes — 28	
<b>II</b>	<b>CLONATGE</b>	<b>30</b>
4	<b>Clonatge. Cloning PCR</b>	30
	PCR per clonar — 30 • Clonatge en vectors — 31	
5	<b>Vectors de clonatge</b>	33
	Requisits dels vectors de clonatge — 33 • Manipulació de plàsmids — 33 • Vectors d'expressió — 36 • Vectors derivats del fag $\lambda$ — 36	
6	<b>Genoteques</b>	38
	Llibreries genòmiques — 38 • Llibreries de cDNA — 38 • Estratègies de selecció dels clons recombinants — 38	
<b>III</b>	<b>CARACTERITZACIÓ DELS PRODUCTES D'EXPRESSIÓ</b>	<b>40</b>
<b>IV</b>	<b>APLICACIONS DE L'ENGINYERIA GENÈTICA</b>	<b>41</b>
<b>V</b>	<b>SEMINARIS</b>	<b>42</b>
7	<b>Seminari. Aplicacions de la PCR</b>	42
	Bases de la PCR — 42 • Aplicacions de la PCR i RT-PCR — 43	
8	<b>Seminari. Seqüenciació</b>	47
	Mètodes de seqüenciació — 47 • Seqüenciació de genomes — 48 • Nous sistemes de seqüenciació — 49	
9	<b>Vectors d'eucariotes</b>	50
	Vectors de llevats — 50 • YAC — 50 • Vectors per plantes — 53 • Vectors per mamífers — 53	

---

# I. MANEIG D'ÀCIDS NUCLEICS

---

## 1. Preparació i anàlisi dels àcids nucleics

### 1.1 Introducció

- Mitjans del segle XIX Mendel va establir les lleis de l'herència biològica.
- Principis del segle XX: Morgan i Sutton estableixen la teoria cromosòmica de l'herència i que els gens estan als cromosomes.
- 1944: Avery, MacLeod, MacCarty estableixen que el material genètic és ADN.
- El 1952-66 es va establir l'estructura del DNA, el codi genètic i elucidar els processos de transcripció i traducció.
- El 1972-73 es comencen a fer servir tècniques de DNA recombinant, produint-se així el naixement de l'enginyeria genètica.
- El 1985 es va introduir la tècnica de PCR.
- 1990: Seqüenciació de genomes

#### 1.1.1 Clonatge

L'enginyeria genètica és un conjunt de mètodes que permeten el clonatge d'un fragment de DNA d'interès i introduir-lo a un altre organisme.

El clonatge de DNA consisteix en:

1. Construcció de la molècula de DNA recombinant: L'insert s'introdueix en un vector. El vector conté elements que permetin la replicació i expressió d'aquest DNA. El conjunt del vector i l'insert lligats constitueixen la molècula de DNA recombinant.
2. Introducció a la cèl·lula hoste
3. Multiplicació del DNA recombinant
4. Propagació del DNA recombinant
5. Obtenció dels clons

En el procés de clonatge:

1. El primer que cal tenir clar és el procés biològic que es vol estudiar.

- 
2. Identificació del gen a estudiar. S'extreu i es purifica el DNA de l'organisme d'interès. En el cas dels eucariotes, molt sovint s'utilitza RNA i mitjançant la retrotranscripció obtenir la seqüència de cDNA.
  3. Fragmentar el DNA
  4. Elecció del vector: Si el volem propagar en procariotes o eucariotes, en funció de la mida de l'insert...
  5. S'ha d'obrir el vector per introduir l'insert.
  6. Fusió del DNA recombinant.
  7. Introducció en bacteris i producció de clons.
  8. Seleccionar el clon que conté el gen d'interès.

### 1.1.2 Llibreries

Les llibreries genòmiques es generen mitjançant la fragmentació del DNA de l'organisme de l'interès i es clonen en un vector d'interès i s'introdueix en un organisme senzill per generar clons de manera que cada clon contingui una molècula de DNA recombinant amb un insert diferent.

És necessari saber quants clons es necessiten per tenir representat un genoma. Depenrà de la mida del genoma d'interès i de la capacitat del vector (mida de l'insert que és capaç de lligar).

L'altre possibilitat és generar una llibreria de cDNA. Estan construïdes a partir de mRNA obtingut de les cèl·lules o teixits d'estudi, que s'han retrotranscrit a cDNA i lligat en un vector de clonatge. Cada clon presenta una còpia del mRNA obtingut.

### 1.1.3 Aplicacions

L'enginyeria genètica pretén produir una proteïna en concret per múltiples finalitats.

- Biofarmacèutic: Producció d'antibiòtics, proteïnes heteròlogues, generació de proteïnes amb noves funcions (més solubilitat, proteïnes quimera), generació de vacunes.
- Agrícola i ramader: modificació genètica de plantes, animals transgènics.
- Clínic: Diagnòstic, Teràpia gènica
- Forense

## 1.2 Purificació del DNA total procariota

El material genètic a purificar pot ser:

- DNA genòmic procariota
- DNA genòmic eucariota
- RNA, per generar llibreries de cDNA
- DNA plasmídic
- DNA de bacteriòfags

Els principals vectors són plàsmids i genoma de bacteriòfags.

### 1.2.1 Etapes en la preparació del DNA total procariota

Les etapes més generals són:

1. Creixement i concentració de les cèl·lules
2. Ruptura de les cèl·lules
3. Purificació del DNA
4. Concentració del DNA

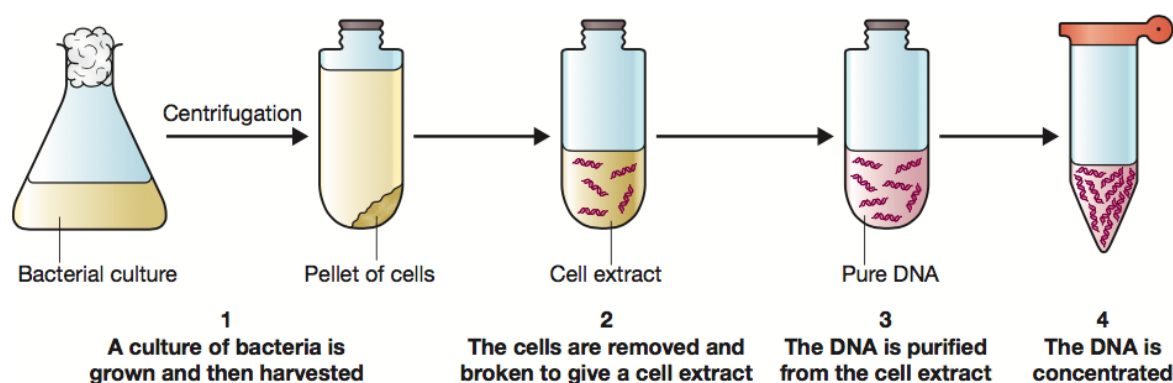


FIGURA 1: Passos bàsics per la preparació del DNA total d'un cultiu bacterià

#### 1.2.1.1 Creixement i concentració del cultiu bacterià

Els bacteris creixen en un medi ric.

L'estimació del creixement es fa per la lectura de la densitat òptica a 600 nm. En la fase exponencial hi ha una relació directa entre DO i nombre de cèl·lules; sempre i quan siguin el mateix medi de cultiu, mateixa quantitat d'inòcul i temperatura de cultiu. 1 unitat de DO correspon aproximadament a  $0.8 \cdot 10^9 \text{ cells/mL}$ .

Després d'un temps, el cultiu es concentra mitjançant centrifugació a velocitats baixes per evitar trencaments cel·lulars.

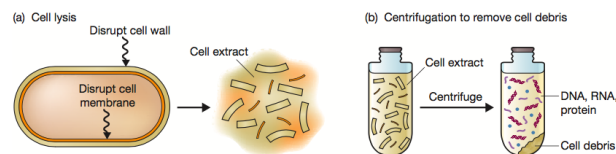
### 1.2.1.2 Ruptura de les cèl·lules

Els bacteris tenen una membrana plasmàtica envoltada per una paret cel·lular rígida. En algunes espècies, com *E. coli*, la paret cel·lular pot estar envoltada per una segona membrana. Aquestes barreres s'han de trencar per alliberar el DNA.

Els mètodes físics (sonicació, pressió) tenen el problema que poden trencar el DNA. La millor opció és el tractament químic que trenquin la membrana i alliberin el contingut.

La lisi química implica un agent disruptor de la paret cel·lular i un altre de la membrana plasmàtica. Els productes que s'utilitzen depenen de l'espècie bacteriana implicada, però amb *E. coli* s'utilitza lisozima i EDTA per trencar la paret cel·lular. La lisozima és un enzim present a la clara d'ou i en secrecions com les llàgrimes i la saliva, que digereix la paret de mureïna. L'EDTA és un quelant d'ions divalents ( $Mg^{2+}$ ), que són imprescindibles per l'estructura de la paret i també inhibeix enzims cel·lulars que degraden DNA. Sota aquestes condicions, el debilitament de la paret cel·lular amb lisozima i EDTA és suficient per lisar els bacteris, però usualment s'afegeix un detergent fort com el SDS. Els detergents dissolen els lípids de la membrana.

Es torna a centrifugar per eliminar els residus més grans. El pellet contindrà bacteris no lisats i complexos grans. El sobrenedant té DNA, RNA i proteïnes de baix pes molecular.



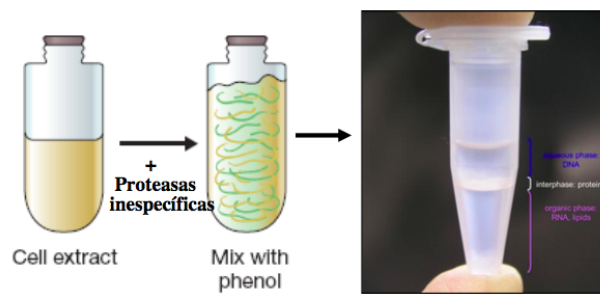
### 1.2.1.3 Purificació del DNA

El lisat bacterià conté quantitats significatives de proteïnes i RNA. Un mètode és tractar el lisat amb enzims que degradin els contaminants o usar una cromatografia d'intercanvi iònic per separar el lisat en els seus components i poder purificar el DNA.

#### 1.2.1.3.1 Extracció orgànica i digestió enzimàtica

Per eliminar el RNA, s'introdueix una RNasa. Després, s'eliminen les proteïnes mitjançant proteases inespecífiques com la proteïnasa K o la pronasa. El tractament amb fenol dissol les proteïnes hidrofòbiques; s'afegeix 1 volum de fenol i es mescla per inversió i es centrifuga i sortiran dues fases:

- A la part superior hi ha la part polar amb el DNA.
- Interfase: Proteïnes
- A la part inferior hi ha el fenol.



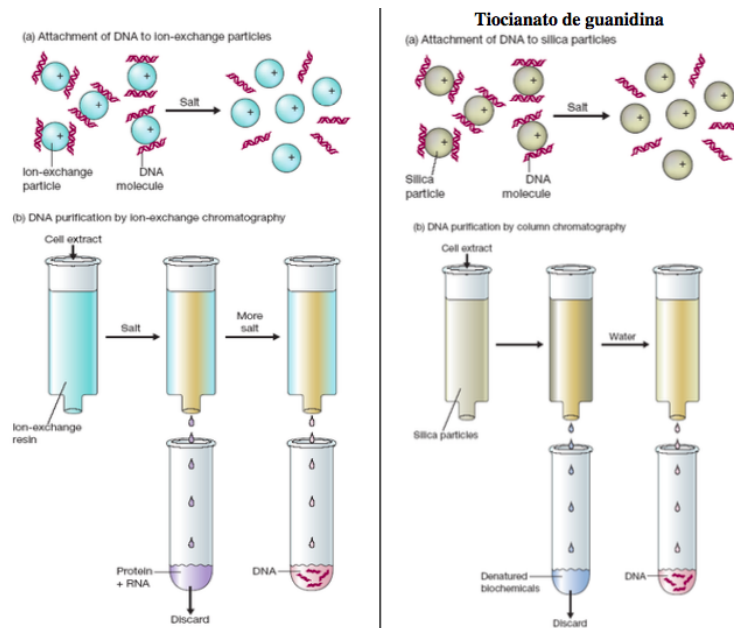
A la fase aquosa hi poden quedar traces de fenol, que inhibeix la majoria d'enzims. Llavors s'afegeix fenol amb cloroform equilibrat (25:24:1 fenol cloroform isoamilalcohol), s'agita per inversió, es centrifuga. El cloroform arrossega el fenol al fons del tub.

Es recull la fase aquosa i s'afegeix cloroform, s'agita per inversió i es centrifuga un altre cop. S'agafa la fase aquosa on hi ha el DNA pur.

#### 1.2.1.3.2 Cromatografia d'intercanvi iònic

Aquest mètode separa les molècules en funció de la força en què s'uneixen a partícules carregades elèctricament presents en una matriu o resina. El DNA (carregat negativament) i s'uneix a la resina carregada. La unió electrostàtica es pot desfer per l'addició de sals.

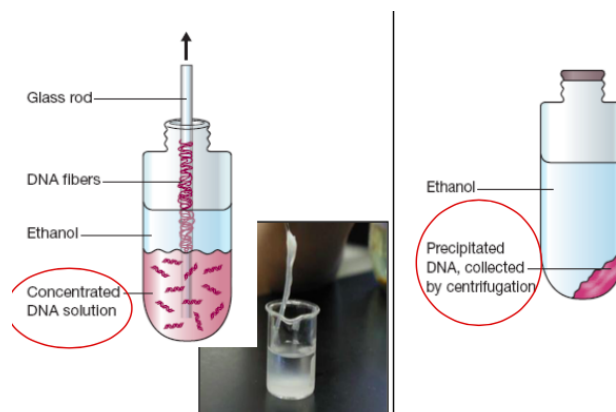
La forma més senzilla de dur a terme la cromatografia d'intercanvi iònic és col·locar la resina en una columna de vidre o de plàstic i després afegir l'extracte de cèl·lules a la part superior. L'extracte passa a través de la columna, i perquè aquest extracte conté molt poca sal totes les molècules carregades negativament s'uneixen a la resina i es retenen a la columna. Si una solució de sal d'augmentar gradualment la concentració és ara passar a través de la columna, els diferents tipus de molècula es eluir (és a dir, convertit en no unit) de manera seqüencial proteïna, RNA, i finalment el DNA. No obstant això, tal separació acurada en general no es necessita tan sols dues solucions de sal es fan servir, un la concentració és suficient per eluir la proteïna i el RNA, deixant només el DNA unit, seguit d'una segona d'una concentració més alta que s'elueix el DNA, ara lliure de les proteïnes i de RNA contaminants.



#### 1.2.1.4 Concentració del DNA

Hi ha 2 mètodes basats en la precipitació per etanol:

- Si hi ha molt volum; la precipitació es fa per sals+etanol. S'afegeix 2,5 volums d'etanol absolut fred a  $-20^{\circ}\text{C}$  i s'introdueix una vareta de vidre i es remena tot rotant la vareta. Quan el DNA s'uneix a la vareta, s'introdueix en un tub amb buffer TE i es gira la vareta en sentit contrari.
- Si el volum és petit, s'afegeix 1/10 de NaAc i 2,5 volums d'etanol fred a  $-20^{\circ}\text{C}$  *overnight*. Després es centrifuga, és possible que el pellet no sigui visible i es descarta el sobrenedant i es fa un rentat amb EtOH 70 %, amb una altra centrifugació. El pellet es seca a temperatura ambient i el pellet es resuspèn en TE/ aigua pura.

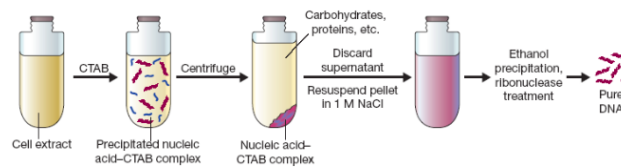


Algunes soques bacterianes presenten, p.e, una càpsula molt gruixuda o molt LPS i no és pràctic fer una extracció fenol:cloroform:isoamil alcohol.

Les cèl·lules vegetals presenten parets de cel·lulosa o xilosa, pel que s'utilitzen xilana-sa o cel·lulasa.



El **mètode CTAB** (bromur de cetil-trimetil-amoni) agafa l'extracte bacterià i aplica la RNasa. Després afegeix el CTAB, que forma complexos amb el DNA i és fàcil separar-los per centrifugació. Es descarta el sobrenedant i es recupera el pellet en un buffer amb NaCl. S'afegeixen 2 volums d'etanol i es centrifuga, el pellet es renta amb EtOH 70 %.

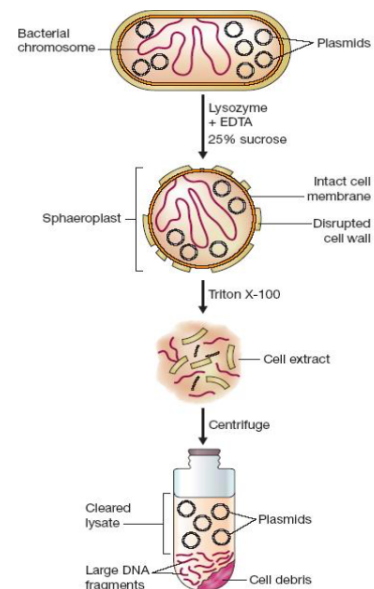


### 1.3 Purificació del DNA plasmídic

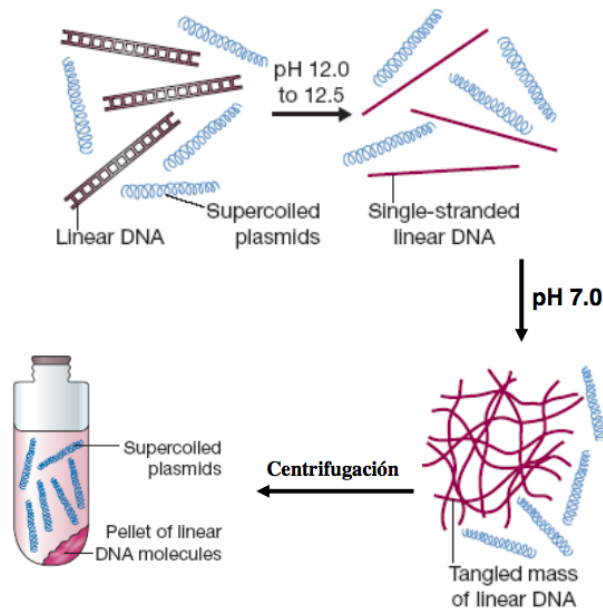
Els plàsmids són molècules de DNA circulars de doble cadena i de menor mida que un genoma. Té un origen de replicació propi. Els plàsmids codifiquen funcions no essencials pel bacteri però sí que proporcionen avantatges (resistència a antibiòtics).

La lisi busca conservar el DNA genòmic el més intacte possible. Es basa en lizozima, EDTA i un 25% de sucrosa per mantenir la osmolaritat i lisar només la membrana externa. Per lisar la membrana interna s'usen detergents no iònics com el Tritó X-100. L'extracte cel·lular contindrà els plàsmids intactes. Al pellet hi haurà restes cel·lulars i al sobrenedant serà un lisat clar on hi haurà plàsmids i fragments de cromosoma bacterià, RNA i proteïnes.

El DNA genòmic s'haurà trencat i estarà en forma lineal i els plàsmids estaran en conformació super enrotllada. La conformació super enrotllada presenta una unió diferent d'intercalants i la desnaturalització és diferent.



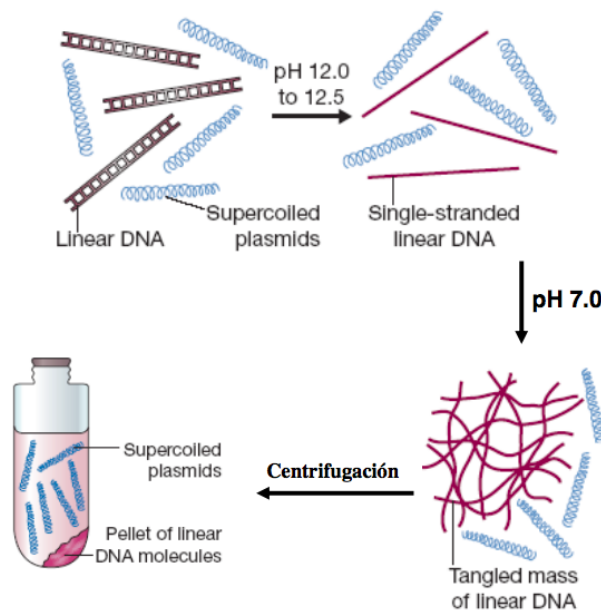
- **Desnaturalització alcalina:** És el mètode Birnboim. S'afegeix NaOH per desnaturalitzar dsDNA lineal (cromosoma bacterià). Seguidament, es provoca una renaturalització ràpida afegint NaAc, com que la complementarietat no és exacta la renaturalització provoca una estructura en forma de malla amb proteïnes adherides. Després de la centrifugació, al sobrenedant hi ha plàsmid, RNA i proteïnes. S'afegeix RNasa i es fa una extracció fenol-cloroform o per cromatografia d'intercanvi iònic.



- **Gradients de densitat:** Qualsevol molècula biològica té un punt de flotació específic. El gradient de densitat es pot generar afegint solucions successives de concentració decreixent en un tub però normalment es generen centrifugant una solució salina. Al fons del tub queda la solució més concentrada i a la part superior la solució està més diluïda; aquests gradients s'anomenen isopícnic. A la part inferior hi ha RNA, al mig hi ha DNA i a la part superior hi ha les proteïnes.

Per separar DNA genòmic i plasmídic s'afegeix EtBr (s'intercala al DNA). La idea és que el EtBr s'intercali menys al DNA plasmídic al ser circular i superenrotllat. Es prepara una solució de CsCl, amb EtBr i s'afegeix el lisat clar. Es separen dues bandes de DNA a la part central del tub. A sota queda el plàsmid i a sobre hi ha el DNA lineal.

El DNA plasmídic s'extreu amb una xeringa. El contingut es passa a un tub per treure el EtBr. S'afegeix isobutanol al tub i es centrifuga. A la part superior hi ha la fase orgànica amb el EtBr i a la part inferior hi ha la fase aquosa amb el DNA plasmídic. Posteriorment, la fase aquosa es passa per diàlisi per eliminar el CsCl. Per concentrar-lo, es fa una precipitació per etanol.



## 1.4 Purificació del genoma de bacteriòfags

S'ha de créixer un cultiu de bacteris per permetre la multiplicació del fag. Es necessiten volums grans de cultiu per obtenir prou DNA del fag.

$10^{10}$  fags representen 500 ng de DNA.

En un fag amb cicle lític:

- Si la quantitat de bacteris inicials és molt baixa, la taxa d'infecció de les partícules fàgiques serà baixa.
- Si la quantitat de bacteris és molt alta, els fags no infectaran a la major part de la població i no hi haurà un lisat generalitzat del cultiu.

Si els fags són lisogènics, el genoma està integrat en el cromosoma bacterià. El fag  $\lambda$  salvatge presenta dificultats per entrar en cicle lític. En aquest cas, s'ha introduït una modificació al genoma del fag per poder induir lisi en funció de la temperatura.

S'ha de saber com induir la lisi en cada fag lisogènic.

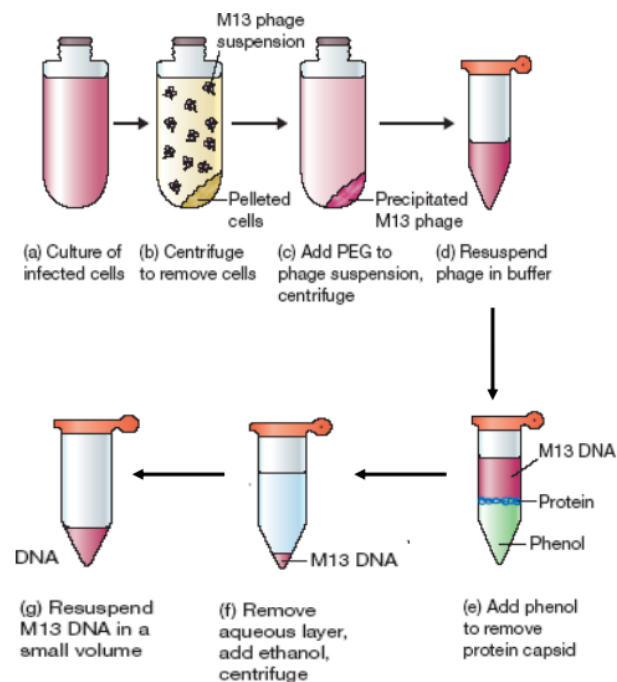
En primer lloc, s'han d'infectar els bacteris, induir el cicle lític i quan el cultiu esdevingui clar, es lisen amb cloroform. Es centrifuga el cultiu i al sobrenedant queden els fags i restes bacterianes. Per purificar les partícules fàgiques es pot fer per 2 procediments:

- **Gradients de CsCl:** El fag migrarà al seu punt de flotació. Amb una xeringa es punxa la banda amb fags, es desproteïnitza amb proteïnasa K, i es fa una extracció fenol-cloroform.
- **Precipitació amb polietilenglicol:** El PEG és un polímer que en presència de NaCl aglutina macromolècules. La suspensió de fag es tracta amb PEG i NaCl i s'incuba. Es centrifuga i al pellet quedaran els fags amb restes cel·lulars. Es re-suspèn el pellet i es fa una desproteïnitzaació i una extracció fenol-cloroform.

### 1.4.1 Purificació del genoma del fag M13

És un fag lisogènic però que allibera fags al medi sense lisar els bacteris. Quan al fag es troba dins el bacteri, queda en forma de plàsmid. Quan es generen les partícules fàgiques, el material genètic és dsDNA lineal. Per tant:

- Si es vol el DNA lineal: S'aïllen les partícules fàgiques.
- Si es vol el DNA com a plàsmid: S'aïllen els plàsmids de les cèl·lules bacterianes.



## 1.5 Aïllament de RNA

Es pot fer per:

- Gradients de CsCl: El RNA queda flotant a la part inferior del tub i es pot aïllar per mètodes ja coneguts.
- Tractament amb proteases/DNases i fenol

El RNA té algunes característiques que compliquen la seva manipulació:

- Inestabilitat
- Facilitat de degradació per la ubiquïtat de RNases. Els procediments incorporen inhibidors de RNases. El procediment es fa en fred i s'utilitza:
  - El dietilpirocarbonat (DEPC) en qualsevol solució que entri en contacte amb el RNA.
  - El tiocianat de guanidina desnatura les RNases.
  - El  $\beta$ -mercaptoetanol redueix les RNases.

---

El RNA s'ha de mantenir a temperatures baixes (ideal a  $-80^{\circ}\text{C}$ ).

Com que el mRNA eucariota presenta la poliadenilació a 3', es pot aïllar mitjançant una cromatografia d'afinitat. La resina de la columna conté una cel·lulosa unida a oligo-T, i així poder generar la llibreria de cDNA.

En el cas del mRNA procariota no es pot aïllar específicament. S'aïlla el RNA total.

## 1.6 Electroforesi d'àcids nucleics

Es basa en separar els àcids nucleics en un suport segons la seva mida. El suport genera uns porus pels quals passa el material genètic. La migració serà proporcional a la mida de l'àcid nucleic.

S'usen generalment 2 suports:

- **Poliacrilamida:** Genera porus molt petits. Gran resolució per fragments curts. Inferiors a 100 bp.
- **Agarosa:** Es poden preparar suports a diferents concentracions.

En concentracions petites, el gel separa bé els fragments curts però també els de més bp. Quan es va augmentant la concentració, augmenta la resolució dels fragments petits però no es distingeixen els més grans.



FIGURA 2: Marcador de DNA corregut en gels d'agarosa a diferents concentracions

---

Per fragments de RNA, es fa un gel d'agarosa amb un agent desnaturalitzant com el formaldehid.

### 1.6.1 Visualització de les bandes de DNA

1. Tinció amb agents intercalants com el EtBr o el SYBRsafe i s'irradia amb llum UV. L'agent intercalant es pot afegir al gel abans de solidificar o tenyir-lo després de córrer. La sensibilitat és de 25 ng.
2. Autoradiografia: Es detecten marques radioactives al material genètic. L'inconvenient és que s'ha de marcar el DNA/RNA. S'aplica un film fotogràfic per tal que impacti la radioactivitat i es revela la pel·lícula fotogràfica. Aquest sistema és més sensible. La sensibilitat és de 2 ng.

El marcador és el genoma del fag  $\lambda$  digerit amb HindIII. A l'esquerra el cromosoma bacterià no digerit és massa gran i no migra. A la dreta, es genera un smear quan s'analitza el cromosoma bacterià digerit amb una endonucleasa.

A baix, es visualitza un plàsmid no digerit i digerit. Al carril del plàsmid no digerit, hi ha diferents bandes que corresponen a les diferents conformacions espacials que pot adoptar el plàsmid.

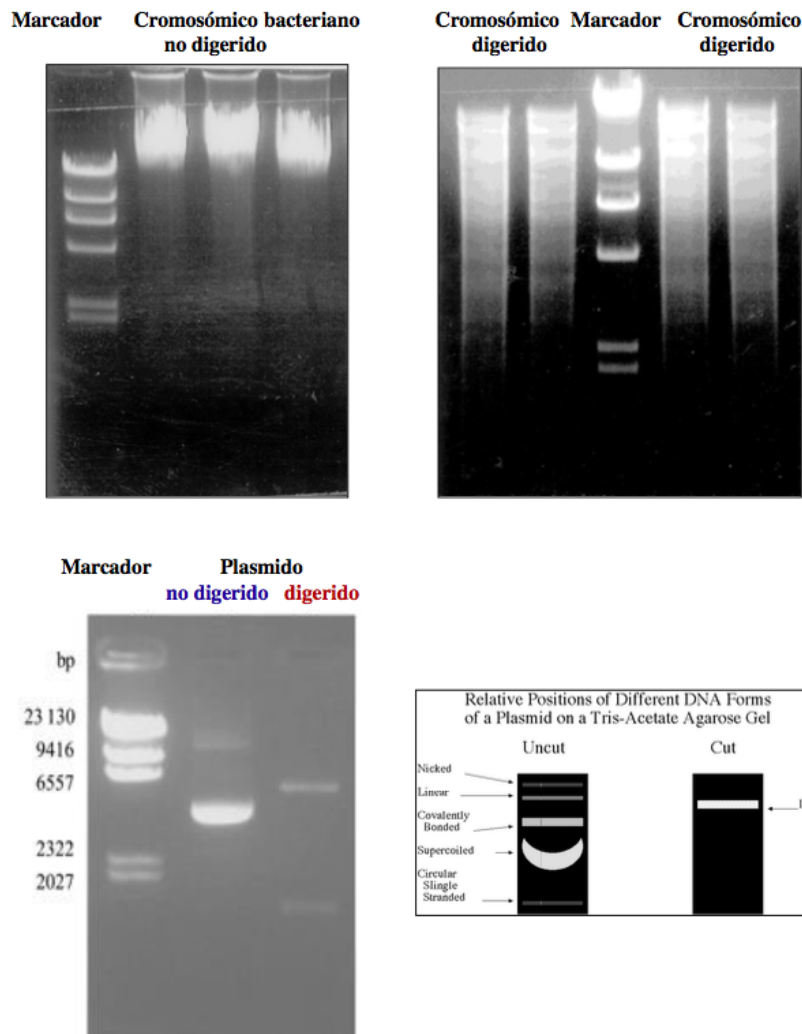


FIGURA 3: Visualització d'un cromosoma bacterià en un gel d'agarosa

### 1.6.2 Electroforesi de camp pulsant (PFGE)

Quan el material és molt gran (superior a 100 kb) no es pot aplicar a un gel d'agarosa normal. El que es fa és variar el sentit del corrent elèctric. Durant un temps va de positiu a negatiu, i després de negatiu a positiu i en diferents direccions; de manera que es genera una migració amb una trajectòria sinuosa i permet resoldre fragments de DNA de mida gran.

## 1.7 Quantificació de material genètic

Hi ha 2 mètodes:

1. **Mitjançant espectrofotometria.** El sistema de Nanodrop requereix 1  $\mu$ L de mostra sense diluir i així la detecció és precisa i no es perd mostra. Es basen en determinar l'absorbància a 260 nm (espectre UV). Hi ha una relació entre DO i  $\mu$ g de DNA:

- 1 unitat d'absorbància a 260 nm = 50  $\mu$ g/ml de dsDNA.

- 
- 1 unitat de absorbància a 260 nm = 40 µg/ml de dsDNA.

També es mesura l'absorbància a 280 nm (per determinar si hi ha proteïnes) i a 230 nm.

La relació  $\frac{A_{260}}{A_{280}}$  ha d'estar entre 1.8-2. Si és inferior, vol dir que la mostra està contaminada amb proteïnes i s'ha de tornar a purificar.

2. **Comparació amb marcador de quantitats conegudes.** Comparant la mostra amb un marcador es pot conèixer la quantitat de cada fragment. Si el fragment té una mida i intensitat de fluorescència similar a alguna banda del marcador, podem assumir que la concentració de la mostra és igual a la concentració del fragment homòleg del marcador.

Es pot fer una altra estimació. Es mesura la longitud migrada per cada fragment en relació a una línia de referència i es construeix una gràfica distància-mida del DNA.



---

## 2. Enzims per la manipulació dels àcids nucleics

Hi ha 4 grups d'enzims, que són els més utilitzats:

- Nucleases tant de DNA com de RNA. Les més importants són les endonucleases de restricció.
- Enzims de modificació: Afegeixen o eliminen grups químics a les cadenes de DNA. Són la fosfatasa alcalina i la polinucleotidil quinasa.
- Lligasa: Unió de fragments de DNA.
- Polimerases: Síntesi de DNA o RNA a partir d'un motlle.

### 2.1 Fragmentació d'àcids nucleics

Els àcids nucleics són polinucleòtids; polímers resultants de la unió mitjançant un enllaç fosfodièster d'un nombre variable d'unitats monomèriques bàsiques, anomenades nucleòtids.

Es poden fragmentar els àcids nucleics per mètodes físics com l'aplicació de pressió o sonicació per ultrasons.

Es poden tractar els àcids nucleics amb solucions àcids, p.e amb l'inconvenient de trencar enllaços pentosa-base nitrogenada. Amb una solució alcalina, es desnaturalitza la molècula i es fragmenten les molècules de RNA.

Les nucleases es poden agrupar en 2 grups:

- **Exonucleases:** Tallen la molècula per l'extrem i alliberen nucleòtids d'1 en 1.
- **Endonucleases:** Talls en posicions internes dels àcids nucleics.

En funció del tipus d'àcid nucleic sobre el que actuen:

- **Desoxiribonucleases:** Tallen DNA.
- **Ribonucleases:** Tallen RNA.

#### 2.1.1 Exonucleases

##### 2.1.1.1 RNasa H

Actua en híbrids DNA-RNA tallant la molècula de RNA. Presenta activitat exonucleasa 5'→3' i 3'→5'. Permet eliminar el RNA dels híbrids RNA-DNA.

Aquest enzim és útil per preparar llibreries de cDNA, és a dir per eliminar el RNA restant.

---

### 2.1.1.2 Exonucleasa III

Presenta activitat exonucleasa a extrems 3'-OH, que han de ser roms (és a dir d'igual longitud). Actua sobre dsDNA. Necessita cations  $Mg^{2+}$ . Genera extrems protuberants en 5'. No pot actuar sobre extrems 3' protuberants ja que hi ha una zona de DNA lineal. Sí que pot actuar en extrems 5' protuberants.

### 2.1.1.3 Nucleasa BAL31

Té activitat 3'-OH exonucleasa i endonucleasa. Té com a substrat ssDNA i dsDNA. L'activitat endonucleasa predomina quan hi ha ssDNA. Requereix de  $Ca^{2+}$ . Genera fragments amb extrems roms i alguns amb extrems protuberants.

## 2.1.2 Endonucleases

### 2.1.2.1 RNasa A

Presenta activitat endonucleasa en extrems 3' de pirimidines (C, U, T). Té com a substrat ssRNA. S'usa per degradar RNA en l'extracció de DNA genòmic.

### 2.1.2.2 RNasa T1

Presenta activitat endonucleasa en extrems 3' de G, prenent com a substrat ssRNA.

### 2.1.2.3 Nucleasa S1

Té activitat endonucleasa però té una certa activitat exonucleasa. Té com a substrat ssDNA i RNA. Requereix  $Zn^{2+}$  i pH àcid (4,5). Pot actuar sobre dsDNA amb zones lineals (amb gaps).

Serveix per eliminar extrems protuberants i genera dsDNA amb extrems roms.

### 2.1.2.4 DNasa I

És una endonucleasa que té com a substrat ssDNA i dsDNA. Requereix  $Mg^{2+}$  si actua sobre ssDNA.

En una molècula de dsDNA amb  $Mg^{2+}$  genera extrems amb protuberància amb 5' o 3'. Si actua amb  $Mn^{2+}$  genera extrems roms.

Si s'utilitza amb  $Mg^{2+}$  genera extrems protuberants sobre els quals pot actuar una polimerasa.

## 2.1.3 Endonucleases de restricció

Tallen dsDNA i són específiques en una seqüència concreta. La utilitat és que si es tracta DNA genòmic i plasmídic amb un mateix enzim de restricció es generen extrems compatibles en ambdues molècules, els quals es poden lligar.

Es van descobrir en bacteris que eren resistents a la infecció per bacteriòfags. Van veure que hi havia enzims que degradaven DNA del fag però no del bacteri. Això era degut perquè el genoma bacterià estava metilat en determinades seqüències i això feia que aquest enzim no pogués tallar en aquestes zones.

Per tant, els bacteris que expressen un determinat enzim de restricció expressen també una metilasa que reconeix la mateixa zona que l'enzim de restricció que metila aquesta seqüència i protegeix el genoma bacterià de la degradació per aquest enzim de restricció.

Hi ha 3 tipus d'endonucleases de restricció:

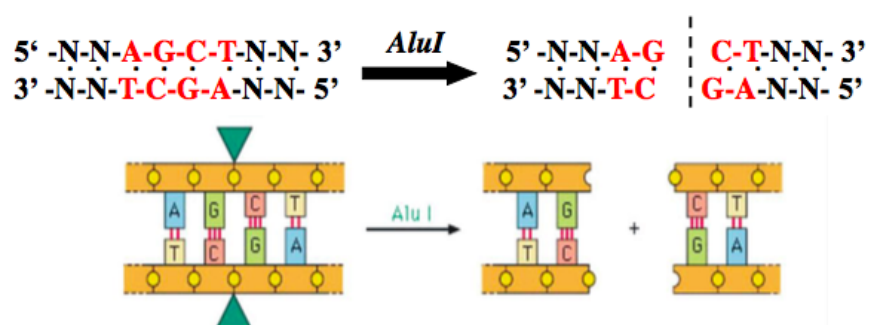
	Tipus I	Tipus II	Tipus III
<b>Estructura/Funció</b>	Únic, enzim multifuncional amb 3 subunitats diferents per unió, metilació i tall	Enzims separats per activitat endonucleasa i activitat de metilació	Enzim oligomèric amb activitat endonucleasa i metilasa que comparteixen una subunitat comú
<b>Lloc de reconeixement</b>	Asimètric	Palindròmic	Asimètric
<b>Lloc de tall</b>	Inespecífic	En el lloc de reconeixement	5-20 bp fora del lloc de reconeixement
<b>Cofactor requerit</b>	Mg <sup>2+</sup> , ATP, S-adenosilmetionina	Mg <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup> , ATP, S-adenosilmetionina

TAULA 1: Tipus d'endonucleases de restricció

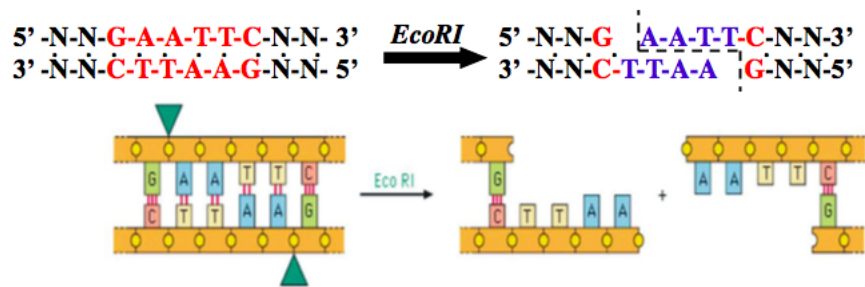
Com que les endonucleases de restricció de tipus II són independents a nivell estructural són independents de la metilasa. Reconeixen una seqüència específica o diana que pot ser de 4,6 o 8 nucleòtids.

Els enzims de restricció poden generar 2 tipus d'extrems a les cadenes de DNA:

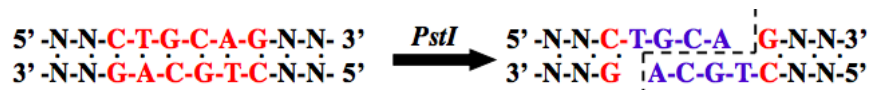
- **Extrems roms:** Genera talls simètrics, sense protuberàncies. Això s'anomena extrems roms, és a dir les dues cadenes complementàries tenen la mateixa longitud.



- **Extrems cohesius o protuberants:**
  - Extrems 5' protuberants



– Extrems 3' protuberants



Diferents enzims de restricció que reconeguin dianes diferents poden generar els mateixos extrems protuberants, de manera que siguin extrems compatibles.

Quan l'enzim produeix extrems roms, sempre són compatibles.

Alguns enzims són **isoesquizòmers**. Els isoesquizòmers són enzims diferents que reconeixen una mateixa diana que la tallen de la mateixa manera o no.

L'**activitat star** suposa que modificant la concentració d'ions divalents, incrementa l'activitat i que tallin en més punts del que farien habitualment.

### 2.1.3.1 Freqüència de reconeixement

Es té en compte els monòmers que formen el DNA i la longitud de la seqüència de reconeixement. Per un enzim de restricció amb una seqüència de reconeixement de 6 nt, podem estimar que la freqüència de reconeixement és de  $4^6 = 4096$ , és a dir que hi ha una diana cada 4096 nucleòtids.

Si agafem el genoma del fag lambda i el digerim amb BamHI, SalI i BglII que tenen una seqüència de reconeixement de 6 nt, esperàriem 12 dianes per cada enzim. En realitat però obtenim 6 dianes per BglII, 5 dianes per BamHI i 2 dianes per SalI. Aquestes desviacions són deguts a la presència de zones riques en GC/AT, la metilació d'alguns nucleòtids.

Si es volen pocs talls en un DNA, s'escullen 6-cutters. Si es vol més fragmentació, s'escullen enzims 4-cutters.

### 2.1.3.2 Digestions de DNA

Es necessita el DNA, la presència de condicions adequades (presència de  $Mg^{2+}$ , la concentració de sals com NaCl, el pH o la temperatura). El pH ha de ser neutre i la temperatura de 37°C. Finalment, s'ha de posar la quantitat adequada d'enzim de restricció.

Els enzims es compten per unitats (U). Alguns enzims requereixen sèrum d'albúmina bovina.

En l'exemple:

---

2 ug $\lambda$ (16 uL)
2 uL tampó 10x
0,5 uL BglII (està a 4U/uL)
1,5 uL
<hr/>
20 uL finals

La reacció s'incuba a 37°C a 1,5h.

Un cop s'acaba la digestió, es posa en un gel d'agarosa. Si interessa una banda determinada, es talla i s'extreu i es purifica.

Si només interessa obrir el vector, s'inactiva l'enzim per calor o amb fenol. Si després s'ha de processar el vector amb un altre enzim, es purifica per aclarir les sals del buffer de reacció.

Si es vol digerir el DNA amb 2 enzims que tenen tampons no compatibles, es fan digestions successives.

### 2.1.3.3 Càlcul d'unitats d'enzims de restricció

Una unitat de l'enzim de restricció X es defineix com la quantitat d'enzim necessari per digerir 100 ng de DNA del fag lambda durant 1h a 37°C. El genoma d'aquest fag conté 5 dianes per l'enzim X distribuïdes al llarg de les 50 kb. Quantes unitats es necessiten per digerir en condicions òptimes i en 1h, 1 ug de DNA de 5kb que conté 10 dianes per aquest enzim?

Si el DNA és més petit, en 1 ug hi haurà més molècules. Per tant, si el DNA que volem digerir és de 5kb necessitem 10 vegades més molècules d'enzim que el del fag. Com que hi ha el doble de dianes, es necessita 2 vegades més enzim, i com que  $1\text{ug}/100\text{ ng} = 10$ . Es necessiten 200 U de l'enzim per fer aquesta digestió.

### 2.1.3.4 Mapes de restricció

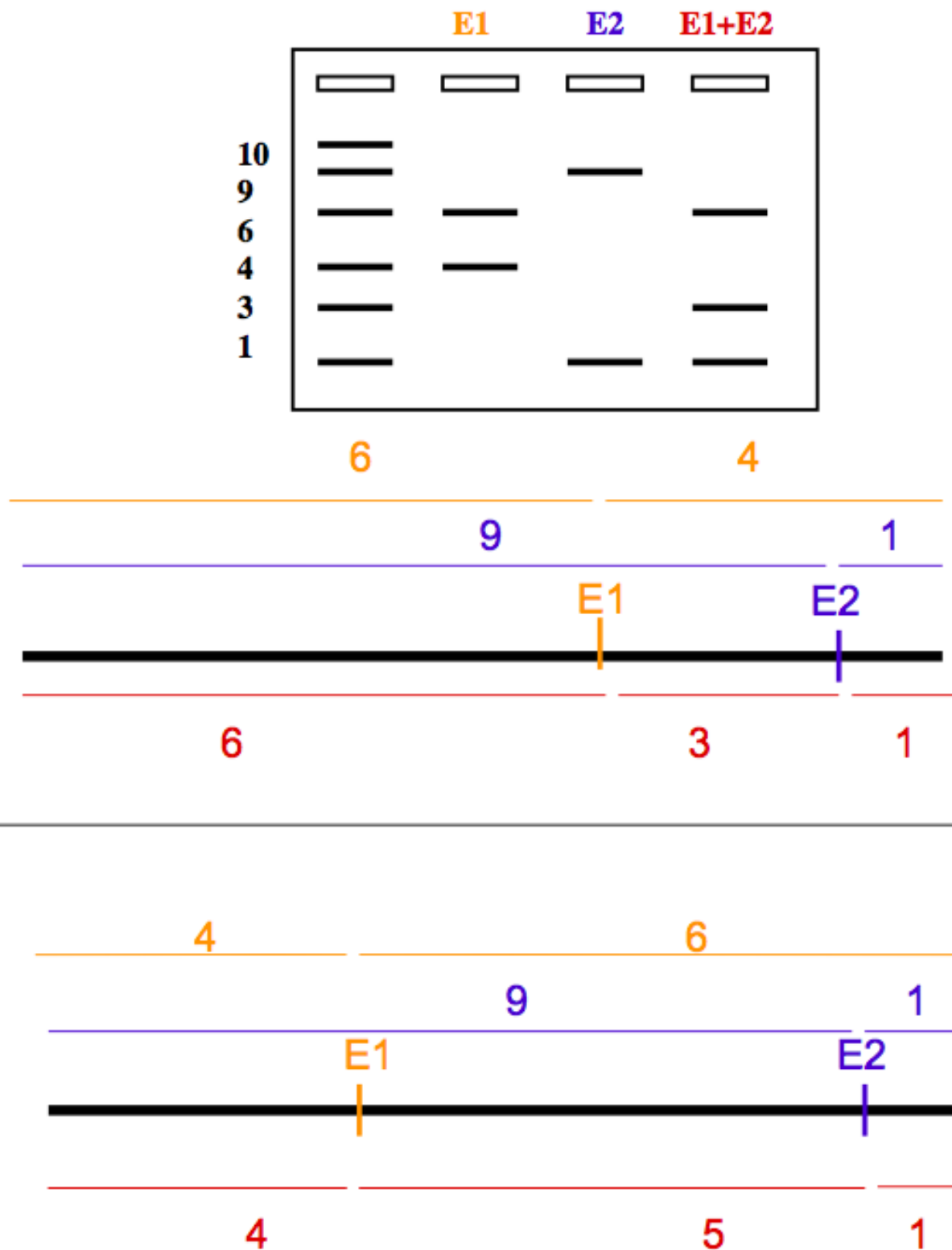
Mostren la distribució de dianes al llarg d'un fragment de DNA. Es pot aplicar per ubicar gens en un genoma. S'observa en quin fragment hi ha activitat del gen X i observar si el gen està complet i codifica la funció.

Es pot aplicar pel genotipat de certs polimorfismes compresos en la diana d'un enzim. Amplificant el producte per PCR, es pot veure si l'amplímer es talla o no per l'enzim.

Molt sovint, els mapes es fan amb digestions dobles. S'ha de tenir en compte si la molècula és de DNA lineal o circular ja que l'endonucleasa en un DNA lineal genera 2 fragments i en un DNA circular genera 1 fragment lineal.

### Problema 1

Un fragment de DNA de 10 kb és digerit per l'E2 i genera dos fragments de 1 i 9 kb. En ser digerit per l'E1 genera 2 fragments de 4 i 6 kb. En quina posició es troben les dianes corresponents a aquests enzims?



El DNA és lineal i cada enzim té 1 diana. Per establir la posició correcta s'ha de fer una doble digestió. Si la doble digestió dóna com a resultat una diana idèntica a una sola digestió, vol dir que el fragment no presenta la diana de l'altre enzim.

### 2.1.3.4.1 Problema 2

El DNA del fag lambda s'ha tallat amb diferents nucleases.

Tenir en compte que el DNA del fag lambda és lineal.

S'escull primer la endonucleasa que té un únic punt de tall.

A vegades, l'ordre dels fragments es pot determinar amb digestions parcials; és a dir que l'endonucleasa no talli en totes les seves dianes. La digestió es pot limitar amb menys unitats d'enzim o menys temps de reacció.

#### Single and double digestions

Enzyme	Number of fragments	Sizes (kb)
XbaI	2	24.0, 24.5
XhoI	2	15.0, 33.5
KpnI	3	1.5, 17.0, 30.0
XbaI + XhoI	3	9.0, 15.0, 24.5
XbaI + KpnI	4	1.5, 6.0, 17.0, 24.0

Conclusions:

(1) As  $\lambda$  DNA is linear, the number of restriction sites for each enzyme is XbaI 1, XhoI 1, KpnI 2.

(2) The XbaI and XhoI sites can be mapped:



The only possibility is:

15.0, 9.0, 24.5

(3) All the KpnI sites fall in the 24.5 kb XbaI fragment, as the 24.0 kb fragment is intact after XbaI-KpnI double digestion. The order of the KpnI fragments can be determined only by partial digestion.

#### Partial digestion

Enzyme	Fragment sizes (kb)
KpnI – limiting conditions	1.5, 17.0, 18.5, 30.0, 31.5, 48.5

Conclusions:

(1) 48.5 kb fragment = uncut  $\lambda$ .

(2) 1.5, 17.0 and 30.0 kb fragments are products of complete digestion.

(3) 18.5 and 31.5 kb fragments are products of partial digestion.

The KpnI map must be:

30.0, 1.5, 17.0

Therefore the complete map is:

15.0, 9.0, 6.0, 1.5, 17.0

---

## 2.2 Enzims modificadors d'àcids nucleics

Són enzims que introdueixen o treuen grups químics als àcids nucleics.

- **Fosfatasa alcalina:** Treu el grup fosfat a 5' de DNA o RNA. Deixa les molècules amb un extrem 5'-OH i així els enllaços fosfodièster no es poden regenerar.
- **Polinucleotidil quinasa:** Afegeixen fosfats a extrem 5'-OH a RNA i DNA.

La **deoxinucleotidil transferasa terminal** afegeix dNTP sense copiar cap motlle a un extrem 3'-OH. Actua en ssDNA i dsDNA. No es pot controlar la longitud. És dependent de Mn o Mg.

## 2.3 Unió de molècules de DNA. Lligases

Permeten unir 2 fragments de DNA amb extrems compatibles (roms o protuberants) o reparar ruptures dels enllaços fosfodièster entre nucleòtids adjacents. Si falta algun nucleòtid la lligasa no pot actuar.

La unió de fragments amb extrems protuberants és més senzill per la presència de complementarietat de bases.

### 2.3.1 Mecanisme d'acció de la lligasa

1. Adenilació de la DNA lligasa: La reacció ha de contenir ATP.
2. Activació del 5'-fosfat.
3. Desplaçament del AMP i connexió de les cadenes.

Els productes resultants d'una lligació poden ser:

- El vector es pot tornar a tancar sobre si mateix, o amb altres vectors. El vector es multiplicarà i es perd eficiència en el clonatge.
- Unió de diversos inserts: Quan es transformin bacteris, els inserts es perdran perquè no tenen punt de replicació...
- Unió de diversos inserts al vector
- Unió de l'insert al vector

Per evitar la recircularització del vector, es pot tractar el vector amb fosfatasa alcalina i l'insert es tracta amb polinucleotidil quinasa i així la lligació és específica. S'introdueix l'insert dins el vector. Es restableix l'enllaç fosfodièster en 2 punts i els punts on no hi ha enllaç es reparen a la cèl·lula hoste.



- 
- **Lligació de fragments amb extrems idèntics:** L'insert es pot col·locar en 2 direccions. Això és interessant per dirigir l'expressió en funció de cadena + o -. Pot ser que el vector es tanqui sobre si mateix quan es tracta amb la lligasa, que es pot evitar utilitzant una fosfatasa alcalina.
  - **Lligació de fragments idèntics amb extrems diferents:** Per forçar que l'insert es col·loqui en una direcció determinada es fan servir enzims de restricció diferents per generar els extrems cohesius, de manera que el vector no es tancarà sobre si mateix. L'insert s'ha de generar de la mateixa manera.

Els extrems es poden alterar:

- **Transformació d'extrems cohesius en roms:** Amb la utilització de polimerases o de nucleases com la S1. Només es poden utilitzar polimerases quan hi ha un extrem protuberant 5' (que tingui un 3'-OH lliure).
- **Transformació d'extrems roms en cohesius:**
  - Connectors: oligos de dsDNA que tenen la diana que per l'enzim que interressi. Un cop es generi el fragment d'interès, es lliguen els connectors al fragment i es digereix la construcció amb l'enzim que ens interressi.
  - Adaptadors: Són fragments amb el un extrem rom i un altre protuberant. Es tracta el fragment i l'adaptador amb lligasa i es posa polinucleotid quinasa per generar un 5'-fosfat.
  - Generació d'homopolímers: S'afegeix un dNTP concret i la deoxinucleotid transferasa terminal i afegeix una cua de poliN. El vector ha de tenir cues complementàries a les del nostre fragment. Es posa una polimerasa per reparar els nicks i finalment amb lligasa per clonar el fragment.

## 2.4 Polimerases

Hi ha 2 grups de polimerases:

- DNA polimerases
  - DNA dependents
  - RNA dependents
- RNA polimerases
  - DNA dependents
  - RNA dependents

Les polimerases són enzims que generen material genètic de nou a partir d'un motlle de RNA o DNA. La polimerasa necessita dNTP o NTP, que es col·loquen a l'extrem 3'-OH. De manera natural, el 3'-OH d'una cadena motlle no té extrems 3'-OH lliures. Per suplir això, es necessiten una parella de primers.

---

## 2.4.1 DNA polimerases

### 2.4.1.1 DNA polimerasa I

L'activitat primària és l'activitat polimerasa 5'→3' i requereix Mg<sup>2+</sup> i dNTP. Una altra activitat primària és l'activitat exonucleasa 5'→3'. Actua sobre dsDNA amb primer o amb dsDNA amb gaps. Quan omple un gap, després actua com a exonucleasa i allibera la cadena de nucleòtids fins al final de 3'. La utilitat d'això és incloure nucleòtids marcats, p.e.

Com a activitat secundària és una exonucleasa 3'→5', pel que pot fer perillar la integritat dels primers. Aquesta activitat és *proofreading* i serveix per corregir errors.

Té activitat RNasaH, però és molt baixa.

S'han generat formes de la DNA polimerasa I sense activitat exonucleasa 5'→3' i amb activitat exonucleasa 3'→5' molt reduïda, i s'anomena **Klenow**. Amb aquest enzim modificat, es poden transformar extrems protuberants en roms. Un fragment de DNA amb 5'-protuberant, la cadena complementària fa de primer.

### 2.4.1.2 DNA polimerasa del bacteriòfag T4

Té activitat polimerasa 5'→3' i requereix Mg<sup>2+</sup> i dNTP. Té activitat exonucleasa 3'→5' molt activa. Serveix per eliminar extrems 3' protuberants i transformar-los en roms.

### 2.4.1.3 DNA polimerasa del bacteriòfag T7

Té un temps d'inactivació molt alt, el que permet la síntesi de fragments llargs. Té activitat polimerasa 5'→3' i requereix Mg<sup>2+</sup> i dNTP. Té activitat exonucleasa 3'→5' molt activa.

### 2.4.1.4 Secuenasa

Modificació de la DNA polimerasa del bacteriòfag T7; sense activitat exonucleasa 3'→5'. S'usa en reaccions de seqüenciació.

Aquestes polimerases tenen una temperatura òptima de 37°C.

### 2.4.1.5 DNA polimerases termoestables

Actuen a temperatures elevades (60°C), pel que s'evita la inactivació quan es desnatura el DNA. S'han aïllat de termòfils.

Tenen activitat polimerasa 5'→3' termoestable. No totes tenen activitat *proofreading*. La Taq tendeix a fer errors de síntesi ja que no té aquesta activitat.

<b>TABLE 2.1: Thermostable DNA polymerases and their sources</b>							
<b>DNA polymerase</b>	<b>Natural/recombinant</b>		<b>Source</b>				
<b>Taq</b>	Natural		<i>Thermus aquaticus</i>				
Amplitaq <sup>®</sup>	Recombinant		<i>T. aquaticus</i>				
Amplitaq <sup>®</sup> (Stoffel fragment)	Recombinant		<i>T. aquaticus</i>				
Hot Tub <sup>™</sup>	Natural		<i>Thermus flavus</i>				
Pyrostate <sup>™</sup>	Natural		<i>T. flavus</i>				
Vent <sup>™</sup>	Recombinant		<i>Thermococcus litoralis</i>				
DeepVent <sup>™</sup>	Recombinant		<i>Pyrococcus</i> GB-D				
Tth	Recombinant		<i>Thermus thermophilus</i>				
Pfu	Natural		<i>Pyrococcus furiosus</i>				
UITma <sup>™</sup>	Recombinant		<i>Thermotoga maritima</i>				

	<b>Taq/ Amplitaq<sup>®</sup></b>	<b>Stoffel fragment</b>	<b>Vent<sup>™</sup></b>	<b>Deep- Vent<sup>™</sup></b>	<b>Pfu</b>	<b>Tth</b>	<b>UITma<sup>™</sup></b>
Thermostability - half-life at 95°C (min)	40	80	400	1380	> 120	20	> 50 <sup>b</sup>
5'→3' exonuclease activity	Yes	No	No	No	No	Yes	No
3'→5' exonuclease activity	No	No	Yes	Yes	Yes	No	Yes
Processivity	50–60	5–10	7	n.i.	n.i.	30–40	n.i.
Extension rate (nt/sec)	75	> 50	> 80	n.i.	60	> 33	n.i.
Reverse transcriptase activity	Weak	Weak	n.i.	n.i.	n.i.	Yes	n.i.
Resulting DNA ends	3' A	3' A	> 95% blunt	> 95% blunt	n.i.	3' A	Blunt
Strand displacement	n.i.	n.i.	Yes <sup>a</sup>	Yes <sup>a</sup>	n.i.	n.i.	n.i.
Molecular weight (kDa)	94	61	n.i.	n.i.	92	94	70

Both Vent and Pfu are also available in an exonuclease minus (exo<sup>-</sup>) form.  
<sup>a</sup> Strand displacement is temperature dependent.  
<sup>b</sup> Measured at 97.5°C.  
n.i. No information.

## PCR

S'ha de conèixer o bé la seqüència diana o les zones flanquejants per poder dissenyar els encebadors. Hi ha 3 etapes:

1. Desnaturalització del DNA a 95°C
2. Hibridació (*annealing*) dels primers a una temperatura d'hibridació correcta.
3. Extensió

Si això es fa *n* vegades, s'aconsegueixen fragments de la mateixa mida. Això permet la obtenció d'una gran quantitat d'un fragment de DNA d'interès.

### 2.4.1.6 Transcriptasa inversa

Té activitat polimerasa 5'→3' i requereix Mg<sup>2+</sup> i dNTP. El substrat és RNA. Necessita un encebador. Algunes tenen activitat RNasaH.

La transcripció inversa de mRNA és una reacció per obtenir una lliberia de cDNA. Es mescla mRNA amb transcriptasa inversa i oligos de dT que actuaran com a primers. Això generarà una 1ra cadena de DNA. Amb una RNasaH s'elimina el RNA i una DNA polimerasa DNA dependent per sintetitzar la 2na cadena. La nucleasa S1 elimina els loops de DNA simple i així es pot lligar el cDNA a un vector.

---

### 2.4.2 RNA polimerases

Tenen activitat RNA polimerasa 5'→3' a partir de dsDNA amb promotors. Requereix Mg<sup>2+</sup> i rNTP. Es genera mRNA.

Hi ha promotors usats en enginyeria genètica que reconeixen polimerases per millorar l'expressió. Si en un vector d'expressió, es clona un gen *downstream* d'un d'aquests promotors i es transfecta en un organisme que tingui polimerases que reconeguin aquests promotors i aconseguir una elevada expressió d'aquest gen. Els vectors poden acceptar gens en ambdues direccions o promotors que duguin gens en diferents direccions.

---

## 3. Estudi de la seqüència d'àcids nucleics.

### Marcatge

Hi ha 2 mètodes principals:

1. Marcatge uniforme: La marca és uniforme al llarg de la seqüència d'àcids nucleics.
2. Marcatge d'extrems

### 3.1 Marcatge uniforme

Es pot fer:

- **Radioactivitat:** amb  $^{32}\text{P}$ . Els NTP tenen 3 grups fosfat (gamma, beta, alfa). Quan el NTP s'incorpora en una cadena d'àcids nucleics només queda l'alfa. Per tant, la marca s'ha de situa en alfa.
- **Sense radioactivitat:** La marca s'introdueix a un C de les bases nitrogenades. El més utilitzat és UTP. Una marca habitual és la biotina (amb afinitat per l'estrepto-vidina), la digoxigenina (detecció amb anticossos) i Alexa (fluorescent).

#### 3.1.1 Introducció de marques

1. **Nick translation:** Marcar DNA de doble cadena. Es tracta el DNA amb DNasa I. S'usa una polimerasa que tingui activitat exonucleasa  $5' \rightarrow 3'$ , com la DNA polimerasa I en forma d'holoenzim (completa).
2. **Primer extension:** Es pot marcar tant DNA doble com simple. Es desnaturalitza el DNA (si és doble). S'utilitzen primers a l'atzar, que són seqüències aleatòries de 6-8 nt que s'uniran a diferents punts de la cadena de DNA.

Es pot fer per PCR de manera que s'obté gran quantitat de DNA marcat. El mix de dNTP té un d'ells marcat.

En la RT-PCR, es poden usar primers específics o no per retrotranscriure el RNA. Es degrada el RNA amb RNasa H. S'afegeix una DNA polimerasa i dNTP marcats i es fa una PCR normal.

Per fer una **sonda RNA**, s'usa un vector d'expressió on hi ha clonat el gen del qual volem el mRNA. Es clona el gen d'interès en un plàsmid amb promotors forts en la direcció que interressi. Es linearitza el plàsmid sense malmetre ni el gen ni el promotor. Després es fa una reacció amb una RNA polimerasa i rNTP marcats. Per purificar els productes d'expressió, es fa una reacció amb DNasa I i eliminar el DNA.

---

## 3.2 Marcatge d'extrems

### 3.2.1 Marcatge a l'extrem 3'

En funció de si hi ha:

- Si hi ha un **extrem protuberant en 5'**, s'amplifica amb el fragment Klenow i dNTP marcats.
- Si hi ha un **extrem rom o protuberant en 3'**, es fa servir una polimerasa amb activitat 3'->5', com la polimerasa T4.
  - Extrems roms: S'introdueix la polimerasa T4 i NTP que es trobin a l'extrem del fragment que es trobin marcats. La polimerasa actua com a exonucleasa fins que trobi un NTP que pugui col·locar.
  - Extrem 3' protuberant: La polimerasa T4 elimina l'extrem 3' protuberant fins que trobi un nucleòtid que pugui col·locar (que serà el marcat).

### 3.2.2 Marcatge a l'extrem 5'

S'ha d'usar ATP marcat a gamma. Es fa amb la polinucleotidil quinasa.

- Forward reaction: La fosfatasa alcalina treu el fosfat a 5', i la polinucleotidil quinasa restableix el fosfat, aquest ja marcat.
- Exchange reaction: La polinucleotidil quinasa genera ATP treient el fosfat de 5' i després es posa l'ATP ja marcat amb la polinucleotidil quinasa.

## 3.3 Sondes

Una sonda és un fragment de DNA o RNA que s'utilitza per detectar la presència de DNA o RNA de seqüència parcial o totalment complementària. Les complementarietats parcials generen híbrids molt inestables.

### 3.3.1 Dot Blot

En una llibreria amb X colònies, conté un gen d'interès que és similar al mateix gen d'un altre organisme. Es pot generar una sonda a partir del gen d'aquest 2n organisme per detectar quin clon de la llibreria és positiu per aquest gen.

1. La colònia es transmet a una membrana de niló (el niló té càrrega positiva i el DNA negatiu).
2. Es trenquen les colònies i es desnatura el DNA.
3. Unió del DNA a la membrana per exposició a UV o a calor.

- 
4. Bloqueig de la membrana per evitar unions inespecífiques.
  5. Desnaturalització de la sonda i aplicació a la membrana.
  6. Rentat de la membrana i revelat de la membrana.

### 3.3.2 Southern Blot

Es basa en la detecció de seqüències de DNA genòmic o plasmídic.

1. Fragmentació del DNA amb endonucleases + gel d'agarosa
2. Desnaturalització amb tractaments alcalins (NaOH)
3. Transferència a un filtre. El tampó difon pel gel d'agarosa fins al filtre, on arrosega el DNA i el fixa.
4. Bloqueig del filtre i fixa el DNA amb UV.
5. Hibridació de la sonda.

### 3.3.3 Detecció de sondes

- Sondes radioactives: Detecció per exposició a una pel·lícula de rajos X
- Sondes no radioactives:
  - Detecció directa
    - \* Flurocroms: Visualització al microscopi de fluorescència.
    - \* Peroxidasa: La sonda marcada amb peroxidasa s'hibrida amb un DNA mostra i es visualitza amb la incubació amb luminol, que en degradar-lo genera luminiscència i exposant-lo a una pel·lícula fotogràfica.
  - Detecció indirecta
    - \* Sondes marcades amb digoxigenina: La sonda incorpora una marca de digoxigenina i es revela amb anticossos contra la digoxigenina. Els anticossos poden estar associats a un flurocrom o bé enzims (fosfatasa alcalina) o bé usar anticossos secundaris. La fosfatasa alcalina pot generar productes colorimètrics (BCIP) o quimioluminiscent (dioxetan).
    - \* Sondes marcades amb biotina: Es revela amb estreptavidina-avidina marcats amb un flurocrom o un enzim. La senyal és més potent ja que la sonda pot tenir diverses marques de biotina. Aquests sistemes poden ser amplificables mitjançant l'ús d'anticossos anti-avidina amb biotina.

---

## II. CLONATGE

---

### 4. Clonatge. Cloning PCR

La unió d'un insert en un vector genera una molècula de DNA recombinant. L'insert pot provenir de:

1. Genoma digerit amb endonucleases
2. Fragments de DNA digerits amb endonucleases
3. cDNA
4. Fragments amplificats per PCR o RT-PCR

#### 4.1 PCR per clonar

En funció de la naturalesa del producte de PCR, es segueixen estratègies diferents:

1. **Extrems roms:** Si el producte de PCR té extrems roms, es pot clonar en un vector obert amb extrems roms o transformar els extrems roms de l'insert en cohesius per lligar-lo en un vector amb extrems cohesius.
2. **Nucleòtid adicional:** La TaqPOL genera un extrem protuberant en 3' amb un A. Llavors es pot clonar en un vector ja preparat amb una T protuberant. L'altra opció és transformar-los en extrems roms amb la nucleasa S1 o la polimerasa T4.
3. **Primers amb diana:**
  - Diana dins el primer: Es dissenyen primers flanquejants del gen que continuïn les dianes de restricció que interessin.
  - Diana en extensió del primer en 5': El gen no conté la diana de restricció adequada per clonar-lo en el vector, llavors s'introdueixen les dianes per PCR.

#### Problema

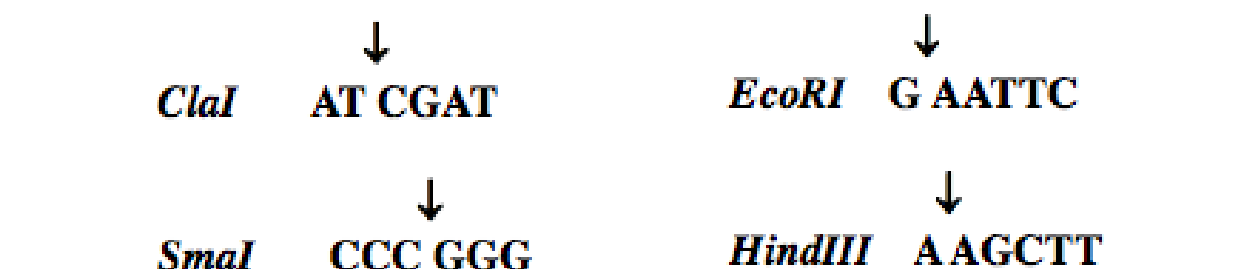
En la figura es mostra de forma esquemàtica un fragment de DNA del que coneixem la seqüència dels extrems.

5' CGATCCTAGAATAC.....TAACCCGGGAACAA 3'  
3' GCTAGGATCTTATG.....ATTGGGCCCTTGT 5'

- a) Dissenya 2 primers per amplificar-la per PCR.



b) Volem amplificar el fragment per inserir-lo a continuació al *polilinker* d'un vector que conté únicament aquestes dianes de restricció:



Dissenya els primers corresponents sense usar ni connectors ni adaptadors.

A) 5' CGATCCTAGAATAC.....3'  
5'TTGTTCCCGGGTTA.....3'

5' CGATCCTAGAATAC.....TAACCCGGGAACAA 3'

5' CGATCCTAGAATAC.....3'  
3' GCTAGGATCTTATG.....ATTGGGCCCTTGTT 5'

B) 5' ATCGATCCTAGAATAC.....3'  
5' TTGTTCCCGGGTTA.....3'

## 4.2 Clonatge en vectors

Quan es clona un gen en un vector, poden passar 3 coses:

- Vectors auto-lligats
- Molècula recombinant amb el gen que volem
- Molècules recombinants errònies

### 4.2.1 Selecció dels transformants

S'usen vectors que continguin gens de resistència a antibiòtics. Quan els bacteris es cultiven en un medi que conté antibiòtics només creixen els bacteris que han incorporat el vector.

---

### 4.2.2 Transformació

Hi ha bacteris que tenen transformació natural. El més habitual és induir la transformació mitjançant la generació de cèl·lules competents.

- Cèl·lules competents amb un tractament amb  $\text{CaCl}_2$  en fred, el plàsmid s'uneix a la paret, s'incuba a  $42^\circ\text{C}$  durant 2 minuts.
- Electroporació: Una descàrrega elèctrica provoca forats a la paret, pel qual entra el plàsmid. Es posen els bacteris en un medi de recuperació.

En cèl·lules eucariotes també hi ha diferents mètodes:

- Transfecció: Es tornen les cèl·lules competents amb  $\text{CaCl}_2$  i es precipita el DNA sobre la monocapa de cèl·lules animals. En cèl·lules vegetals, s'ha de degradar la paret de cel·lulosa i fer tornar les cèl·lules competents.
- Lipofecció: El material genètic es posa en contacte amb el material genètic de manera que es formi una vesícula tipus liposoma que contingui el DNA. Es poden en contacte els liposomes amb les cèl·lules a transfectar. El liposoma es fusiona amb la membrana plasmàtica i penetra el material genètic.
- Electroporació
- Microinjecció: S'injecta directament al nucli de la cèl·lula que interressi.
- Microprojectils: Projectils de tungstè recoberts del material genètic. Introducció amb pistoles gèniques.

---

## 5. Vectors de clonatge

### 5.1 Requisits dels vectors de clonatge

Han de tenir les següents característiques:

- Penetrar i mantenir-se a la cèl·lula hoste
- Replicar-se a la cèl·lula hoste: Ha de tenir un origen de replicació adequat per la cèl·lula hoste. El vector es pot integrar de forma episomal o mantenir-se independent com a forma plasmídica.
- Marcador genètic per la seva selecció: Els més utilitzats són els gens de resistència a antibiòtics. Després es suplementa el medi de creixement amb aquest antibiòtic per seleccionar els bacteris que han integrat el plàsmid.

La majoria de vectors són d'origen natural.

Hi ha els següents tipus de vectors:

- Plàsmids
- Genoma de bacteriòfags (incloent els còsmids)
- Vectors per llevats
- Vectors per eucariotes superiors

La capacitat de càrrega d'un plàsmid (mida de l'insert) és de 3-4 kb.

Una característica important són els **grups d'incompatibilitat** dels plàsmids, són plàsmids que tenen el mateix origen de replicació i que no poden coexistir en una cèl·lula hoste. Si es volen clonar 2 gens es pot fer en tàndem en 1 mateix plàsmid o en 2 plàsmids amb orígens de replicació diferents.

Hi poden haver diferents còpies del plàsmid en una mateixa cèl·lula: hi ha plàsmids *high copy* o *low copy*.

### 5.2 Manipulació de plàsmids

#### 5.2.1 Construcció del plàsmid pBR322

Es va partir del ColE1 i es va extraure l'origen de replicació. Es va digerir i es va introduir un cassette de resistència a ampicil·lina de R1. Es va introduir un altre cassette de resistència a antibiòtics. La idea d'introduir 2 cassettes de resistència és diferenciar els clons recombinants si l'insert trunca 1 dels 2 cassettes.

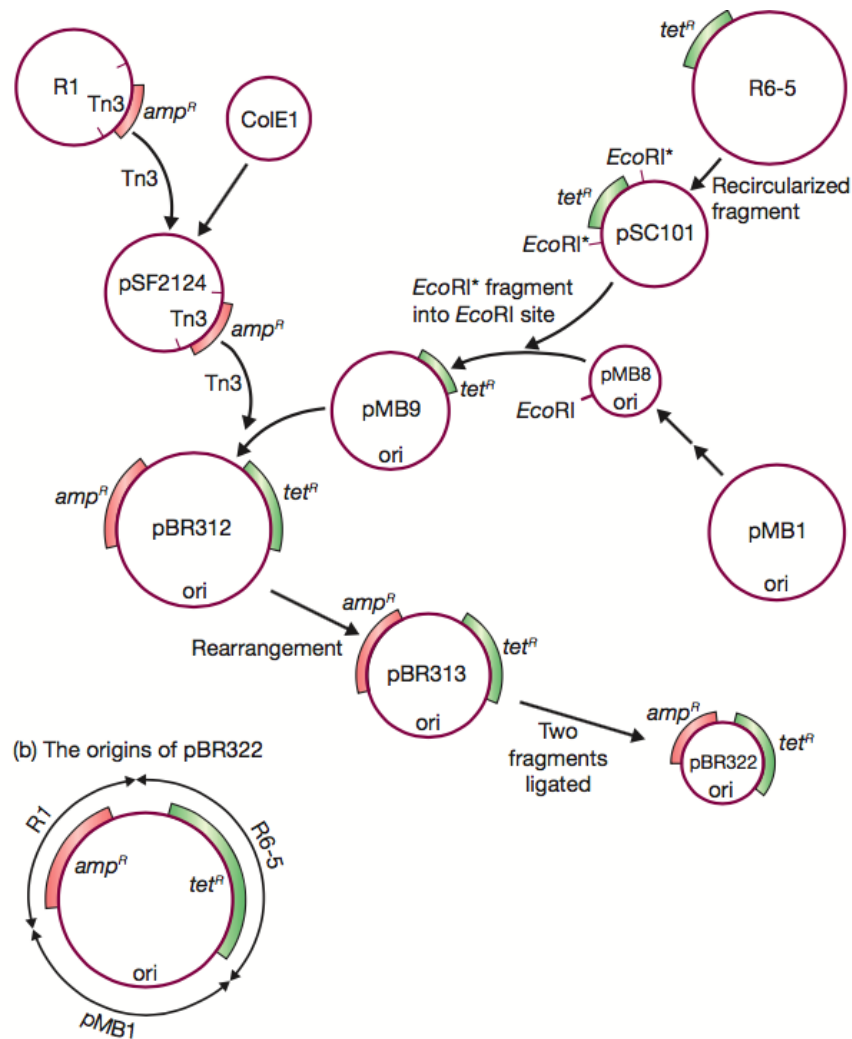


FIGURA 4: Obtenció original de pBR322

Es clona un gen dins el vector usant *Bam*HI. Això provoca que es trenqui el cassette de resistència a tetraciclina.

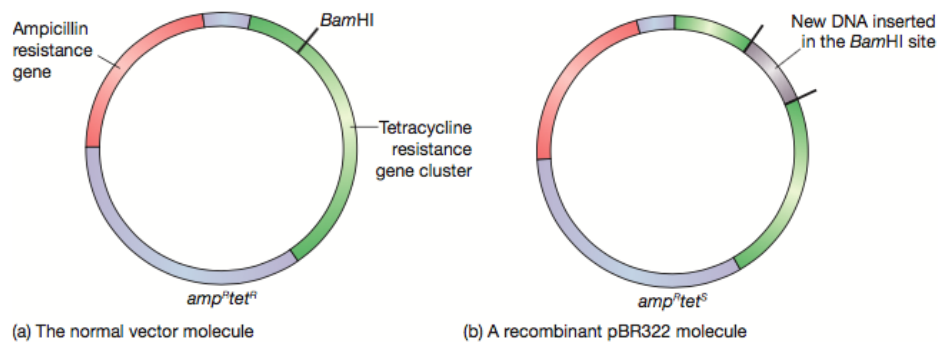


FIGURA 5: Clonatge d'un gen a pBR322

La selecció es fa en 2 passos: En 1 placa amb ampicilina i altra amb tetraciclina i es plaquegen les colònies en la mateixa posició. S'incuben i es mira quines colònies han crescut. Si la colònia ha crescut en les 2 plaques, es descarta ja que només hi ha el plàsmid nu. S'agafen les colònies que només en crescut en ampicil·lina.

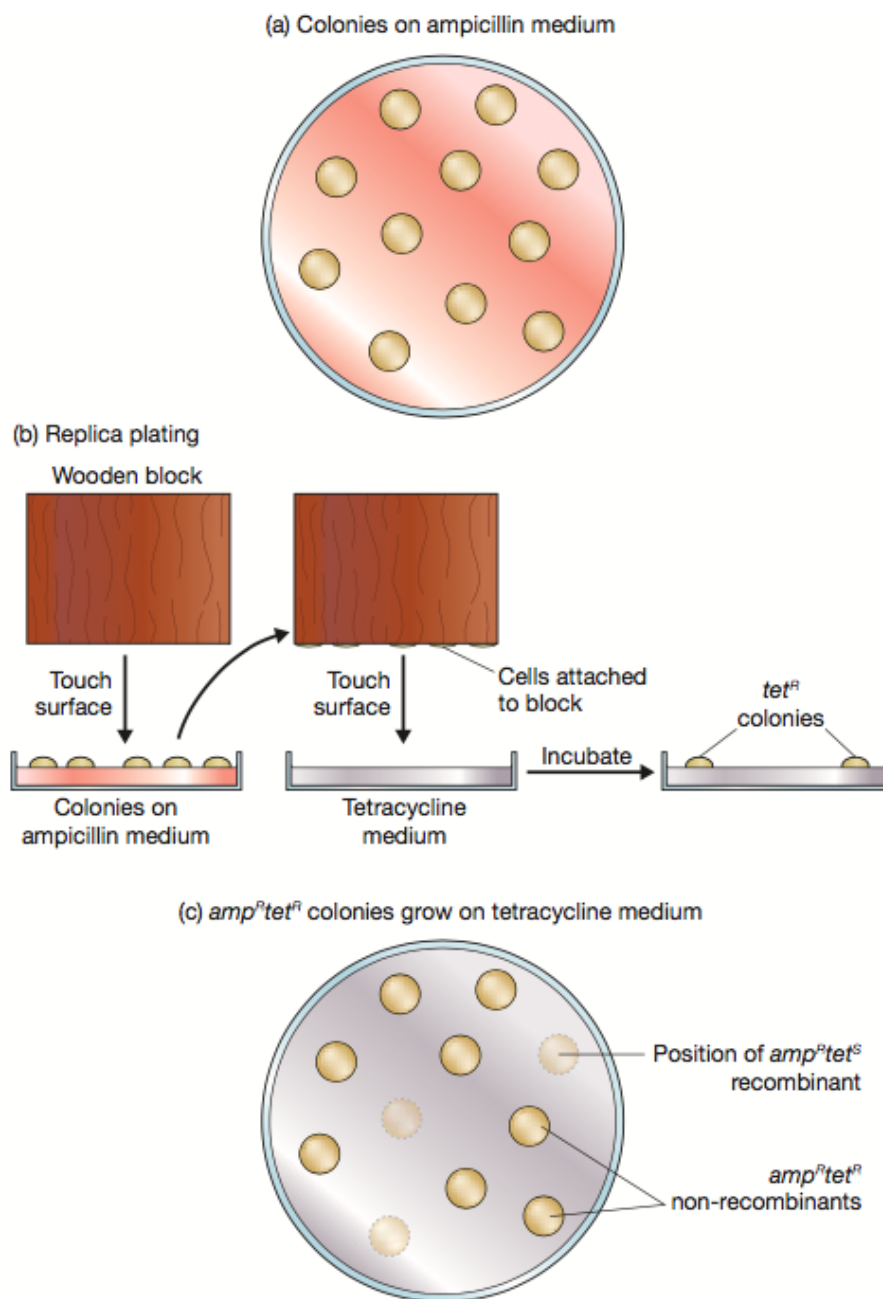


FIGURA 6: Selecció dels transformants per pBR322

### 5.2.2 Plàsmid pUC8

Tenen només un gen de resistència. A més, s'ha introduït el gen *lacZ'*. *lacZ* codifica per la  $\beta$ -galactosidasa. *lacZ'* codifica només una part de la  $\beta$ -galactosidasa. Aquesta zona és un polilinker (zona de policlonatge) amb moltes dianes de restricció úniques. A 5' es col·loca un pLac, que és un promotor fort per afavorir la transcripció del gen introduït al polilinker. L'hoste ha de tenir l'altra part de la  $\beta$ -galactosidasa, de manera que entre el plàsmid i l'hoste formin l'enzim plenament funcional.

Aquests vectors permeten la selecció de bacteris que tinguin el vector i siguin recombinants.

Com que el clonatge de l'insert trunca el *lacZ'*, la selecció es per complementació intra-

---

al·lèlica. Quan es transformen les cèl·lules amb pUC8, es pot formar l'enzim complet a la cèl·lula hoste. Quan X-Gal es trenca per la galactosidasa genera un color blau; i així es poden detectar els clons recombinants:

- Si la colònia és de color blau: la galactosidasa hidrolitza X-Gal i per tant no és recombinant (és a dir l'insert no s'ha lligat a la zona polilinker de lacZ').
- Si la colònia és de color blanc: la galactosidasa no és funcional i per tant l'insert s'ha lligat a la zona polilinker.

pLac és un promotor induïble per IPTG. Així a la placa de cultiu s'ha de posar l'anti-biòtic (ampicil·lina), X-Gal i IPTG.

### 5.2.3 Fagèmids

Són plàsmids que tenen seqüències de fags. pEMBL8 té un gen de resistència a ampicil·lina, lacZ' i seqüències M13, que permetin induir còpies de DNA senzill i puguin ser empaquetades en un fag.

## 5.3 Vectors d'expressió

Els vectors d'expressió tenen un promotor fort, una caixa Shine-Dalgarno i la seqüència codificant. Molts vectors tenen seqüències terminadores.

Els promotors dels vectors d'expressió poden ser:

- Induïbles: A nivell basal no hi ha expressió. Quan s'introdueix un efector positiu, s'activa l'expressió del gen. Exemple de l'operó Lac induïble per IPTG.
- Repressibles: A nivell basal hi ha expressió. La introducció d'un efector provoca el silenciament de l'expressió. Exemple de l'operó Trp reprimible per triptòfan.

Quan s'expressen gens heterològament hi poden haver problemes amb la traducció (col·locació correcta dels aminoàcids en funció dels codons), plegament correcte... Per això es fan proteïnes de fusió. El que es fa és clonar l'insert enganxat a un gen bacterià sense alterar la pauta de lectura.

## 5.4 Vectors derivats del fag $\lambda$

El genoma del fag  $\lambda$  té una regió que no és essencial pel seu cicle vital. El genoma de  $\lambda$  pot circularitzar perquè té unes regions als extrems de cadena senzilla que són complementaris. Aquests extrems s'anomenen *cos*. El genoma de  $\lambda$  de forma episòmica es replica com a cercle rodant de forma concatenada. Un enzim de  $\lambda$  reconeix les seqüències *cos* i les talla. El fag  $\lambda$  reconeix els extrems *cos* i els empaqueta. Els fragments que es poden clonar en aquesta regió no essencial han de ser d'unes 3 kb.

---

Un problema és que els enzims de restricció tenen més de 1 diana al genoma de  $\lambda$ . L'objectiu és limitar les dianes esperant mutacions naturals que les eliminin. A més, s'han eliminat els gens no essencials.

Hi ha 2 vectors derivats de  $\lambda$ :

- **Vectors d'inserció:** S'ha eliminat la zona no essencial i s'ha introduït una diana de restricció.
  - $\lambda$ gt10 porta una diana EcoRI al gen cI (controla el cicle lisogènic). Els fags que tinguin un insert en cI tindran cicle lític i els que no seguiran un cicle lisogènic. Les calbes transparents suposen que  $\lambda$  segueix un cicle lític i per tant són recombinants; llavors es fa un raspat de les calbes i es recupera el fag recombinant. Si hi ha calbes tèrboles, vol dir que no hi ha fag recombinant.
  - $\lambda$ zapIII porta el gen lacZ' amb una diana a l'interior. S'introdueix en un bacteri que porti l'altre lacZ amb X-gal i IPTG. Si les colònies són clares vol dir que el fag és recombinant, si són blaves vol dir que el fag no és recombinant.

- **Vectors de substitució:**

---

## 6. Genoteques

### 6.1 Llibreries genòmiques

Les llibreries genòmiques estan construïdes mitjançant inserció de diferents fragments del genoma de l'organisme, obtinguts per digestió, en un vector de clonatge apropiat.

El nombre de clons representatius d'un genoma dependran de la mida del genoma i la mida dels fragments generats.

Es pot calcular com:

$$N = \frac{\ln(1 - P)}{\ln(1 - \frac{a}{b})} \quad (1)$$

On  $N$  és el nombre de clons,  $P$  és la probabilitat que qualsevol gen es trobi a la llibreria,  $a$  és la mida dels fragments inserits al vector i  $b$  és la mida total del genoma.

### 6.2 Llibreries de cDNA

S'afila el RNA total i es retrotranscriu a cDNA. Els fragments resultants es clonen en un vector apropiat. Les llibreries es poden enriquir per un determinat gen.

### 6.3 Estratègies de selecció dels clons recombinants

Hi ha sistemes de:

- **Detecció directa:** S'avalua si és recombinant i si conté el gen d'interès
  - És de medi selectiu: Si es vol clonar un gen de resistència a antibiòtic, es creixen els clons en un medi amb un antibiòtic determinat per la selecció dels recombinants i un segon antibiòtic per seleccionar els que contenen el gen que estem buscant.
  - Mutants auxotrofs: Bacteris mutants que no tinguin el gen que estem buscant. Si un bacteri és deficienciari per un enzim biosintètic, no creixerà en un medi selectiu sense Trp. Si es transforma un bacteri Trp<sup>-</sup> amb un vector que porta l'enzim, aquest clon créixerà en un medi selectiu per Trp.
- **Identificació del clon**
  - Detecció de la molècula recombinant per hibridació de sondes
    1. Transferència dels clons a filtres de nylon o nitrocel·lulosa
    2. Lisi dels clons: Tractament amb proteases i calor per desnaturalitzar el DNA
    3. Fixació del DNA amb UV
    4. Hibridació del DNA marcat amb sonda



- 
5. Rentat per eliminar unions inespecífiques
  6. Revelat
- Detecció de la proteïna per immunodetecció
1. Transferència dels clons a una membrana
  2. Lisi de les colònies
  3. Incubació amb anticòs i amb anticòs secundari, si fos necessari.

---

---

## **III. CARACTERITZACIÓ DELS PRODUCTES D'EXPRESSIÓ**

---

---

---

## **IV. APLICACIONES DE L'ENGINYERIA GENÈTICA**

---

---

## V. SEMINARIS

---

### 7. Seminari. Aplicacions de la PCR

#### 7.1 Bases de la PCR

Hi ha 3 fites històriques de la biologia molecular:

1. Descobriment dels enzims de restricció
2. Desenvolupament de la PCR
3. CRISPR/Cas9

La PCR es basa en l'amplificació d'un fragment de DNA a partir d'uns primers perquè la polimerasa copia la cadena motlle. Per a què els primers s'hibridin, fa falta que el DNA estigui desnaturalitzat.

La idea de la PCR és repetir diverses vegades el cicle. Així, el DNA s'amplifica de manera exponencial. El problema de la PCR era l'ús de polimerases termoestables que resisteixin les temperatures de desnaturalització.

Programa típic de PCR:

- 1 min 90°C desnaturalització
- 1 min 50-60°C hibridació
- 70°C extensió

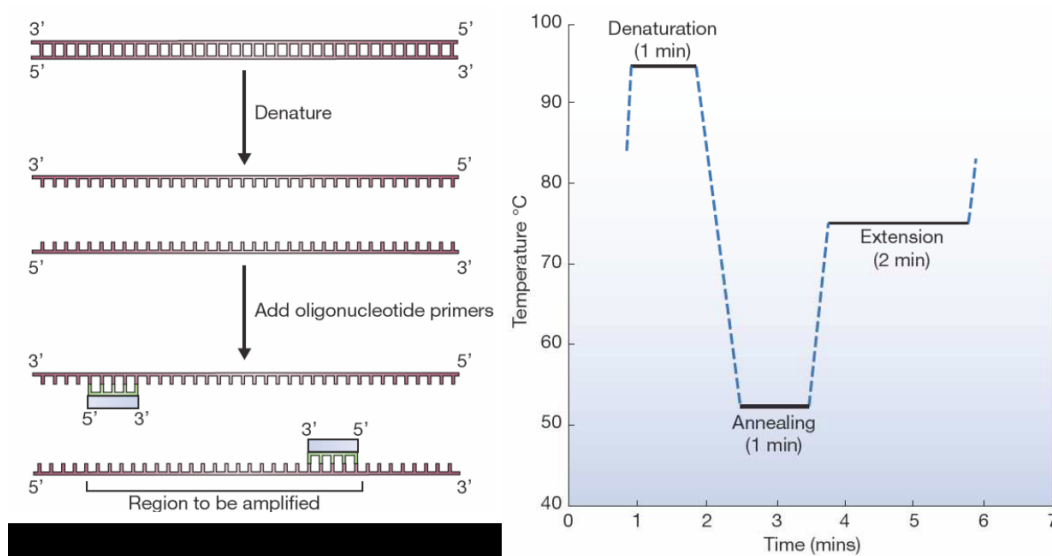


FIGURA 7: Esquema d'un cicle bàsic de PCR

---

### 7.1.1 Temperatura d'hibridaci?

La situaci? ideal ?s que els primers nom?s hibridin en les dianes esperades. Pot passar que els primers no hibridin enlloc o que hibridin en llocs no esperats. Aquests fen?mens es controlen amb la temperatura d'hibridaci?.

La  $T_m$  es calcula com:

$$T_m = 4 \cdot (G/C) + 2 \cdot (A/T) \quad (2)$$

La temperatura d'hibridaci? es calcula com a 10°C per sota la  $T_m$ . Aquesta f?rmula nom?s s'utilitza per primers de PCR, no per sondes de Southern Blot, p.e. La longitud dels primers ?s d'uns 20 nt.

Les claus pel desenvolupament de la PCR han estat:

- Polimerases termoestables
- Termocicladors

Els pros i contres de la PCR s?n:

- Capacitat d'amplificaci? exponencial
- Contaminacions creuades freq?ents
- Disseny a mida de seq??ncies de DNA
- Baixa fidelitat de la Taq DNA polimerasa (no t? activitat *proofreading*)
- No amplifica RNA

Per compensar la baixa fidelitat de la Taq polimerasa, es poden fer servir polimerases d'alta fidelitat (que tenen activitat exonucleasa 3'→5').

Per amplificar el RNA es fa una reacci? amb una retrotranscriptasa per obtenir un cDNA. La retrotranscriptasa ?s un enzim molt sensible i s'inhibeix molt f?cilment.

## 7.2 Aplicacions de la PCR i RT-PCR

### 7.2.1 Clonatge

La via cl?ssica del clonatge ?s l'?s d'enzims de restricci? i lligases per introduir un gen en un vector. Moltes vegades, per a?llar el gen no es poden fer servir els enzims de restricci? per obrir el vector.

Per solucionar aix?, es fa una PCR amb primers hom?legs al gen de 15nt i que incorporin les dianes de restricci? que ens interessin. Per facilitar que la regi? no hom?loga hibridi, es baixa la temperatura d'hibridaci? al primer cicle. Despr?s del primer cicle, es pot tornar a una temperatura d'hibridaci? restrictiva.

Pel clonatge s'usen polimerases termoestables d'alta fidelitat.

---

### 7.2.2 Mutagènesi dirigida

El procés, en primer lloc, requereix un primer que contingui la mutació. El primer ha d'hibridar amb la molècula simple (unicatenaria) de DNA que conté el gen d'interès. La DNA polimerasa allarga la cadena incorporant la mutació al DNA.

Aquesta tècnica no només fa possible crear mutacions puntuals en una molècula de DNA, sinó que també es poden produir delecions i insercions. S'aconsegueix controlar el tipus de mutació que es pretén realitzar en el DNA modificant el primer. Per a les delecions s'utilitzen primers que continguin la deleció però que tinguin la capacitat d'hibridació en la cadena de DNA en el lloc correcte; per contra, per a una inserció el primer haurà de portar el fragment extra de DNA a més d'hibridar correctament amb la cadena motlle.

Per realitzar mutagènesi dirigida, es pot utilitzar la PCR. Generalment, se solen utilitzar 4 primers: dos d'ells presenten la mutació; i els altres dos únicament s'utilitzen per amplificar la cadena. Ja que amb la PCR obtindrem una amplificació exponencial, el fragment mutat s'amplificarà de tal manera que superarà majoritàriament al nombre de cadenes normals sense la mutació. Després de la PCR, podem menysprear el nombre de cadenes de DNA normals en comparació amb les que han estat mutades.

### 7.2.3 Diagnòstic

Per confirmar els productes de PCR i evitar falsos positius i falsos negatius:

- **Hibridació d'una sonda interna:** Southern Blot
- **nested PCR i semi-nested PCR:** Procés d'amplificació complementari a la PCR convencional. No és més que un segon procés d'amplificació partint del producte d'una PCR inicial. Incrementa la sensibilitat del procés global (detecció de fins a un genoma per reacció). Actua com a confirmació del resultat de la PCR inicial. Requereix el producte d'una PCR inicial i nous reactius. Els iniciadors són seqüències internes al fragment amplificat en la PCR inicial. Les condicions poden variar respecte a la PCR inicial. Una variant utilitza un iniciador nou i un utilitzat també en la primera PCR (PCR semianiuada).
- **Seqüenciació**

La RT-qPCR (RealTime PCR) permet quantificar el RNA/DNA. Es va desenvolupar per controlar l'eficàcia dels antivirals en pacients amb hepatitis C. Sistema per detectar a temps real els productes de PCR a mesura que es van acumulant. Així, quan més alt és el nombre inicial de còpies de l'àcid nucleic diana, abans es produeix un increment significatiu en la fluorescència observada.

El paràmetre CQ o CT (threshold cycle o cicle llindar) és el cicle en el qual la fluorescència emesa supera un nivell establert de fluorescència base.

---

La detecció del amplificat es fa per diversos mecanismes de fluorescència. Els sistemes més comunament utilitzats es basen en l'acumulació de fluorescència que pot relacionar-se amb la quantitat de producte de PCR generat.

Els mètodes poden ser:

- **No específics:** molècules de fluoròfor que s'uneixen a l'ADN, com el SYBR green I, i que emeten fluorescència quan s'intercalen a l'ADN de doble cadena exposat a una determinada longitud d'ona.

Associació d'aquests compostos amb dímers de iniciadors o amb altres productes d'amplificació no específics donant lloc a confusions en la interpretació dels resultats. Aquest problema pot solucionar-se afegint un període curt d'incubació a alta temperatura després de la fase d'elongació.

- **Específics:** com el basat en l'activitat 5'-exonucleasa de la Taq polimerasa (sondes TaqMan™).

Utilitza els components clàssics d'una reacció de PCR, i una sonda amb un fluoròfor a l'extrem 5' i un compost bloquejador de fluorescència en l'extrem 3' (quencher).

L'ús d'una sonda complementària a la seqüència buscada incrementa l'especificitat del procés.

Si la sonda aquesta intacta, la proximitat del compost bloquejador redueix la fluorescència emesa pel fluoròfor mitjançant un procés de transmissió d'energia de resonància.

Quan la seqüència diana aquesta present, la sonda se li uneix en posició 3' respecte al lloc d'unió d'un dels iniciadors i és tallada per l'activitat 5' nucleasa de la Taq ADN polimerasa quan es dona l'extensió de l'iniciador. Aquest tall en la sonda separa el fluoròfor del compost bloquejador de manera que augmenta la senyal de fluorescència. A cada cicle es repeteix el procés, fet que augmenta la fluorescència de forma proporcional a la quantitat de amplicó produït.

### Control de qualitat de PCR

Els controls positius i negatius apropiats són una part integral de qualsevol prova de laboratori. L'ús d'assajos de PCR (RT) ha augmentat ràpidament en els últims anys i els laboratoris s'han adaptat a l'aplicació d'aquestes tècniques d'organització ubicacions separades per a les diverses etapes en el procés de l'anàlisi.

En general, el major risc és per resultats falsos positius en els assajos de PCR, més comunament resulten de la contaminació amb productes d'ADN amplificats. Les mesures utilitzades per prevenir la contaminació i al seguiment acurat de la seva ocurrencia mitjançant l'ús de múltiples controls negatius s'accentuen en la majoria dels papers. Així mateix, els resultats falsos negatius poden presentar un problema en una tècnica altament sensible com RT-PCR i així sembla ser reconegut en menor mesura.

- **Controls negatius:** Evita falsos positius.

- 
- **Controls positius:** Control de l'extracció d'ácids nucleics i de la retrotranscriptasa-Taq Polimerasa.



---

## 8. Seminari. Seqüenciaci?

La seqüenciaci? permet determinar la ordenaci? precisa dels nucle?tids en un fragment de DNA o en tot el genoma. Aix? permet detectar les pautes de lectura (n'hi ha 3 per sentit). Pot indicar regions promotores, seqüències reguladores...

### 8.1 Mètodes de seqüenciaci?

Es basa en qu? mol?cules de DNA de cadena simple que presenten diferències d'un ?nic nucle?tid poden separar-se mitjan?ant electroforesi en gels de poliacrilamida.

Hi ha 2 mètodes:

1. Maxam-Gilbert: Es basa en mètodes qu?mics de degradaci? de DNA. El material gen?tic ha d'estar marcat, p.e amb radioactivitat.
2. Sanger: Es basa en un mètode biosint?tic per la generaci? de fragments de DNA. Es necessita un DNA motlle, un primer i dNTP (dels quals un provocar? la parada de la s?ntesi).

#### 8.1.1 Mètode de Maxam-Gilbert

Necessita el DNA marcat en una cadena nom?s a 5', endonucleases i desnaturalitzra el DNA. S'aplicaven tractaments que eliminaven selectivament diferents nucle?tids. Els resultats es corrien en un PAGE.

Presenta molts inconvenients:

- El material gen?tic ha d'estar marcat.
- Requereix gran quantitat de DNA purificat.
- Requereix molts passos intermedis
- Lectures de fragments curts.
- ?s un mètode dif?cil d'automatitzar.
- Protecci? parcial del DNA en ser degradat quan hi ha prote?nes unides a regions espec?fiques, produint buits en la seqüència.

#### 8.1.2 Mètode de Sanger

Requereix menys DNA inicial i aquest no ha d'estar marcat. S'introdueixen el DNA motlle, cebadors, una polimerasa, dNTP i ddNTP. Els resultats es corren en PAGE i es revelen per autoradiografia. Tot i aix?, hi ha un punt en qu? els resultats ja no s?n fiables. La seqüenciaci? s'ha de fer amb m?ltiples primers. Cada ddNTP va a un tub diferent.

Molts vectors incorporen primers universals per seqüenciar.

Els requeriments generals d'aquest mètode s?n:

- 
- Motlle de DNA
  - Primers, ja siguin universals o específics.
  - dNTP
  - ddNTP
  - Polimerasa (actualment s'usa la sequenasa)

Les avantatges són:

- Requereix poca purificació del material genètic
- No requereix tractament amb endonucleases
- No requereix un marcatge previ del DNA motlle
- Es pot automatitzar

Aquest mètode s'automatitza usant ddNTP marcats amb fluorocroms diferents. Un llaser excita les bandes del PAGE i un detector transforma les senyals en un ordinador on es veu el cromatograma.

## 8.2 Seqüenciació de genomes

Hi ha 2 mètodes de seqüenciació genòmica:

1. Seqüenciació a l'atzar (*shotgun sequencing*): fragmentació del genoma en fragments molt petits, clonar-los en un vector i seqüenciar-les. Després s'ensamblen els fragments.
2. Seqüenciació jeràrquica (*clone contig sequencing*): Poca fragmentació, i així necessitar pocs clons per tenir representat el genoma.

### 8.2.1 Seqüenciació a l'atzar

Fragmentació a l'atzar i size select en un gel d'agarosa. Es va construir una llibreria amb els fragments clonats en vectors amb primers universals. A partir dels reads es generen contigs. El problema és la unió dels contigs. El que es fa és generar sondes pels extrems de cada contig per provar quins clons comparteixen aquesta zona.

Els principals problemes són:

- Lectures curtes (de 550 bp)
- Seqüències repetides, sobretot en eucariotes

---

### 8.2.2 Seqüenciació jeràrquica

S'usen vectors especials com els BAC per clonar fragments grans. Després es seqüencien els BAC i es determina el mapa de contigs.

Per determinar els clons contigs:

1. Es seqüencien els extrems dels clons
2. *Clone fingerprinting*: 2 clons contigs generaran un mateix fragment de restricció. Després s'usa un d'aquests fragments com a sonda en Southern Blot després d'haver-la marcat.
3. *Interspersed repeat element PCR* (IRE-PCR): Es fa una PCR usant primers específics pels extrems, de manera que amplifiquin la seqüència intermèdia.
4. *Sequence tag site*

El procés de seqüenciació pot ser seqüencial, fragment a fragment del BAC. També es pot fer un *shotgun sequencing* del BAC.

## 8.3 Nous sistemes de seqüenciació

Els nous mètodes no requereixen clonar els fragments en vectors. Es fragmenta el DNA i es col·loquen uns adaptadors a ambdós extrems. L'amplificació del fragment i la detecció del nucleòtid són simultànies.

- emulsion PCR
  - Piroseqüenciació
  - Seqüenciació per lligació
- bridge PCR (Illumina)

### 8.3.1 Piroseqüenciació

El DNA es fragmenta i es lliguen adaptadors, un dels quals té biotina unida. Es separen els fragments i es posen en tubs on hi ha uns beads en gotes d'aigua emulsionades en oli. Les beads tenen esptreptovidina i els reactius per amplificar el fragment. Així es trasllada a una placa amb cel·les, que cada cel·la donarà la informació per un fragment. El primer s'uneix a l'adaptador no marcat amb biotina. S'afegeix APS, ATP, luciferina i polimerasa, luciferasa i sulfurilasa. La sulfurilasa agafa APS i PPi per fer ATP. Llavors la luciferasa captarà aquest ATP i farà llum. Entre cicle i cicle s'afegeix apirasa per eliminar dNTP i ATP.

---

## 9. Vectors d'eucariotes

L'interès de clonar en organismes eucariotes té sentit per obtenir proteïnes amb les modificacions post-traduccionals correctes o bé per estudiar processos biològics en eucariotes.

Un altre problema és l'ús de codons. Com que el codi genètic està degenerat, i no té perquè ser compartit per tots els organismes ni la freqüència dels codons/anticodons és la mateixa.

### 9.1 Vectors de llevats

En *Saccharomyces cerevisiae*, hi ha soques que tenen un plàsmid de 6 kb. El sistema de selecció en eucariotes és l'auxotròfia (deficiència en biosíntesi d'un aminoàcid), i per això s'han aïllat soques de *Saccharomyces* auxotrofes per diferents aminoàcids. Els vector inclouen el gen que està mutat en aquestes soques, de manera que els transformants podran créixer en medi selectiu per aquest element en concret.

Shuttle vector: és un vector que pot actuar en 2 organismes diferents. El que es va fer va ser juntar 2 vectors (pRB322 i un plàsmid de llevats), de manera que repliquin en *E. coli* i *Saccharomyces*.

- YEPS: *Yeast Episomal plasmid*. Es pot integrar mitjançant recombinació homòloga.
- YIPS: *Yeast Integrative plasmid*. Sempre s'integren al genoma del llevat.
- YRPS: *Yeast Replicative plasmid*. Mai s'integren al genoma.

Un episoma és una seqüència que pot estar integrada al cromosoma bacterià o en forma de plàsmid.

### 9.2 YAC

Els YAC són *Yeast Artificial Chromosome*. Els fragments més grans de 40 kb són molt difícils de clonar. Els YAC permetien clonar fins a 600 kb. Són molt inestables i recombinen molt.

Els YACs són els vectors de clonatge més utilitzats, ja que són els que accepten més material genètic. Són vectors duals, ja que poden adquirir forma de plasmidi o de cromosoma eucariota típic, lineal.

En una primera etapa aquest cromosoma es troba en una conformació circular; encara no ha incorporat l'insert de DNA que volem clonar. Es transformen bacteris amb aquests YACs, que funcionen com a plasmidi bacterià, ja que tenen el Ori bacterià, i es replica dins aquests. Després s'introduiran a cèl·lules de llevat.

Els YACs tenen un marcador de resistència a l'ampicil·lina (Amp), el que ens permet identificar quines cèl·lules han incorporat aquest vector. Contenen també altres elements eucariotes, com ara telòmers de llevat (TEL), el centròmer (CEN4), l'origen de replicació de llevat (ARS1), i gens marcadors de cèl·lules eucariotes, com TRP1 i URA3.

---

Quan aquests plasmidis es digereixen, s'obtenen dues molècules, corresponents al braç llarg i al braç curt del cromosoma, els quals s'uneixen per formar el cromosoma eucariota comú mitjançant una lligasa. És en el moment en el que utilitzem aquesta lligasa quan incorporem el DNA digerit que volem mapar.

L'enzim que digereix el YAC és el mateix que realitza la digestió parcial del nostre DNA.

Els dos marcadors esmentats, TRP1 i URA3, es troben al braç llarg i al braç curt respectivament. TRP1 és necessari per a la síntesi de triptòfan, i URA3 és un enzim de la via biosintètica de l'uracil. Aquests dos marcadors ens són útils, ja que utilitzem cèl·lules que no poden sintetitzar triptòfan ni uracil per si soles per tal de comprovar que incorporin el YAC. El medi, doncs, tampoc tenen aquests compostos.

Per assegurar que l'insert del DNA que volem mapar ha anat bé, necessitem un tercer marcador, SUP4, que es troba en el lloc de digestió del plasmidi i, per tant, en el lloc de l'insert del DNA. Si el DNA problema s'incorpora correctament al YAC, el gen SUP4 queda partit, dividit; però si l'insert no s'ha incorporat correctament, el gen SUP4 romandrà intacte.

El gen SUP4 codifica per un tRNA especial que reconeix el codó de STOP però que incorpora un aminoàcid, fet que no és normal en els tRNA que reconeixen codons d'aturada. D'aquesta manera que obtindrem proteïnes més llargues del que és normal, ja que allà on hi hagi un codó STOP hi seguirà havent un aminoàcid i la transcripció continuarà.

Així doncs tenim que les cèl·lules de llevat són triples mutants: no sintetitzen triptòfan, no sintetitzen uracil i tampoc sintetitzen adenina. Al no sintetitzar adenina, el seu precursor de la ruta bioquímica s'acumula, i dona una tonalitat vermellosa a la cèl·lula.

El medi no incorporarà triptòfan ni uracil, però si es posa una quantitat d'adenina limitant, ja que sinó les cèl·lules no serien viables.

En afegir un cromosoma amb SUP4 funcional, la ruta de síntesi de l'adenina funcionarà correctament, ja que un dels enzims mutats de la via biosintètica d'aquest nucleòtid presenta un codó STOP, i al afegir el tRNA de SUP4 aquest codó STOP serà obviat (s'afegirà un aminoàcid igualment) i l'enzim serà funcional. Aleshores el precursor que dona la tonalitat vermellós a no s'acumularà i veurem la cèl·lula amb una tonalitat blanquinosa.

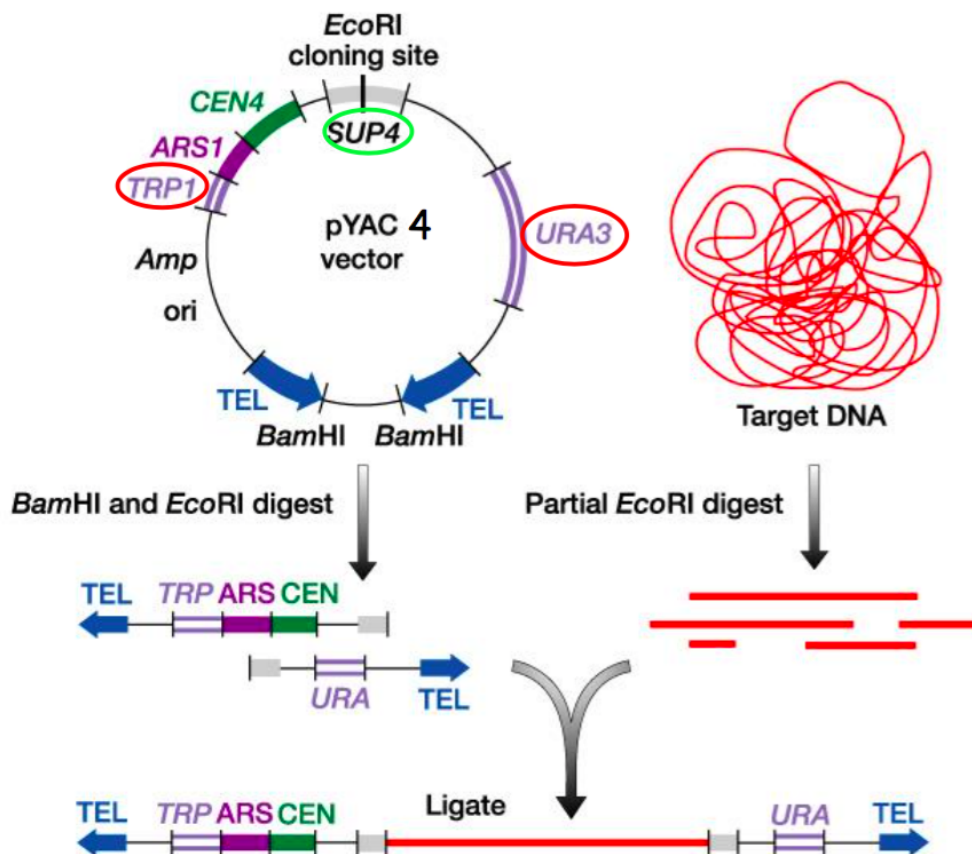
D'aquesta manera:

- Si no s'insereix correctament el nostre DNA d'interès al YAC, el gen SUP4 queda intacte, es sintetitza el tRNA corresponent i es duu a terme una correcta síntesi d'adenina, donant a la cèl·lula una tonalitat blanquinosa.
- Si s'insereix correctament el nostre DNA d'interès al YAC, el gen SUP4 queda fraccionat i no és funcional, pel què no existeix el tRNA corresponent i no es sintetitzarà adenina, fent que s'acumuli el seu precursor i donant a la cèl·lula una tonalitat vermella.

Això, però, ens suposa un problema, ja que el tRNA de SUP4 farà que qualsevol codó STOP normal no tingui el seu ús habitual; les cèl·lules seguiran sent viables però les proteïnes tindran una longitud major.

### 9.2.1 Estratègia de clonatge amb YACs

- **Soca AB1380:** contenen URA3, TRP1 i ade2.1. L'al·lel ade2.1 provoca un bloqueig en la síntesi de l'adenina, causant un cúmul de pigment vermell a la cèl·lula. És suprimible per SUP4.
- **pYAC:** contenen URA3, TRP1 i SUP4.
- **Soca AB1380 que conté el vector pYAC sense insert:** observem colònies blanques, ja que SUP4 suprimeix la mutació ade2.1.
- **Soca AB1380 que conté el vector pYAC amb insert:** observem colònies vermelles, ja que l'insert inactiva el supressor SUP4.



### 9.2.2 Inconvenients dels YACs

Els YACs són molècules inestables i poden esdevenir quimèrics degut a la gran mida dels inserts. Són grans fonts de reordenaments, com per exemple delecions de seqüències Alu reconegudes per homologia.

Normalment tenim tot el genoma en una barreja de lligació i es posa en contacte amb cèl·lules de llevat, incorporant cadascuna un sol insert. Es plaqueja de forma que cada

---

cèl·lula de la nostra solució estigui prou separada de la resta com per formar colònies d'un sol vector. Pot passar, però, que durant la lligació s'incorporin dos inserts en un sol vector, obtenint un vector quimera. Això ens causarà dificultats en el moment del reordenament del genoma.

Els YACs tenen un 15-20% de quimerisme.

Amb l'ús d'altres vectors, com BACs o PACs, perdem capacitat, però el quimerisme i la inestabilitat deixaran de ser un problema.

### 9.3 Vectors per plantes

Els vector de plantes i animals es basen en genomes vírics. Els vectors derivats del plàsmid Ti. *Agrobacterium tumefaciens* transfereix el plàsmid a la cèl·lula de la planta i després el plàsmid s'integra al genoma de la planta. S'indueix la proliferació cel·lular i s'activa la síntesi de compostos que són d'aliment per *A. tumefaciens*. El problema és que Ti és molt gran i és molt complicat clonar un fragment. El que s'ha fet és dividir el plàmid en 2: una part que conté les funcions del plàsmid i un altre que conté les regions per transferir el gen a la planta.

### 9.4 Vectors per mamífers