

Viernes 12 de mayo
11:30 horas
Auditorio Principal
Dr. Víctor M. Loyola Vargas

La Reina Roja lleva a bailar a los CRISPR

En el año 1987 un grupo japonés descubrió un tipo muy especial de secuencias en el genoma de *E. coli*. En el curso de los años siguientes, este tipo de secuencias también se observaron en otros microorganismos, incluyendo las arqueobacterias. Diez años más tarde se descubrió, después de un análisis bioinformático de prácticamente todos los genomas de bacterias secuenciados al momento, que estas secuencias son parte del sistema inmune de estos microorganismos. En los siguientes seis años se descubrieron y describieron todos los componentes del sistema inmune de las bacterias. También se descubrió que el sistema consiste de un arreglo de secuencias repetidas palindrómicas intercaladas con secuencias de ADN que provienen de los organismos invasores en las bacterias denominadas protoespaciadores. El segundo componente es una batería de proteínas denominadas Cas y que tienen actividad de endonucleasa. Cuando un organismo patógeno agrede a una bacteria, ésta toma un sección del ADN del invasor de alrededor de 25 pares de bases y lo incorpora en su propio ADN creando una memoria de las infecciones. Cuando el mismo invasor trata de infectar a la bacteria, ésta transcribe el sistema CRISPR y con él destruye el ADN del invasor.

En el año 2012 Emmanuelle Charpentier y Jennifer Doudna fueron capaces de unir en un solo transcrito todo el sistema y con él modificar de una manera muy precisa el ADN de un organismo determinado. Seis meses después se publicaron los primeros resultados de la modificación del genoma de mamíferos. Al año siguiente se publicaron los primeros resultados de la modificación de genomas vegetales.

Durante el seminario haré un recuento de la historia y de los principales experimentos que llevaron al desarrollo de esta extraordinaria herramienta metodológica.