

Una nueva caja de herramientas moleculares para la construcción de proteínas de fusión “a la carta”.

Una investigación dirigida por Tomás Santalucía presenta un nuevo método versátil para crear proteínas de fusión con potencial para ser utilizado ampliamente: Buj R, Iglesias N, Planas AM, Santalucia T. *A plasmid toolkit for cloning chimeric cDNAs encoding customized fusion proteins into any Gateway destination expression vector*. BMC Molecular Biology. 2013, August 20th; 14(1):18. doi: 10.1186/1471-2199-14-18.

Las proteínas de fusión son herramientas muy útiles tanto para los estudios básicos sobre la función de las proteínas como para muchas aplicaciones biotecnológicas, incluyendo la generación de nuevos agentes terapéuticos, y serán fundamentales para la inminente revolución industrial basada en la biología sintética. Estas proteínas quiméricas resultan de la yuxtaposición de módulos peptídicos con funciones bien definidas e interés tecnológico, con proteínas no relacionadas que son el objeto de la investigación, de forma que puedan ser purificadas, detectadas o dirigidas hacia un sitio en particular (entre otras funciones), de una manera más fácil. Estas proteínas se traducen como cualquier otra proteína, pero su secuencia codificante resulta de la clonación conjunta de fragmentos de cDNA no relacionados, seleccionados por las propiedades que otorgan al producto proteico final. Los sistemas de clonación basados en la recombinación de ADN, como los kits "Gateway" de *Life Technologies* han simplificado enormemente la construcción de vectores para expresar proteínas de fusión. Sin embargo, el número de módulos funcionales que se pueden unir a las proteínas de interés es limitado, en tanto que depende típicamente de la subclonación de proteínas en vectores previamente diseñados para codificar los módulos funcionales requeridos. Hemos contribuido una solución mediante la creación de un útil conjunto de plásmidos basado en la tecnología "Gateway", que permite la clonación simultánea de una proteína de interés y dos módulos flanqueantes, elegidos "a la carta" a partir de una colección de módulos universales prefabricados, que se pueden utilizar combinatoriamente. Este diseño permitiría potencialmente el cribado de vastas colecciones de proteínas de fusión en múltiples organismos huésped, dada su compatibilidad tanto con las actuales colecciones ORFeoma de organismos "modelo" bien caracterizados, como con las futuras colecciones de secuencias proteicas basadas en el sistema "Gateway" que se derivarán del análisis metagenómico de muestras ambientales. Esto podría finalmente llevar al descubrimiento de nuevos péptidos quiméricos con aplicaciones biotecnológicas de interés.