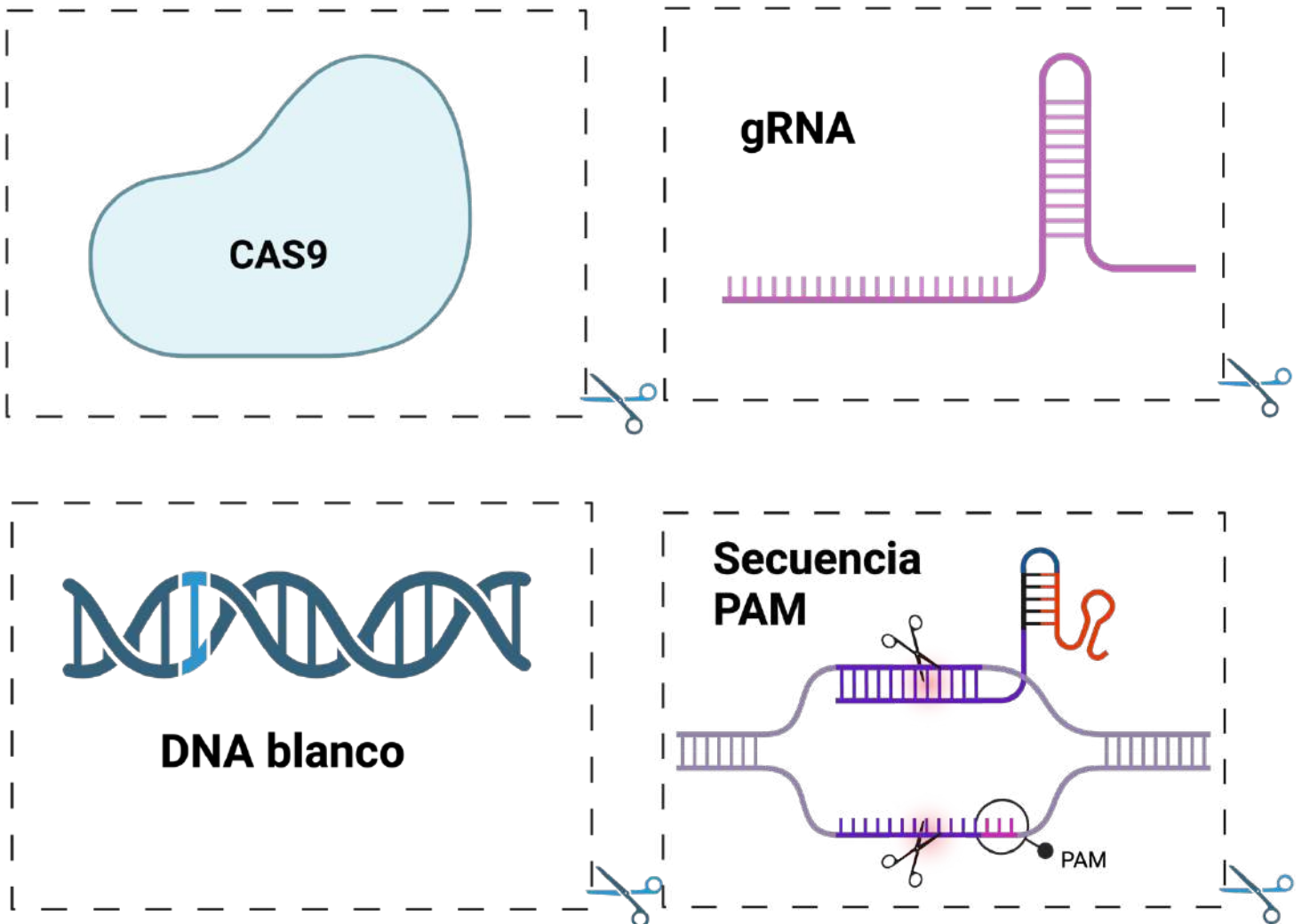


Material elaborado con apoyo PAPIIME PE202023

CRISPR SORT

Tarea: Relacione los componentes claves de CRISPR-Cas con sus funciones biológicas. Trabaje en grupos de cuatro personas, discutan y comparen los resultados con otros equipos.

Categorías y Esquemas



Características

Tijeras Moleculares	En humanos ocurre cada 50 pares de bases o menos
Escinde (corta) hebras dobles (Ruptura de la doble cadena)	5'-NGG-3' (AGG, GGG, CGG, or TGG)
Endonucleasa	Actúa como un GPS
Corta cadenas de DNA río arriba del PAM	Diseñado por científicos y que complementa el DNA blanco
Se une al PAM/ desenrolla la doble hélice de DNA en el sitio complementario a la secuencia de nucleótidos de la gRNA	Usualmente de alrededor de 20 nucleótidos de largo
Motivo de 3 nucleótidos en secuencia reconocidos por Cas9	Guía a la Cas9 al su blanco de acción
Se une Cas9	Forma pares de bases complementarios con el DNA blanco
Abundante en todo el genoma	Se une al DNA blanco y dispara la actividad nucleasa de Cas9

Secuencia susceptible para su escisión y remoción	Puede ser cualquier secuencia cerca del PAM
Ambas hebras son escindidas (cortadas)	Reparada por unión de extremos no homólogos o reparación por recombinación homóloga
Puede ser un sitio de regulación o codificante	Puede ser cualquier secuencia cerca del PAM
Se une con la gRNA disparando la actividad nucleasa de Cas9	Protospacer Adjacent Motif (Motivo adyacente al protoespaciador)

Material elaborado, adaptado y traducido por Fernando Guzmán Chávez, a partir del trabajo realizado por Jessica Stark: <https://doi.org/10.1021/acssynbio.8b00381>.

CRISPR Sort Answer Key

Cas9	PAM	Guide RNA (gRNA)	Target DNA
Molecular scissors	Three-nucleotide sequence motif recognized by Cas9	Act as GPS	Sequence to be cleaved (cut) and removed
Cleaves (cuts) double strands (double strand break)	Cas9 binds	Designed by scientist to compliment target DNA	Can be any sequence near PAM
Endonuclease	Abundant throughout genome	Usually about 20 nucleotides long	Both strands are cleaved (cut)
Cleaves DNA strands upstream of PAM	In humans, occur about every 50 base pairs or less	Guides Cas9 to the target	Repaired by nonhomologous end joining or homology-directed repair
Binds PAM/ unwinds DNA double helix at site complementing gRNA nucleotide sequence	5'-NGG 3' (AGG, GGG, CGG, or TGG)	Form complementary base pairs with target DNA	May be a regulatory or coding site
		Binding with target DNA triggers Cas9 nuclease activity	Binding with guide RNA triggers Cas9 nuclease activity