

## Kit para la generación sistemática de líneas transgénicas para análisis transcriptómicos

El CSIC ha desarrollado un kit para la realización de análisis transcriptómicos dinámicos y específicos de tejido a través de la metodología TRAP (Translating Ribosome Affinity Purification). El sistema permite, a través de un vector genético, la generación sistemática, fácil y rápida de líneas transgénicas adecuadas para la realización del análisis de tejido en distintos momentos del desarrollo y en diferentes situaciones fisiológicas.

Se buscan empresas biotecnológicas y farmacéuticas interesadas en la licencia de la patente.

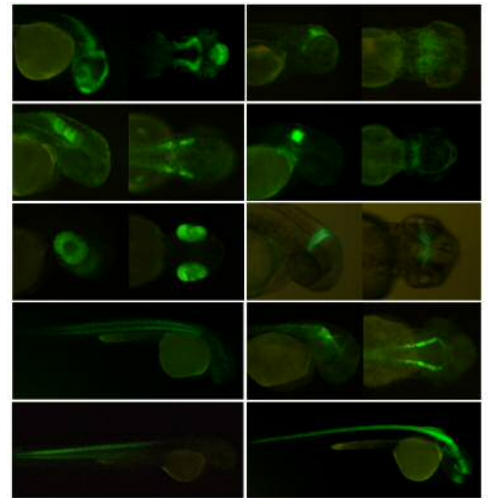
Se oferta la licencia de la patente

### Descripción de la tecnología

Una limitación importante de los análisis transcriptómicos mediante RNA-seq surge cuando se necesita analizar la expresión de genes en tejidos de pequeño tamaño, o en tipos celulares específicos dentro de poblaciones heterogéneas, debido a la dificultad técnica que supone la separación de las células a lo que se suma el riesgo de mezclar los resultados con los perfiles de expresión de las células vecinas.

Con el objeto de superar estos inconvenientes la técnica TRAP permite la extracción directa del transcriptoma de células específicas marcando sus ribosomas con GFP y dirigiendo su expresión a través de promotores específicos. Sin embargo, la disponibilidad de estos promotores específicos, y la necesidad de crear líneas diferentes para cada tipo celular, restringen la aplicabilidad de TRAP.

El kit desarrollado elimina estas restricciones mediante la generación de líneas celulares de una manera sistemática y sencilla. Para ello el kit, a través de un vector genético, inserta aleatoriamente en el genoma del organismo un cassette que contiene el gen de fusión de una subunidad ribosomal marcada con GFP bajo el control de un promotor mínimo. El promotor mínimo es activado por elementos reguladores cercanos a la integración que dirigirán la expresión del gen de fusión a las células donde estén activos permitiendo la extracción del ARN específico y su posterior secuenciación.



El kit desarrollado, gracias a la colección de líneas de células o animales que contiene, es un recurso transcriptómico único para estudios de genética del desarrollo, de fisiología de órganos o modelos de enfermedades.

### Principales aplicaciones y ventajas

- El sistema es versátil siendo posible generar con un único vector un número indefinido de líneas diferentes.
- La generación de líneas es más rápida al no necesitarse tiempo para el diseño de vectores que contengan diferentes promotores para cada tejido a analizar.
- El sistema permite la obtención de líneas hasta ahora irrealizables por el desconocimiento de promotores específicos.
- El sistema se ha probado con éxito en pez cebra donde de 300 peces adultos obtenidos tras inyectar embriones en estadio de una sola célula, 53 mostraron algún tipo de fluorescencia en su descendencia y, de los cuales, 33 mostraron una expresión específica de tejido.
- El sistema es adaptable a organismos como *C. elegans* o *Drosophila*.
- El sistema permite utilizar distintas aplicaciones transcriptómicas (TRAP-seq y ribosome profiling).

### Estado de la patente

Solicitud de patente prioritaria con posibilidad de extensión Internacional

### Para más información contacte con:

José Ramón Domínguez Solís

Vicepresidencia Adjunta de Transferencia del Conocimiento

Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)

Tel.: 954232349 ext. 540030

Correo-e: [jrdominguez@orgc.csic.es](mailto:jrdominguez@orgc.csic.es)  
[comercializacion@csic.es](mailto:comercializacion@csic.es)