

■ Resum

La Biologia Sintètica de Plantes té com a objectiu la construcció de vies de biosíntesi o senyalització, utilitzant plantes cultivables com “xassís”. Un dels principals desafiaments tecnològics per arribar a aquest objectiu és la transferència de gran quantitat d’informació genètica al genoma de la planta en forma de construccions multigèniques. Per a facilitar l’enginyeria multigènica en plantes, hem desenvolupat una plataforma d’assemblatge amb el nom de GoldenBraid (GB). GB és un sistema d’assemblatge de DNA estàndard per a la Biologia Sintètica de Plantes basat en l’ús d’enzims de restricció de tipus IIS, que permet el creixement indefinit de mòduls genètics reutilitzables assemblats a partir de peces de DNA estandarditzades. La “caixa d’eines” de GB inclou vuit vectors de destinació i un plàsmid domesticador universal dissenyat per a incorporar assemblatges multipartits a partir de peces de DNA estandarditzades i per a combinar aquestes de forma binària en construccions multigèniques de complexitat creixent. L’ús del sistema GB es veu facilitat amb l’ús d’una sèrie de recursos web que inclouen una base de dades pública, tutorials i eines de software que permeten realitzar simulacions *in silico* i proporcionen protocols de laboratori per a la domesticació de les peces de DNA i per a la construcció d’estructures multigèniques. Tot això es completa amb la Col·lecció GB, un repositori de peces de DNA estandarditzades que conté més de 300 GBparts i més de 500 mòduls intermedis i unitats transcripcionals pre-assemblades. A més a més, inclou un set de portes lògiques bàsiques que seran el punt de partida del futur desenvolupament de xarxes gèniques regulables. S’han desenvolupat les operacions més bàsiques d’una entrada i un conjunt inicial de portes Booleanes de dues entrades. Finalment, es va implementar la porta lògica NOT, el primer exemple d’una porta lògica d’inversió desenvolupat en plantes.