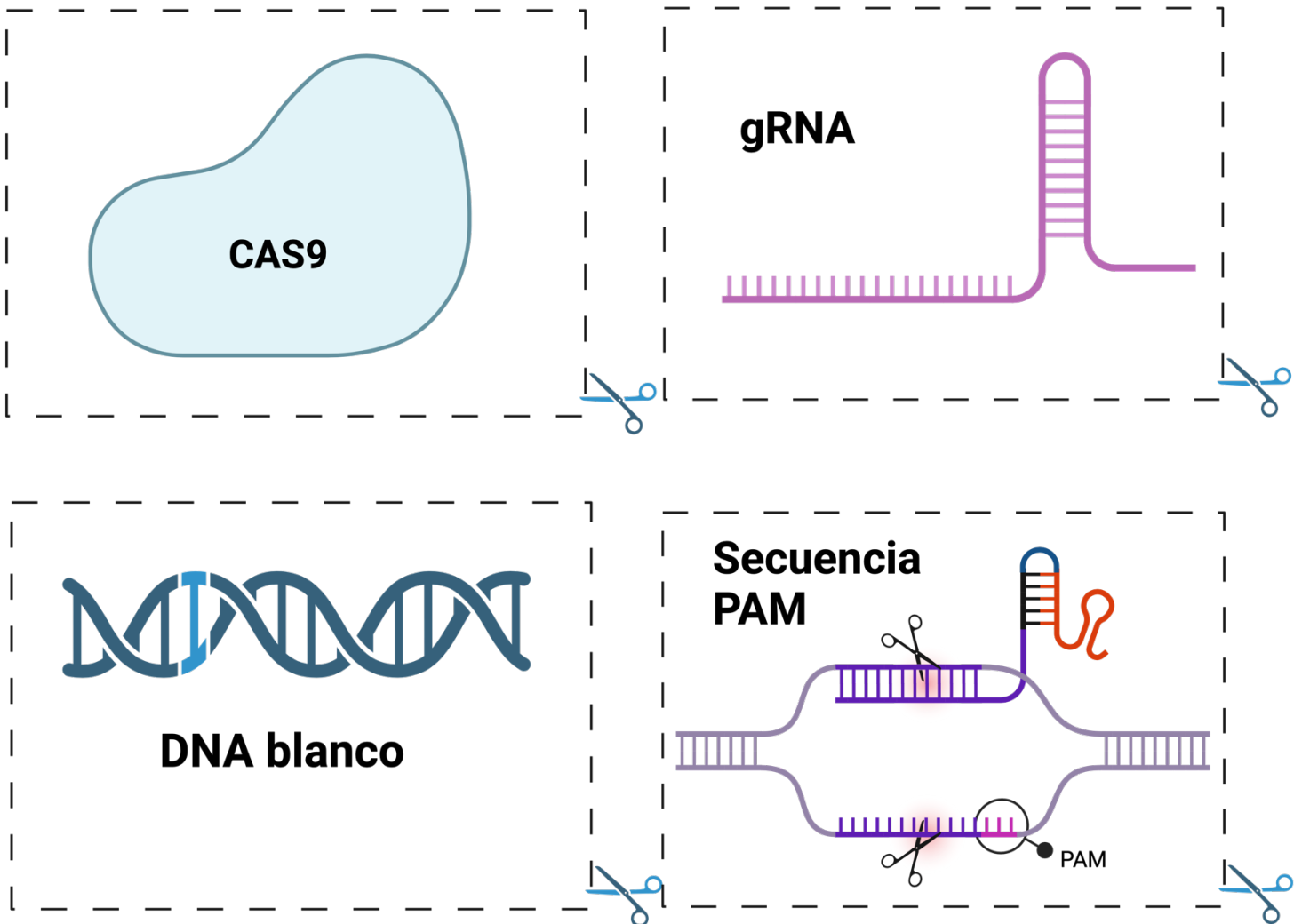


## Material elaborado con apoyo PAPIIME PE202023

### 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

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

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

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