

Abstrakt:

Všechny buněčný život je závislý na 20 kanonických aminokyselinách, nezbytných pro stavbu proteinů. Výzkum zabývající se počátkem života naznačuje, že v jeho prvopočátcích si musel vystačit s méně obsáhlou paletou aminokyselin. Tento hypotetický koncept však naráží na nedostatek experimentálních důkazů, zda takový život opravdu může fungovat. Současný rozvoj metod genomového a proteinového inženýrství dláždí cestu pro získání nových poznatků, které by nám umožnily nahlédnout skrz oponu zastírající počátek života. Nejlepším kandidátem k redukci aminokyselinové abecedy byl v této práci zvolen tryptofan. Vzhledem k množství nálezů, že tato aminokyselina byla jedním z posledních přírůstků do této abecedy a toho, že tryptofan patří mezi nejméně zastoupené proteinogenní aminokyseliny (tvorí 1,5 % aminokyselin v proteomu *Escherichie coli*), nabízí slibnou šanci pro jeho redukci. Tryptofan byl v této práci odstraněn z tryptofanového operonu nahrazením za knihovnu ostatních proteinogenních aminokyselin metodou „Multiplex Automated Genome Engineering“ (MAGE). I přes to, že takto redukována biosyntetická dráha má daleko k aminokyselinové redukci z celého organismu, slouží tento výsledek jako dobrý indikátor metodické proveditelnosti tohoto cíle.

Klíčová slova: Postradatelnost aminokyselin, Evoluce genetického kódu, Tryptofan, Recombineering, Genomové inženýrství