GENETICS

GENE EDITING

27.12.2018

Die Entwicklung des Gene Editing ist schwer nachvollziehbar ohne detaillierte Kenntnisse der Enzymchemie. Das neueste <u>LJ 12/18</u> hat auf S.44 eine exzellente Beschreibung von <u>BE1</u> (mutiertes dCas9 mit APOBEC1-Cytidin-Deaminase, Einzellstrang R Loop), <u>BE2</u> (Uracil-Glycosylase-Inhibitor), <u>BE3</u> (dCas9 mit Nick), <u>HF-BE3</u> (high fidelity), <u>BE4-GAM</u>, <u>BE4max</u>, bis zum <u>ABE 7th</u> generation...

Das Basen-Editing tüftelten David Ruchien Liu und seine Mitarbeiter vom Broad-Institut in Cambridge, USA, aus. Sie kombinierten CRISPR-Cas-Komponenten mit Bestandteilen der mRNA-Editiersysteme, die sowohl Pro- wie auch Eukaryoten benutzen. Liu fasste die Methode in einer Presseerklärung so zusammen: "Wir haben programmierbare molekulare Maschinen entwickelt, die an einer von uns aus- gewählten Stelle im Genom eine Base austauschen, ohne dabei einen Doppelstrangbruch in die DNA einzufügen."

Was noch fehlt? Die bisherigen BE können bisher nur Pyrimidine $C \rightarrow T$ und $T \rightarrow C$, oder Purine $A \rightarrow G$ und $G \rightarrow A$ Transitionen. Das Problem sind Transversionen von Purinbase nach Pyrimidinbase oder umgekehrt also $T \rightarrow A$ oder $C \rightarrow G$, denn dafür gibt es keine Enzyme.

CC-BY-NC Science Surf accessed 03.11.2025