

GENETICS

GENE EDITING

27.12.2018

Die Entwicklung des Gene Editing ist schwer nachvollziehbar ohne detaillierte Kenntnisse der Enzymchemie. Das neueste [LJ 12/18](#) hat auf S.44 eine exzellente Beschreibung von [BE1](#) (mutiertes dCas9 mit APOBEC1-Cytidin-Deaminase, Einzelstrang R Loop), [BE2](#) (Uracil-Glycosylase-Inhibitor), [BE3](#) (dCas9 mit Nick), [HF-BE3](#) (high fidelity), [BE4-GAM](#), [BE4max](#), bis zum [ABE 7th 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 -> T und T -> C, oder Purine A -> G und G -> A Transitionen. Das Problem sind Transversionen von Purinbase nach Pyrimidinbase oder umgekehrt also T -> A oder C->G, denn dafür gibt es keine Enzyme.