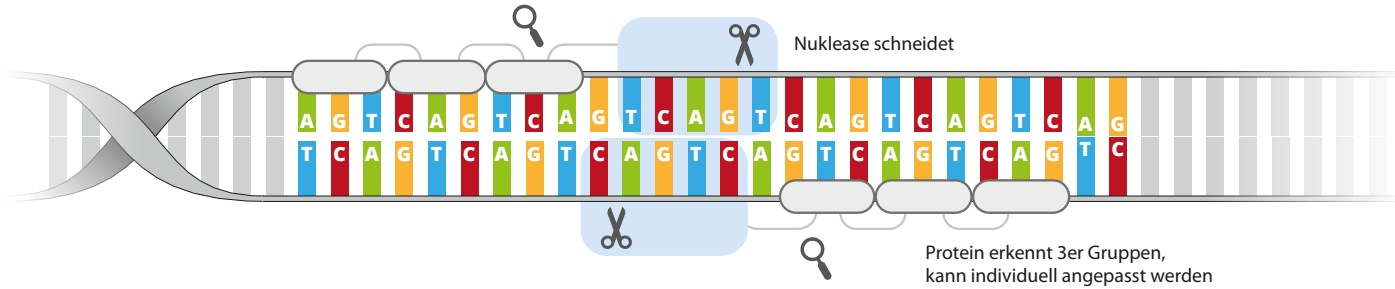
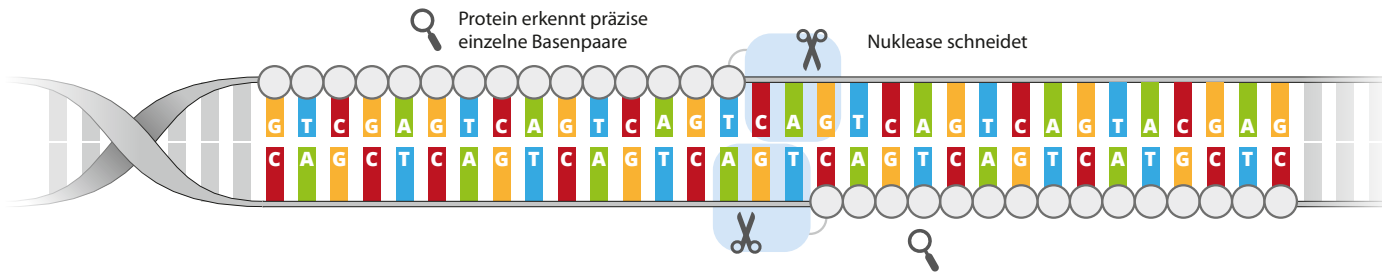
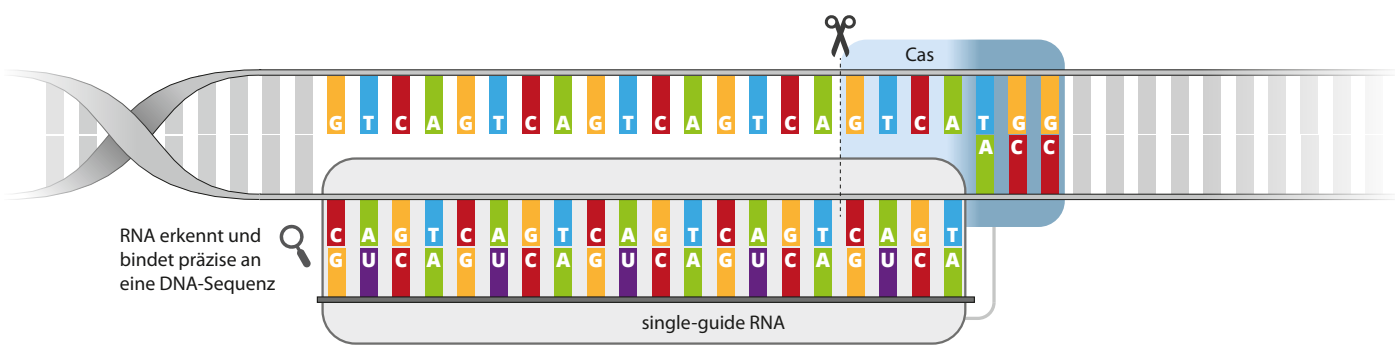


Zinkfingernukleasen (ZFNs) *bestehen aus zwei getrennten Elementen. Die Zinkfingerproteine erkennen spezifisch die zu verändernde Erbgutsequenz in Blöcken von drei Basen. Das zweite Element, eine unspezifische zusätzlich angehängte Nuklease, schneidet diese Sequenz. Da die Nuklease nur als Paar schneidet, sind immer zwei ZFNs nötig, um eine Sequenz im Erbgut anzusteuern und zu schneiden. © GENOMXPRESS SCHOLÆ*



Transcription Activator Like Effector Nukleasen (TALEN) *sind den ZFNs sehr ähnlich. Sie bestehen aus einem erkennenden und einem schneidenden Element. Auch TALEN funktionieren nur als Paar. Der Unterschied zwischen TALEN und ZFN liegt in der Erkennung: TALEN lassen sich viel spezifischer anpassen als ZFNs, da das Erbgut in einzelnen Basen erkannt wird. © GENOMXPRESS SCHOLÆ*



Clustered Regulatory Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR) / CRISPR associated (Cas) – Systeme *bestehen aus zwei Elementen: Eines erkennt die Erbgutsequenz (CRISPR-RNA) und das zweite, die Nuklease, schneidet diese (Cas). Der Unterschied zu ZFNs und TALEN besteht darin, dass für die Erkennung eine kurze RNA anstelle von Proteinen genutzt wird. Das macht das System einfacher, flexibler und durch den einfachen Aufbau auch kostengünstiger. Das CRISPR/Cas-System braucht keinen Partner, um den Doppelstrang zu schneiden. © GENOMXPRESS SCHOLÆ*