

Magyar kutatók fejlesztése teszi hatékonyabbá a genetikai szerkesztést

Gyökeresen továbbfejlesztették magyar kutatók a hat évvel ezelőtt bemutatott prime génszerkesztő módszert. Welker Ervin, az MTA doktora vezetésével a HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont és a HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont genetikusai által kidolgozott új génmódosító eljárás hatékonysága és pontossága messze felülmúlja az összes többi hasonló módszerét.

A CRISPR-Cas9 rendszeren alapuló génszerkesztés az elmúlt évtizedben forradalmasította a génmódosítást, hiszen korábban elképzelhetetlen precizitású változtatásokat lehet a segítségével végrehajtani az örökítőanyagban. A CRISPR-alapú génszerkesztés pontosságán azonban volt még mit javítani, ezért fejlesztették ki az úgynevezett „bázis szerkesztés” és a „prime szerkesztés” eljárásokat. Ezek nagy előnye az volt, hogy már nem kellett hozzájuk elvágni a DNS mindkét láncát, így kisebb lett az esélye, hogy a láncok rosszul kapcsolódnak ismét össze. Csakhogy az új módszerek sem tökéletesek: nem mindig pontosan ott és olyan változások történnek a hatásukra a DNS-ben, mint ahogy azt a genetikusok elvárnák. Amíg nem garantálható, hogy a beavatkozás során csak ott módosuljanak a beteg génjei, ahol például patogén mutáció található, és csak olyan módosítások történjenek a génben, amelyek javítják e hibát, addig a génszerkesztés esetenként nagyobb bajt okozhat, mint amekkora problémát meg akar oldani.

E problémára kínál forradalmi megoldást a magyar genetikusok által kifejlesztett új, gyökeresen hatékonyabb és pontosabb módszer, a „meghosszabbított szerkesztési ablakú prime szerkesztés”, mely a várakozások szerint a génszerkesztés klinikai alkalmazásaihoz is jelentősen hozzájárul majd.

A magyar kutatók a Nature Catalysis című folyóiratban publikálták tanulmányukat, bemutatva az új génszerkesztő eljárás kifejlesztését és optimalizálását. Az új eljárás segítségével a célzáshoz használt génszekvenciától távolabb eső mutációkat is sokkal nagyobb hatékonysággal lehet kijavítani a DNS-en. Összességében sokkal biztonságosabbá válik ezáltal a prime szerkesztés, ami a legfontosabb alapfeltétele annak, hogy egyszer majd a genetikai betegségeket okozó mutációkat rutinszerűen ki tudják javítani az orvosok a betegek genomjában.

„Sok esetben hatékonyabban és specifikusabban tudjuk szerkeszteni a DNS-t. Ezáltal olyan betegséget okozó mutációk is javíthatókká válnak, amelyek korábban a prime szerkesztéssel nem voltak elérhetőek” – fogalmazott Krausz Sára, a tanulmány első szerzője.

„Úgy fejlesztettük tovább a prime szerkesztést, hogy ezzel az eredeti módszer legalább öt különböző hiányosságán tudtunk jelentősen javítani. A módszerünk sokkal specifikusabb minden egyéb hozzáférhető eljárásnál, tehát jobban meg tudjuk határozni a génváltoztatás helyét, és a változtatás jellegét is pontosabban irányíthatjuk” – mondta Welker Ervin, az MTA doktora, a kutatás vezetője.

Részletes cikk az új eljárásról [ide kattintva](#) olvasható.

Sajtókapcsolat:

- Magyar Tudományos Akadémia Kommunikációs Főosztály

- +36 1 411 6321
- sajto@titkarsag.mta.hu

Eredeti tartalom: Magyar Tudományos Akadémia

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/?p=27107>