

[illegible]

Hier kann man eine einzelsträngige DNA-Sequenz in beliebigem Format (Text, GCG, GenBank etc.) durch Kopieren und Einfügen eingeben und auf die Erkennungssequenzen aller kommerziell verfügbaren Restriktionsendonucleasen untersuchen lassen. Das Programm ermöglicht

- Die in der Ausgabe-Tabelle eingetragenen Enzyme sind direkt mit der Datenbank REBASE der Firma New England Biolabs verknüpft, die alle bekannten Restriktionsenzyme, ihre Erkennungssequenzen, Abhängigkeit von Methylierungsmustern, Verfügbarkeit und Literaturangaben enthält. Die unter identischen Kartierungsbedingungen mit Restriction Mapper oder Map (s.o.) erhaltenen Ergebnisse stimmen weitgehend (85 %) überein. Am gewählten Beispiel (codierende Sequenz der T7-

Name	Sequence	Site Length	Overhang	Frequency	Cut Positions
BsrBI	CCGCTC	6	blunt	1	749
HpaI	GTAAC	6	blunt	1	1260
OblI	CACNNNNNGTG	6	blunt	1	274
PshAI	GAACNNNXGTC	6	blunt	1	1717
ScaI	AGTACT	6	blunt	1	1165

Mit Restriction Mapper kann man DNA auch virtuell mit verschiedenen Enzymen gleichzeitig „verdauen“ lassen: Als Ausgabe erhält man den Sequenztext der resultierenden Fragmente, an den gewählten Schnittstellen entsprechend der Enzymspezifikation geteilt und nach Längen sortiert (entsprechend dem Bandenmuster bei der Gelelektrophorese). Links zu einer kurzen, aber prägnanten Hilfe, zu einigen wichtigen „FAQs“ sowie interessanten Internet-Adressen runden den insgesamt guten Eindruck von dieser Website ab. Getrost ignorieren kann man jedoch den „Dilution Calculator“: Weder erscheint diese Funktion im Zusammenhang mit Restriktionsanalysen von nennenswertem Interesse, noch erschließen sich Funktionsweise und Nutzen. Da verlässt man sich besser auf den Stöchiometrie-Schein aus dem Grundstudium...

- [1] H. Beyer, W. Walter, W. Francke, *Lehrbuch der Organischen Chemie*, Hirzel, Stuttgart, **1998**.
- [2] E.-L. Winnacker, *Gene und Klone*, Verlag Chemie, Weinheim, **1990**.

Angew. Chem. **2002**, *114*, Nr. 19