

Berichtigung

A Population of Thermostable Reverse Transcriptases Evolved from *Thermus aquaticus* DNA Polymerase I by Phage Display

S. Vichier-Guerre, S. Ferris, N. Auberger, K. Mahiddine, J.-L. Jesty* — **6279–6283**

Angew. Chem. **2006**, 118

DOI 10.1002/ange.200601217

Für ein neues Genauigkeitsassay (ausgeführt von Dr. Fariborz Bahrami in der Gruppe von Jean-Luc Jesty) wurde nicht kommerziell erhältliche Kaninchen-Globin-mRNA (R1253, Sigma) als Templat genutzt, sondern es wurde ein einziger Klon isoliert, und die entsprechende DNA wurde in einen pIVEX-Vektor für die In-vitro-Transkription des Kaninchen- α -Globin-Gens in mRNA (V00875, NCBI) inseriert. Das neue Genauigkeitsassay mit dieser in vitro transkribierten mRNA lieferte keine hohe Sequenzdiversität an den Positionen 29, 48 und 49 der α -Kette von Kaninchen-Globin. Daher resultierte die ursprünglich beobachtete Sequenzdiversität an diesen Positionen wahrscheinlich nicht aus polymeraseinduzierten Hotspot-Mutationen während der reversen Transkription in vitro, sondern aus dem Vorliegen unterschiedlicher mRNA-Isoformen in R1253, die weder den Produktspezifikationen zu entnehmen waren (Sigma), noch auf Nucleotidebene (in der NCBI-Sequenzdatenbank) beschrieben worden sind. Diese Isoformen sind aber auf der Aminosäureebene bekannt.^[1]

Deswegen müssen die beschriebenen Substitutionsgeschwindigkeiten revidiert werden. Die natürlichen DNA-Polymerasen und ihre Varianten haben höhere Genauigkeiten als zuvor geschätzt. Die folgenden beiden Sätze sollten die entsprechenden Sätze auf S. 6281 (rechte Spalte, vorletzter Absatz) in der Originalpublikation ersetzen: „The substitution rates per base for RNA-dependent DNA polymerization of the most active variants, **5** (3.0×10^{-4}) and **14** (1.3×10^{-3}), were found to be similar or higher than that of avian myeloblastosis virus (AMV) RT (2.2×10^{-4}), which was used as a standard. Interestingly, the most abundant variant **21** (9.2×10^{-5}) had a fidelity which was about 2.5-times higher than that of AMV-RT.“

Die Schlussfolgerungen im letzten Absatz der Zuschrift bleiben aber unverändert, insbesondere die Beobachtung, dass die Katalyseeffizienz von DNA-Polymerasen mithilfe von gerichteter Evolution von Enzymen durch In-vitro-Selektion und Phagen-display um mehrere Größenordnungen verbessert werden kann.

[1] T. Hunter, A. Munro, *Nature* **1969**, 223, 1270–1272.