

## 6. AUSBLICK

Mit der Entdeckung neuer Funktionen von Ribonukleinsäuren stieg in den vergangenen Jahren das Interesse an den RNA-Technologien. Katalytische Eigenschaften von Ribozymen oder das hochaffine Bindungsverhalten von Aptameren eröffneten neue Anwendungsfelder in der Medizin, Molekularbiologie und Biosensorik. Als Beispiel sei der Ersatz von antikörperbasierten Methoden genannt. Im Vergleich zu anderen Biomolekülen stellt die chemische Synthese der Oligoribonukleotide eine preiswerte Alternative der Herstellung dar. Die neuen Möglichkeiten der RNA-Technologien erfordern detaillierte Kenntnisse über die Strukturvielfalt als unabdingbare Voraussetzung zum funktionellen RNA-Design. Bisher basieren Strukturvorhersagen für RNA auf Faltungen von Sequenzen analog zu den klassischen Watson-Crick-Basenpaarungen, wobei Sequenz-Alignments funktionell gleicher Moleküle diverser Spezies das Erkennen konservierter Motive erleichtern. Die Existenz ungewöhnlicher Basenpaarungen und die Rolle des Wassers, wie sie am Beispiel der 5S rRNA Domäne E gezeigt wurden, beinhalten jedoch die strukturellen Determinanten für Wechselwirkungen, deren Variation die Strukturvielfalt bedingt. Erst die Kristallisation und Röntgenstrukturanalyse einer Vielzahl von RNA-Molekülen liefern der Bioinformatik die nötigen Informationen zu den dreidimensionalen Faltungsregeln. Diese werden in Zukunft am Computer den Entwurf eines Aptamers für ein gegebenes Zielmolekül möglich machen, das mit der Phosphoramidit-Chemie applikationsbereit synthetisiert wird (Abb. 6.1).

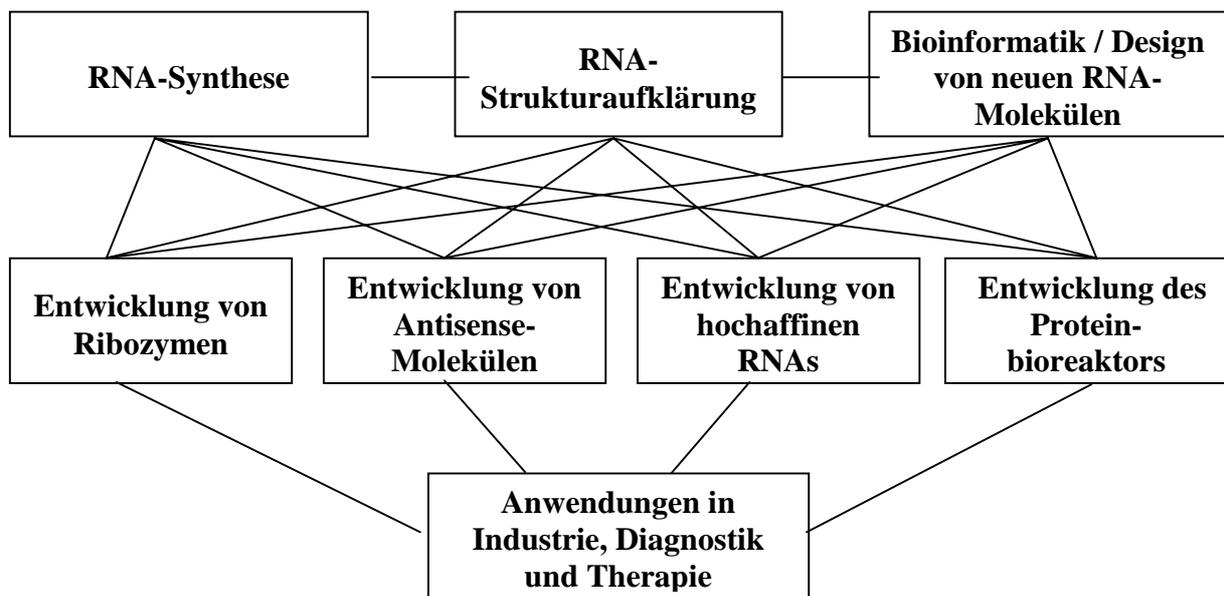


Abb. 6.1 RNA-Technologien.