

Editierung leicht gemacht

13.7.2026 - | Leibniz-Gemeinschaft

Wer DNA editiert, musste die Ergebnisse bislang aufwendig auswerten. Mit einem neuen Tool gelingt das nun direkt im Browser, ohne Installation oder Datenweitergabe.

Wissenschaftler*innen des IUF – Leibniz-Instituts für umweltmedizinische Forschung in Düsseldorf veröffentlichen eine offene, datenschutzfreundliche Plattform, die CRISPR-, Base- und Prime-Editing-Ergebnisse auswertet – ohne Installation und ohne das Hochladen sensibler Daten. Erschienen in Trends in Biotechnology (Cell Press). Die Arbeit wurde gemeinsam mit Kollegen des Universitätsklinikums Düsseldorf, der ETH Zürich und der Universität Paris Cité durchgeführt.

Genome Editing erlaubt es Forschenden, die DNA, die Bauanleitung in jeder lebenden Zelle, mit einer Präzision umzuschreiben, die vor einer Generation noch undenkbar war. Technologien wie CRISPR haben das nahezu zur Routine gemacht, und die Anwendungen reichen längst weit über die Medizin hinaus, von widerstandsfähigeren Nutzpflanzen über produktivere Mikroorganismen bis hin zu nachhaltigen Biomaterialien. Doch bei all diesen Anwendungen ist eine Editierung nur die halbe Arbeit: Forschende müssen die DNA anschließend auslesen, um zu bestätigen, dass die beabsichtigte Veränderung, und nur diese, tatsächlich erfolgt ist; und genau dieser Schritt ist bislang überraschend langsam und schwierig geblieben.

Forschende des IUF – Leibniz-Instituts für umweltmedizinische Forschung haben nun CleanFinder entwickelt, eine frei verfügbare, browserbasierte Plattform, die diese Editierungsergebnisse schnell und präzise auflöst – und zwar ohne sensible genomische Daten an externe Server zu senden. Die Arbeit ist in der Fachzeitschrift Trends in Biotechnology bei Cell Press erschienen.

CleanFinder läuft vollständig in einem gängigen Webbrowser. Es muss nichts installiert werden, Programmierkenntnisse sind nicht erforderlich, und – besonders wichtig – die Daten verlassen niemals den eigenen Computer der Nutzerin oder des Nutzers. Gerade bei patientenabgeleiteten und klinisch sensiblen Proben ist das entscheidend. Im Kern klassifiziert ein spezialisierter „glocaler“ Alignment-Algorithmus (Kombination aus global und lokal) das gesamte Spektrum an Editierungsergebnissen: Insertionen und Deletionen, Base-Edits, Prime-Edits und sogar Editierungen der mitochondrialen DNA – über alle gängigen Sequenzierplattformen hinweg (Illumina, Oxford Nanopore und PacBio).

Über die Kernanalyse hinaus erweitern integrierte Module den Funktionsumfang: Ein schneller „Turbo“-Modus screent komplette 96- und 384-Well-Platten auf einen Blick; ein Modul zur Erkennung von Allelverlust („allelic dropout“) deckt den verborgenen Verlust einer Genkopie auf, der sonst leicht mit einem sauberen Knockout verwechselt wird; ein integrierter Genome Viewer sagt vorher, wie eine Editierung das resultierende Protein verändert; und Design-Werkzeuge – darunter ein Donor-Oligo-Designer für Knock-ins und Tools zur Sequenzumwandlung – erleichtern die Versuchsplanung. Für große oder automatisierte Studien führt eine quelloffene Python-Kommandozeilen-Version genau dieselbe Analyse aus und ermöglicht reproduzierbare Batch-Verarbeitung sowie die nahtlose Einbindung in bioinformatische Pipelines.

Das Team validierte CleanFinder über verschiedene Editierungsstrategien und humanrelevante Zellmodelle hinweg – darunter CRISPR-Cas9- und Cas12-Knockouts und -Knock-ins, Base Editing sowie komplexes Prime Editing in humanen induzierten pluripotenten Stammzellen (iPSCs) und blutbildenden (hämatopoetischen) Stammzellen. Gerade beim Prime Editing trennt CleanFinder die

beabsichtigten präzisen Editierungen zuverlässig von unvollständigen oder fehlerhaft integrierten Produkten — eine notorisch schwierige Aufgabe — und eignet sich damit besonders für jene Zelltypen, die im Zentrum der Krankheitsmodellierung und neuartiger Zell- und Gentherapien stehen.

„Genome Editing ist heute Routine, doch die Auswertung der Daten erfordert nach wie vor Spezialwissen — und das hält viele Labore auf“, sagt Dr. Andrea Rossi, der die Studie leitete. „Wir wollten diese Hürde beseitigen. CleanFinder läuft in jedem Browser, lässt die Daten auf dem eigenen Rechner und liefert klare, umfassende Ergebnisse — damit jedes Labor, überall, seine Editierungen zuverlässig analysieren kann.“

CleanFinder ist kostenlos unter <https://cleanfinder.org> sowie als quelloffener Code auf GitHub verfügbar. Indem die Plattform technische und datenschutzrechtliche Hürden der Editierungsanalyse senkt, soll sie die Forschung beschleunigen — von der Krankheitsmodellierung bis zur Entwicklung neuer Zell- und Gentherapien.

Publikation

Ramachandran H, Dobner J, Nguyen T, Binder S, Tolle I, Vykhyantseva I, Krutmann J, Miccio A, Staerk C, Brusson M, Kontarakis Z, Prigione A, Rossi A: CleanFinder: A scalable framework for comprehensive genome editing analysis. *Trends in Biotechnology* 2026. doi: 10.1016/j.tibtech.2026.04.024

Link: <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2026.04.024>

Weitere Informationen und Kontakt

Pressemitteilung des IUF – Leibniz-Institut für umweltmedizinische Forschung (IUF)

<https://www.leibniz-gemeinschaft.de/ueber-uns/neues/forschungsnachrichten/forschungsnachrichten-single/newsdetails/editierungsanalyse-leicht-gemacht>