

In der Zuschrift von **V. Thuillier und M. Famulok et al.** (*Angew. Chem.* **2000**, *112*, 4538–4542) muss die Abbildung 3 korrigiert werden: Die Autoren haben festgestellt, dass Klon D16-05 einen zusätzlichen C-Rest in Position 42 zwischen G41 und U43 enthält (5'-Ende des hellorange dargestellten Sequenzbereichs). Diese Mutation verändert die computergenerierte Sekundärstruktur der Punktmutante D16-05 zu der in Abbildung 3b gezeigten Faltung. In den Spuren 7, 8, 10 und 11 in Abbildung 3a wurde D16-05 mit RNA-Ködern inkubiert, bei denen C42 fehlte, da diese von einer Templat-DNA transkribiert worden waren, die durch PCR unter Verwendung eines C42-defizienten 5'-Primers hergestellt wurde. Die Autoren haben daher die in Abbildung 3 skizzierte Analyse mit korrekten Primern wiederholt. Es zeigte sich, dass die Konstrukte 10 und 11 in Abbildung 3a die Spaltaktivität effizient wiederherstellen können. Die frühere Schlussfolgerung, dass Helix I (rot) eine wichtige strukturelle Rolle bei der Doxycyclinbindung spielt, ist daher nach wie vor richtig, aber es zeigt sich nun, dass der Effekt von Helix I unabhängig von ihrer Sequenz ist. Alle weiteren Schlussfolgerungen dieser Zuschrift bleiben hiervon unberührt.

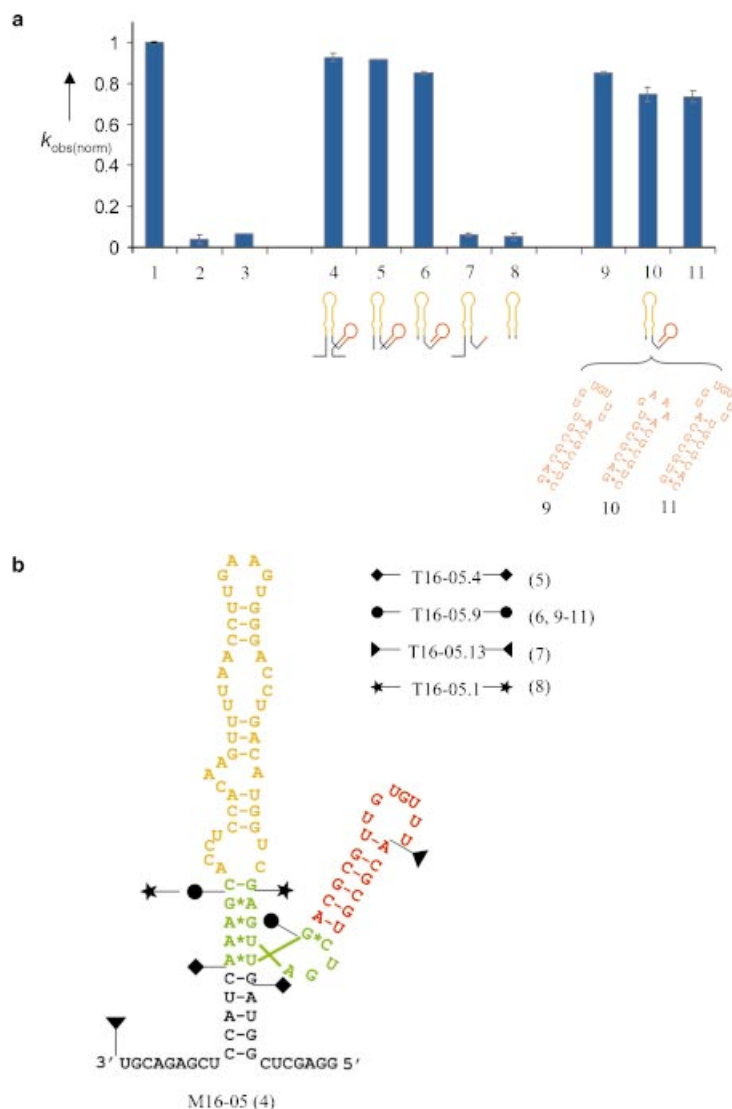


Abbildung 3. Bestimmung der Minimalsequenz von Klon D16-05. a) Relative Aktivität  $k_{\text{abs(norm)}}$  der Spaltreaktion unter verschiedenen Bedingungen (immer in Gegenwart von  $1 \mu\text{M}$  tRNA als unspezifischem Kompetitor). 1: Spaltaktivität von D16-05 ( $1 \text{ nM}$ ), 2: zusätzlich  $200 \text{ nM}$  1, 3: wie 2. Lauf, zusätzlich  $2 \mu\text{M}$  unselektierte Bibliothek als unspezifischer Kompetitor; 4–8: wie 2. Lauf, zusätzlich  $2 \mu\text{M}$  spaltungsinaktive Punktmutante M16-05 (4), Konstrukt T16-05.4 (5), Konstrukt T16-05.9 (6), Konstrukt T16-05.13 (7), Konstrukt T16-05.1 (8); 9–11: wie 2. Lauf, zusätzlich  $2 \mu\text{M}$  Konstrukt T16-05.9 mit den gezeigten Variationen in der Helix I. b) Computer-generierte Sekundärstruktur der Punktmutante D16-05. Die Markierungssymbole flankieren die getesteten Sequenzen der verkürzten Versionen. Um die T7-Transkription zu ermöglichen, wurden zwei Guanosinreste in die 5'-Positionen der verkürzten Konstrukte eingefügt, die hier nicht gezeigt sind. Orange: die ursprüngliche randomisierte Region; rot: konstante Regionen aus dem Hammerhead-Ribozym (Helix I); grün: katalytisch aktives Zentrum. Der schwarz unterlegte Guanosinrest zeigt die Punktmutation C–G. Die Zahlen in Klammern beziehen sich auf die Numerierung in (a).

In der Zuschrift von **D. Zhao et al.** in Heft 11, S. 2224–2226, wurden zwei relevante Artikel nicht zitiert, wofür sich die Autoren entschuldigen: a) A. K. Cheetham, G. Férey, T. Loiseau, *Angew. Chem.* **1999**, *111*, 3466–3492; *Angew. Chem. Int. Ed.* **1999**, *38*, 3268–3292; b) N. Guillou, Q. Gao, M. Nogues, R. E. Morris, M. Hervieu, G. Férey, A. K. Cheetham, *C.R. Acad. Sci. Ser. IIc* **1999**, *2*, 387–392.

Die Tabelle 1 der Zuschrift von **J. T. Groves und S. Shaik et al.** in Heft 15, S. 2958–2962, enthält einen Vorzeichenfehler: Der erste Energiewert in Zeile 2 beträgt  $+0.07 \text{ kcal mol}^{-1}$  und nicht  $-0.07$ .