# KONSENSUS-Sequenzen

# Initiation der Translation

**Konsensus-Sequenzen bestimmen den Beginn der Translation am Ribosom**

**Prokaryoten:**

Innerhalb des 5’-UTR der mRNA von Prokaryoten befindet sich die nach Ihren Entdeckern benannte **Shine-Dalgarno-Sequenz**, die die Ribosomenbindestelle (**RBS**, auch: Riboso-menerkennungsstelle) darstellt.

Die **Shine-Dalgarno-Sequenz** besteht bei vielen prokaryotischen mRNAs aus der **Konsensus-Sequenz AGGAGGU.** Dieser Konsensus befindet sich meistens 4 bis 7 Nukleotide stromaufwärts (in Richtung 5‘-Ende) vom Initiations-Codons AUG aus gesehen.

Das Auffinden einer Konsensus-Sequenz erfolgt durch die Erstellung eines multiplen Alignments geeigneter Sequenzen. In Abb.1 ist schematisch gezeigt, wie vier unterschiedliche bakterielle mRNA-Sequenzen angeordnet werden müssen, um den Shine-Dalgarno-Konsensus zu ermitteln:

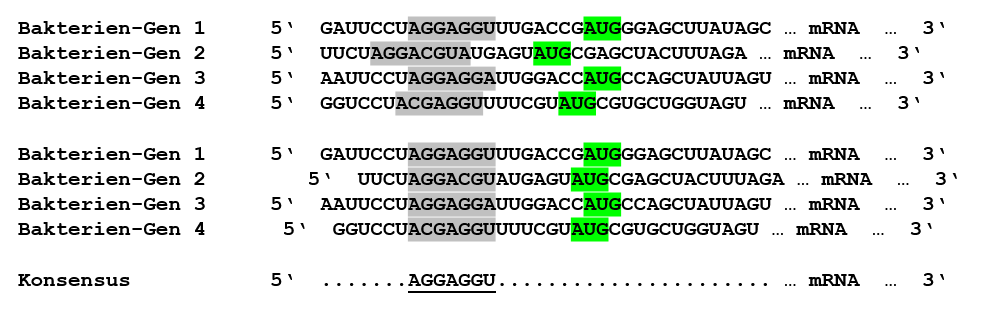


Abb. 1 multiples Alignment unterschiedlicher 5`-UTR-Sequenzen von Bakterien

Die **Shine-Dalgarno-Sequenz** ist einem bestimmten Sequenzabschnitt (**ACCUCCU**) am 3’-Ende der 16S rRNA des 70S Ribosoms komplementär.

**Variable Distanz**

**Startcodon**

**Die 16S rRNA ist die RNA-Komponente der kleinen Untereinheit prokaryo-tischer Ribosomen.**

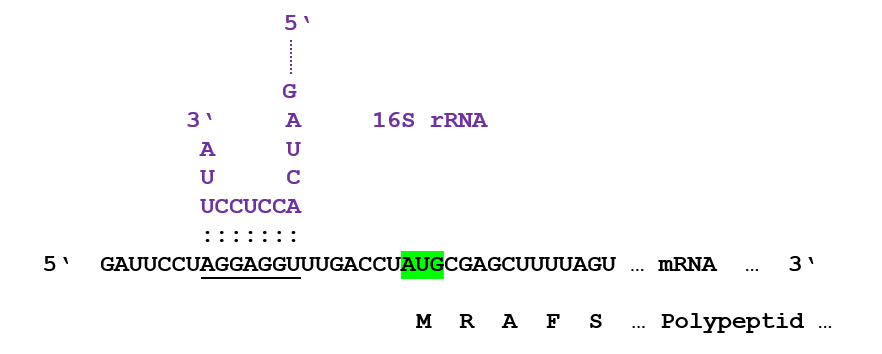


Abb. 2 Darstellung der Shine-Dalgarno-Sequenz, die durch komplementäre Basenpaarung einen kurzen Doppelstrandabschnitt mit der 16S rRNA-Sequenz der kleinen Untereinheit des Ribosoms bildet.

**Eukaryoten**:

Bei Eukaryoten gibt es keine allgemein gültigen Ribosomenbindestellen auf der mRNA. Die **Kozak-Sequenz**, ist eine nach der US-amerikanischen [Biochemikerin](https://de.wikipedia.org/wiki/Biochemiker) [Marilyn Kozak](https://de.wikipedia.org/w/index.php?title=Marilyn_Kozak&action=edit&redlink=1) benannte [Nukleinbasen](https://de.wikipedia.org/wiki/Nukleinbase)-Sequenz in der [Messenger-RNA](https://de.wikipedia.org/wiki/Messenger-RNA) (mRNA) [eukaryotischer](https://de.wikipedia.org/wiki/Eukaryoten) Lebewesen, die einen Konsens aus den am häufigsten vorkommenden Nukleinbasen in unmittelbarer Nähe des [Startcodons](https://de.wikipedia.org/wiki/Startcodon) **AUG** auf der mRNA darstellt. Als Kozak-Sequenz wird oft die Basenfolge …(gcc)gccRcc**AUG**G… genannt, wobei es deutliche Unterschiede zwischen verschiedenen Gruppen von Eukaryoten gibt.

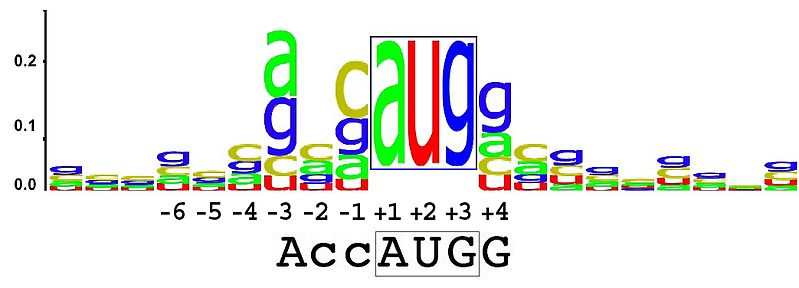


Abb. 3 Darstellung des Kozak-Konsensus der Eukaryoten als WebLogo

(<https://commons.wikimedia.org/wiki/File:KozakConsensus.jpg>, GNU-Lizenz für freie Dokumentation, [TransControl](https://en.wikipedia.org/wiki/User:TransControl))

Bei Landpflanzen tritt beispielsweise folgende Sequenz auf: 5‘ …AACA**AUG**GC… 3`.

Bei Eukaryoten sind die 5’-Kappe und der poly(A)-Schwanz für die Translation wichtig.

Poly(A)-Schwanz und Kappe positionieren bei Eukaryoten die kleine Untereinheit des Ribosoms am 5’-Ende der mRNA.

Dazu werden, ähnlich den Vorgängen bei der Transkription, bestimmte Proteine, sog. Translationsinitiationsfaktoren, benötigt. Anschließend durchmustert (scannt) die kleine Untereinheit die mRNA nach dem ersten Startcodon (**AUG**).

Initiation der Translation Arbeitsblatt

Untersuche die folgenden Sequenzen auf das Vorhandensein einer Shine-Dalgarno-Sequenz! Unterstreiche die gefundene Sequenz!

Sequenz 1:

5’ AUAGACAGAUAGAAGGAGGUCGAUAUAAUGUAGAUUGCAGACAGAUAGACAGAGUAGA 3’

Sequenz 2:

5’ AAAGACAAUAGCCGUUGAGAUAGAAGGAGGUCAGAUGUAGUAGGACGAAUGAGUAGA 3’

Sequenz 3:

5’ ACAUAGACAGAUUAGACGAUAGACAGUAGACAGAUAGACAGUAGUACGAAUGAGUAGA 3’

Sequenz 4:

5’ UUAGACCCUAGCCGAAGAGAAAGAAGGAGGUCGAUAUAGCAGAUGUAGAUGAGUAGA 3’

Sequenz 5:

3’ AUAGACAAUAGCCGGAGAUAGAAGGAGGUCGGUAUAGCUGGAGGAUGUAGAAGUAGA 5’

# Initiation der Translation Lösung

Untersuche die folgenden Sequenzen auf das Vorhandensein einer Shine-Dalgarno-Sequenz! Unterstreiche die gefundene Sequenz!

Sequenz 1:

5’ AUAGACAGAUAGAAGGAGGUCGAUAUA**AUG**UAGAUUGCAGACAGAUAGACAGAGUAGA 3’

Sequenz 2:

5’ AAAGACAAUAGCCGUUGAGAUAGAAGGAGGUCAG**AUG**UAGUAGGACGAAUGAGUAGA 3’

Sequenz 3:

5’ ACAUAGACAGAUUAGACGAUAGACAGUAGACAGAUAGACAGUAGUACGA**AUG**AGUAGA 3’

Sequenz 4:

5’ UUAGACCCUAGCCGAAGAGAAAGAAGGAGGUCGAUAUAGCAG**AUG**UAG**AUG**AGUAGA 3’

Sequenz 5:

3’ AUAGACAAUAGCCGGAGAUAGAAGGAGGUCG**GUA**UAGCUGGAGGAUGUAGAAGUAGA 5’