# KONSENSUS-Sequenzen

# Initiation der Transkription

**Konsensus-Sequenzen bestimmen den Beginn der Transkription**

**Spezielle Regionen im Promotorbereich von Pro- und Eukaryoten**

DNA‑Matrizen enthalten Regionen, die man als *Promotorstellen* bezeichnet. Diese binden spezifisch die RNA‑Polymerase und bestimmen, wo die Transkription beginnt. In *Bakterien* sind zwei Sequenzen auf der 5’‑Seite des ersten transkribierten Nucleotids (stromaufwärts, *upstream)* von Bedeutung (siehe Abb.1). Die sogenannte ***Pribnow‑Box***besitzt die Konsensus‑Sequenz **TATAAT** und liegt bei **‑10** (das heißt, zehn Nucleotide von der 5’‑Seite des ersten transkribierten Nucleotids entfernt, das man mit **+1** bezeichnet). Die zweite Sequenz wird als ***‑35‑Region***bezeichnet und besitzt die Konsensus‑Sequenz **TTGACA**. Das erste transkribierte Nucleotid ist gewöhnlich ein Purin.

Proteincodierende *Eukaryotengene* besitzen Promotorstellen mit einer **TATAAA**-­Konsensussequenz, die bei ungefähr **‑25** liegt. Diese ***TATA‑Box***(oder auch ***Hogness‑Box****)* ist der prokaryotischen Pribnow‑Box ähnlich, liegt aber weiter stromaufwärts. Viele eukaryotische Promotoren besitzen noch eine **CAAT**-Konsensussequenz bei ungefähr **‑75**. Die Transkription eukaryotischer Gene wird ferner von sogenannten *Enhancer‑Sequenzen* (regulatorischen Sequenzen mit verstärkender Wirkung) beeinflusst; diese können vom Startpunkt der Transkription ziemlich weit entfernt sein (bis zu mehreren Kilobasen) und liegen entweder auf dessen 5’‑ oder 3’‑Seite.

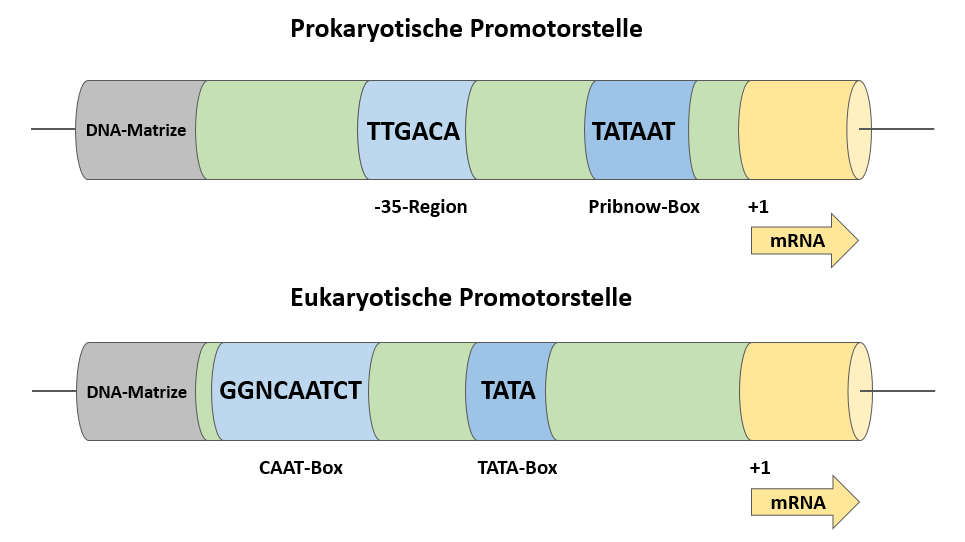


Abb.1 Promotorstellen für die Transkription in Prokaryoten und Eukaryoten; angegeben sind jeweils die Konsensussequenzen der Minus-35-Region, der Pribnow-Box, der CAAT-Box und der TATA-Box. Die Position des Transkriptionsstarts ist durch +1 markiert.

**Erstellen des Pribnow-Konsensus per Hand Arbeitsblatt**

Als **Konsensussequenz** wird diejenige [Sequenz](https://de.wikipedia.org/wiki/Nukleotidsequenz) von [Nukleotiden](https://de.wikipedia.org/wiki/Nukleotid) oder [Aminosäuren](https://de.wikipedia.org/wiki/Aminos%C3%A4ure) bezeichnet, welche in der Summe am wenigsten von einer gegebenen Menge von entsprechenden Mustersequenzen abweicht. In der Regel werden Konsensussequenzen aus einem [**multiplen Sequenzalignment**](https://de.wikipedia.org/wiki/Sequenzalignment) (MSA) erstellt. Im einfachsten Fall wird dasjenige Element in die Konsensussequenz aufgenommen, welches in der entsprechenden Spalte des MSA am häufigsten vorkommt.

Hier sind Teilsequenzen von 12 Promotorbereichen verschiedener bakterieller Gene gezeigt. Die Basen der DNA sind als Kleinbuchstaben dargestellt. Ermittle per Hand die jeweilige Häufigkeit jeder Base für die Sequenzpositionen 1 bis 12. Entscheide, welche der Basen an jeder Position am häufigsten vorkommt und notiere diese Base in der Zeile KONSENSUS! Wähle einen Großbuchstaben, wenn er Häufigkeitswert gleich 6 oder größer als 6 ist.

Position . 1 . . . . 6 . . . . . 12 .

**Seq\_1 . c t c t a t t a t t a c .**

**Seq\_2 . a a t t a a t a t g c a .**

**Seq\_3 . g g g c a t t a t c t t .**

**Seq\_4 . a c g g t t a a t g t g .**

**Seq\_5 . a c a t a t a a a g t g .**

**Seq\_6 . a t t t a t g a t g a g .**

**Seq\_7 . c c c t a t a g t c g a .**

**Seq\_8 . t a a t a t t a t c a a .**

**Seq\_9 . a c a t a c t a t c g g .**

**Seq\_10 . c a t t t a a a t a c t .**

**Seq\_11 . t c a t a t a t g t g a .**

**Seq\_12 . t g g t a g a c t t c g .**

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

**Anzahl a .** \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ .

**Anzahl c .** \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ .

**Anzahl g .** \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ .

**Anzahl t .** \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ .

**KONSENSUS .** \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ \_ .

# Erstellen des Pribnow-Konsensus per Hand Lösung

Als **Konsensussequenz** wird diejenige [Sequenz](https://de.wikipedia.org/wiki/Nukleotidsequenz) von [Nukleotiden](https://de.wikipedia.org/wiki/Nukleotid) oder [Aminosäuren](https://de.wikipedia.org/wiki/Aminos%C3%A4ure) bezeichnet, welche in der Summe am wenigsten von einer gegebenen Menge von entsprechenden Mustersequenzen abweicht. In der Regel werden Konsensussequenzen aus einem **multiplen Sequenzalignment** (MSA) erstellt. Im einfachsten Fall wird dasjenige Element in die Konsensussequenz aufgenommen, welches in der entsprechenden Spalte des MSA am häufigsten vorkommt.

Hier sind Teilsequenzen von 12 Promotorbereichen verschiedener bakterieller Gene gezeigt. Die Basen der DNA sind als Kleinbuchstaben dargestellt. Ermittle per Hand die jeweilige Häufigkeit jeder Base für die Sequenzpositionen 1 bis 12. Entscheide, welche der Basen an jeder Position am häufigsten vorkommt und notiere diese Base in der Zeile KONSENSUS! Wähle einen Großbuchstaben, wenn er Häufigkeitswert gleich 6 oder größer als 6 ist.

Position . 1 . . . . 6 . . . . . 12 .

**Seq\_1 . c t c t a t t a t t a c .**

**Seq\_2 . a a t t a a t a t g c a .**

**Seq\_3 . g g g c a t t a t c t t .**

**Seq\_4 . a c g g t t a a t g t g .**

**Seq\_5 . a c a t a t a a a g t g .**

**Seq\_6 . a t t t a t g a t g a g .**

**Seq\_7 . c c c t a t a g t c g a .**

**Seq\_8 . t a a t a t t a t c a a .**

**Seq\_9 . a c a t a c t a t c g g .**

**Seq\_10 . c a t t t a a a t a c t .**

**Seq\_11 . t c a t a t a t g t g a .**

**Seq\_12 . t g g t a g a c t t c g .**

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

**Anzahl a . 5** 3 **4** 0 **10** 2 **6** **9** 1 1 **4** 4 **.**

**Anzahl c .** 3 **5** 2 1 0 1 0 1 0 **5** 2 1 **.**

**Anzahl g .** 1 2 3 1 0 1 1 1 1 3 3 **5 .**

**Anzahl t .** 3 2 3 **10** 2 **8** 5 1 **10** 3 3 2 **.**

**KONSENSUS . a c a T A T A A T c a g .**