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

Die Transkription beginnt in der Nähe von Promotorstellen

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.

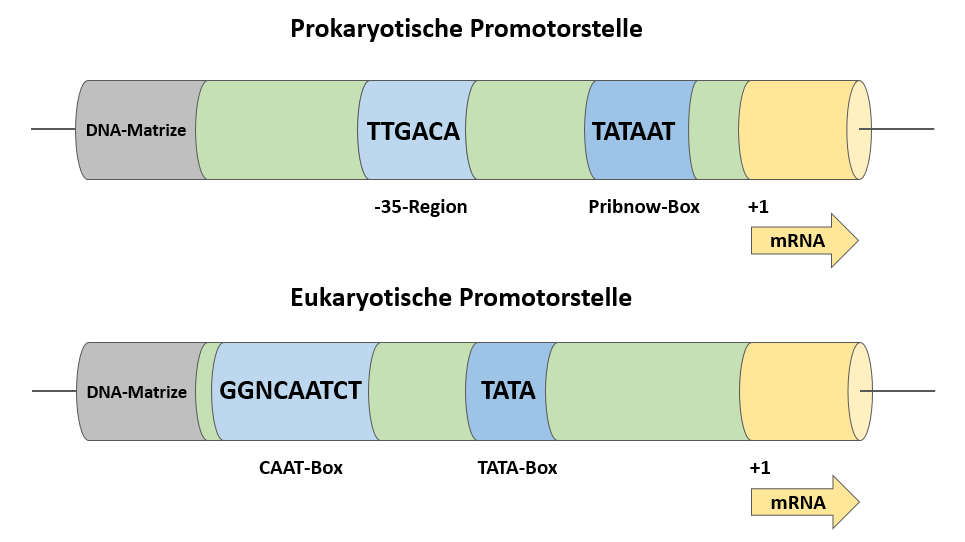


Abb.1 Promotorstellen für die Transkription in Prokaryoten und Eukaryoten, angegeben sind jeweils die Konsensussequenzen der Minus-35-Region, Der Pribnow-Box, der CAAT-Box und der TATA-Box. Die Position des Transkriptionsstarts ist durch +1 markiert.

**Arbeitsblatt**

**Suche und markiere die entscheidenden Promotorstellen in folgenden Promotorsequenzen:**

1. **Eukaryotische Promotorsequenz:**

5‘…TGCGATGCGAGCAGATGACCCAGATGACAGATAGGACAATCTGCAGATAGACAGATAGAGCAAGATGGAACCACAGATTAGATGATGACGACTATAGACCAGATCAAGATGACCAGAGCTAGCAGATCAGCAGATAGCATGCTGAGCAGCAGTCCCCTT… 3‘

A =+1

1. **Prokaryotische Promotorsequenz:**

5‘…TGCGATGCGAGCAGATGACCCAGATGACAGATAGCACTTTCTGCAGATAGACAGATAGAGCAAGATGGAACCACAGATTTGACAAGATGATGACGACTGCAGACCAGATCAATATAATATGACCAGAGCTAGCAGATTAGCAGATAGCATGGAGATACG… 3‘

G =+1

**Lösung**

**Suche und markiere die entscheidenden Promotorstellen in folgenden Promotorsequenzen:**

1. **Eukaryotische Promotorsequenz:**

5‘…TGCGATGCGAGCAGATGACCCAGATGACAGATA**GGACAATCT**GCAGATAGACAGATAGAGCAAGATGGAACCACAGATTAGATGATGACGAC**TATA**GACCAGATCAAGATGACCAGAGCT**A**GCAGATCAGCAGATAGC**ATG**CTGAGCAGCAGTCCCCTT… 3‘

**A** =+1

**GGACAATCT = CAAT-Box**

**TATA = TATA-Box**

1. **Prokaryotische Promotorsequenz:**

5‘…TGCGATGCGAGCAGATGACCCAGATGACAGATAGCACTTTCTGCAGATAGACAGATAGAGCAAGATGGAACCACAGAT**TTGACA**AGATGATGACGACTGCAGACCAGATCAA**TATAAT**ATGACCAGAGCTAGCAGATTAGCAGATAGC**ATG**GAGATACG… 3‘

**G** =+1

**TTGACA = -35-Region**

**TATAAT = Pribnow-Box**