



## RNA: Zwei auf einen Streich

Als tmRNA werden kleine, etwa 350 Nucleotide lange RNA-Moleküle bezeichnet, die eine Doppelfunktion als t- und mRNA besitzen. Diese RNA-Moleküle werden im so genannten *Trans*-Translationsrettungssystem benötigt, das in Aktion tritt, wenn in Bakterien oder Plastiden ein Ribosom während der Proteinbiosynthese zum Stillstand kommt, z.B. weil die mRNA fehlerhaft ist. Die tRNA-artige Domäne der tmRNA wird dabei vom stillstehenden Ribosom gelesen, wodurch gleichzeitig der mRNA-Teil als Matrize zum Anhängen eines Proteolyse-Signals an das unfertige Protein genutzt wird. Dadurch werden die ribosomalen Untereinheiten wieder freigesetzt, und das unvollständige Polypeptid abgebaut.

Die tmRNA-Website ist Teil des „RNA Webring“,<sup>[1]</sup> einem lockeren Zusammenschluss verschiedener Labor- und Firmenwebsites, die sich mit RNA-spezifischen Aspekten wie Prozessierung, Editing, und Transport befassen. Die tmRNA-Website liefert eine Zusammenstellung der 297 derzeit bekannten tmRNA-Sequenzen. Diese sind phylogenetisch sortiert und können auch selektiv, z.B. nach gram-positiven Stämmen dargestellt werden. Nicht möglich ist es allerdings, eigene Sequenzen mit den tabellarisch zusammengefassten zu vergleichen. Die von den tmRNA-Molekülen kodierten Proteolyse-Signale können ebenfalls (unter dem Link „Tag“) tabellarisch abgerufen werden. Mittels eines Suchfensters können die Sequenzen auf der Webseite nach Spezies durchsucht werden (leider sind aber sonst keine Suchfunktionen z.B. nach Inhalten der Zusammenfassung oder nach Literatur gegeben). Die Suche nach Spezies ist nicht besonders bedienungsfreundlich – so muss z.B. auf Groß- und Kleinschreibung geachtet werden.

Unter dem Link „Review“ ist eine insgesamt gute Zusammenfassung des Mechanismus und einiger Details zu finden – allerdings auf dem Stand von 1998. Auch die Literaturliste ist nicht auf dem neuesten Stand: Sie endet im September 2001. Wahrscheinlich aufgrund des älteren Datums der Zusammenfassung fehlt darin ein Verweis auf

die Rolle des essenziellen Protein-Kofaktors SmpB, dessen Abwesenheit das *Trans*-Translationssystem zum Erliegen bringt. Immerhin gibt es auch dafür Listen mit Alignments aller („All SmpBs“) oder ausgewählter („selected diverse SmpBs“) Proteinsequenzen – aufgrund welchen Kriteriums letztere ausgewählt wurden, ist jedoch nicht ersichtlich. Dieser Teil der Webseite ist für tmRNA-Neulinge nicht besonders hilfreich, da nicht erkennbar wird, was SmpB überhaupt mit tmRNA und der *Trans*-Translation zu tun hat.

Ähnlich ist die Situation für das in der tmRNA von *C. botulinum* gefundene Gruppe-I-Intron: Es fehlt in der Zusammenfassung, und unter dem Link „Group I Intron of *C. botulinum*“ findet sich zwar eine Sekundärstruktur dieses Introns, aber man muss schon unter „Notices“ genau nachsehen, um herauszufinden, was denn wohl dieses Gruppe-I-Intron mit einer tmRNA zu tun hat. Ansonsten ist der Link „Notices“ recht hilfreich: Es finden sich dort Informationen zu neueren Forschungsergebnissen aus der tmRNA-Welt; erfreulicherweise sind die neuesten auch auf die Webseiten der entsprechenden Zeitschriften verlinkt. Bei den älteren ist aber nicht einmal die Literaturstelle angegeben.

Das Design der Webseite ist knapp gehalten, eine sicher gute Entscheidung, die es angesichts der Aufteilung in vier Rahmen (Abbildung 1) vereinfacht, die Übersicht zu behalten. Allerdings schränkt diese Aufteilung die Suchmöglichkeiten unnötig ein. Eine aktualisierte Version sowohl der Literaturangaben als auch der Zusammenfassung würde die Webseite sicher zu einer deutlich attraktiveren Informationsquelle sowohl für interessierte Studierende als auch für an tmRNA arbeitende Wissenschaftler machen.

Christian Hammann, Wolfgang Nellen  
Universität Kassel

[1] <http://homepages.ed.ac.uk/jeanb/RNAwebring.html>.

 Für weitere Informationen  
besuchen Sie:  
<http://www.indiana.edu/~tmrna/>  
oder nehmen Sie Kontakt auf mit  
kwilliam@bio.indiana.edu

Abbildung 1. Die tmRNA-Homepage an der Indiana University.