TRANSCRIPTION

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | **ARN m (messager)** | **ARN r (ribosomales)** | **ARN t (de transfert)** |
|  |  | **5,8s – 18s – 28s** | **+ ARN R 5s** |
|  | ARN polymérase II | ARN polymérase I | ARN polymérase III |
|  | Boite TATA AA en AMONT du +1 (avant)  Ou autre boite spécifique si pas TATA | Pas de boite conservée nette mais en AMONT du +1 | 2 Boites (séquences consensus) en +10 et en +50 donc en AVAL du +1 (après) |
| Facteurs de transcriptions | TF II (des protéines 6 ≠) | Facteurs plus simples UBF et Sl 1 | Facteurs plus simples TF III (3≠) |
| Transcription | Discontinue = suivant les besoins de la cellule  Tout le brin est transcrit | Continue en tandem  Unité de transcription | Continue  30 gènes en tandem pr ARNt  1 gène en tandem pr ARNr 5s |
|  | Séquences régulatrices |  |  |
|  | Signal de terminaison = Signal de polyadénylation AATAAA mais transcription qui continue sur 500-2000 nucléotides |  |  |
| **Maturation** | | | |
|  | Ajout coiffe en 5’  Ajout d’un G grâce à liaison 5 ‘-5’ phosphodiester  >Pr que l’ARNm soit reconnu au niveau des pores nucléaires  >Pr protéger l’ARNm ctre attaques enzymatiques des extrémités 5’  >Pr faciliter initiation de la traduction en protéine | -Elimination de séquences intermédiaire  -Repliemts complexes appelés tige-boucle | ! l’ARNr 5s n’est pas modifié  Pour l’ARNr  -raccourcissement en 5’  -chgmt en 3’ UU devient CCA  -excision de séquences non utile  -modification chimique >formation de bases atypique |
| Ajout queue Poly AA en 3’  Raccourcissemnt jusqu’à 10-35 nucléotides après signal de terminaison  Ajout queue poly A (100-250 AA…)  >Pr aider à sortir du cytoplasme  >Pr protéger extrémité 3’ ctre attaque des enzymes |
| Suppression des introns  Splicéosome = structure complexe (petits ARN nucléaires + protéines) qui >reconnait début des introns GU et la fin AG et les coupe.  >ressoude les 2 exons |