

	Procaroyotes	Eucaryotes
<b>ADN</b>	ADN : pas d'intron dans les gènes	ADN : régions introniques = transcrites mais non traduites de <100 à >100 000pb Exon = séquences courtes 50-300pb (♂ moyenne de 145pb)
<b>Réplication</b> ADN → ADN	Semi conservative, discontinue, avec existence de systèmes de réparation. <b>3 ADNpol</b> 1 seule origine de réplication, 2 fourches 500 nuclt/s	Beaucoup d'ADNpol ( $\alpha$ [synth amorce d'ADN], $\beta$ , $\gamma$ , $\delta$ [+++ brin retardé], $\epsilon$ [+++ brin avancé]...) Multiples origines de réplication (30 000-50 000) seulement 10-15% actives 50nuclt/s
<b>Transcription</b> ADN → ARN	Seul le brin matrice est transcrit = brin non codant, la séquence de l'ARN est la même que celle du brin codant. Unité de transcription = ce qui est transcrit par la polymérase Une ARNpol qui lit de gauche à droite utilise le brin inférieur comme matrice La direction de l'ARNpol est déterminée par l'orientation de la séquence du promoteur	
	<b>ARNr</b> (eucaryotes : synth par pol I) 80% des ARN tot, forme la struct de base des ribosomes et catalyse la synthèse des protéines. <b>ARNt</b> (eucaryotes : synth par pol III) 10-20% des ARN tot, adaptateur entre ARNm et aa (lie un aa ou un codon stop) <b>ARNm</b> (eucaryotes : synth par pol II) 2-5% des ARN tot, quantité variable, $T_{1/2}$ brève et adaptation au milieu extérieur très rapide, code pour les protéines	
	<b>ARNm polycistronique</b>	<b>ARNm monocistronique</b> ARN non codant <2% des ARNtot <b>SnARN</b> (épissage des ARNm, associés à des protéines) synth par pol II <b>SnoARN</b> (maturation des ARNr) synth par pol II <b>MiARN</b> mono/bicaténaires 20bases se fixe sur l'ARNm complémentaire,
	<b>1 seule ARNpol</b> (enzyme multimérique, composée de plusieurs SU dont le facteur sigma)	Dans le noyau <b>3 ARNpol</b> (I, II, III) ; homologie de séquence au niveau du site catalytique
<b>Promoteur</b>	<b>Promoteur proximal</b>	<b>Région promotrice</b> = promoteur basal + promoteur proximal + séquences cis régulatrices à distance
<b>Initiation</b>	Liaison <b><math>\sigma</math>-promoteur</b> en amont du site d'initiation de la transcription = 2 boîtes à -35 et -10 nuclt, séquence asymétrique. L'ARNpol se fixe sur environ 60 nuclt → distorsion de l'ADN, ouverture de la double hélice → début de la transcription	ARNpol II + facteurs généraux de la transcription = Complexe d'Initiation de la Transcription ( <b>CIT</b> mis en place grâce à des médiateurs) = peu efficace, ne module pas la transcription en fonction des signaux, nécessité de <b>facteurs trans régulateurs de la transcription</b> interagissant avec les <b>séquences cis</b> de l'ADN Fixation de la SU TPB du <b>TF<sub>II</sub>D</b> à TATA box (le + souvent) à -25-30nuclt → distorsion de l'ADN Puis fixation de l'ARNpol III et des autres TF <sub>II</sub> (D,B,A, E,F) dont le dernier est <b>TF<sub>II</sub>H</b> (activités ATPase, hélicase, kinase) Phosphorylation extensive de <b>CTD</b> (7aa contenant de la sérine) → dissociation des facteurs de la transcription, le début de la transcription, la liaison de facteurs de maturation de l'ARN.
<b>Elongation</b>	50 nuclt/s Synth de 10 nuclt puis $\sigma$ se détache	Irrégulière, peut avancer, reculer, faire des pauses <b>Facteurs d'élongation</b> $\simeq$ le risque de dissociation de la pol, favorise le remodelage de la chromatine, dissocient transitoirement les dimères H <sub>2</sub> A-H <sub>2</sub> B
<b>Inhibition de l'élongation</b>	<b>Rifampicine</b> inhibe ARNpol procaryote	<b><math>\alpha</math> amanitine</b> se fixe sur l'ARNpol II
	<b>Actinomycine D</b> se fixe sur l'ADN, bloque le mouvement de l'ARNpol	
<b>Terminaison</b>	<b>Rho indépendante</b> : boucle en épingle à cheveu au niveau aRNm, déstabilise et dissocie les SU de l'ARNpol <b>Rho dépendante</b> : facteur rho = hélicase ATP-dépendante, reconnaissance de struct secondaire sur l'ARN par rho → recrutement de rho sur la boucle → rho migre vers 3' → décroche ARN = libération de l'ARNpol	Signal sur la séquence d'ARNm, la pol II continue à transcrire jusqu'à quelques 100 <sup>aines</sup> de bases après le clivage de l'ARNm. Ces opérations aboutissent à un pré-ARNm ou <b>transcrit primaire</b> .
<b>Régulation</b>	Plus l'affinité pour $\sigma$ d'un promoteur $\nearrow$ , plus la transcription $\nearrow$ .	La localisation des gènes varie selon l'activité transcriptionnelle
<b>Maturation de l'ARNm</b> $\nearrow$ diversité Contrôle de qualité ARN mal maturé → exosome		<b>Coiffe en 5'</b> : co-transcriptionnel, +7 méthyl G, 3 réactions enzymatiques (enzymes liées au CTD). Stabilise l'ARNm, lie le CBC (contrôle maturation, passage dans cytoplasme), contrôle initiation de la traduction <b>polyA en 3'</b> : +200 A, spé ARNm, stabilise l'ARN (élim polyA : dégradation par exonucléases) passage vers le cytoplasme, contrôle de la traduction. <b>épissage : classique ou alternatif</b> (différentiel, concerne 70% des gènes humains : protéines différentes à partir du même gène) co-transcriptionnel ou post-transcriptionnel. Assuré par le spliceosome (=5 snRNP [=snARN + SM protéines]+ des protéines). 2 réactions de transestérification, élimination de l'intron sous forme de lasso. NB : il existe des épissages sans spliceosome, introns à auto épissage.
<b>Traduction</b> ARNm → prot	Est simultanée à la transcription car pas de compartimentation Ribosome = 30S + 50S = 70S	Dans le cytoplasme Ribosome = 40S + 60S = 80S
<b>Initiation</b>	-AUG proche de séquence <b>Shine Delgarno</b> (codon GUG = valine, possible) interaction 16S-Shine Delgarno -30S + IF1, IF3 : fixation au niveau du site P sur AUG → IF2-GTP-Met <sub>t</sub> -ARN <sub>t</sub> au niveau AUG Les sites A et E sont vacants, hydrolyse GTP en GDP + Pi (par IF2) → départ des IF -30S + 50S = 70S = ribosome complet	-AUG dans une séquence <b>KOZAK</b> (riche en C et G) -recrutement au niveau de la coiffe -balayage 5' UTR -fixation 40S sur complexe [eIF4 + protéines CBC] -codon AUG reconnu : fixation 60S + eIF6 + eIF5 (GTP) Hydrolyse GTP → libération des eIF -ARN <sub>t</sub> initiateur interagit avec site P uniquement
<b>Elongation</b> = liaison peptidique + translocation Consommation de 2 GTP/aa	EFTu-GTP participe à l'insertion d'un aa-ARN <sub>t</sub> au niveau site A : Wooble Taux d'erreur 10 <sup>-4</sup> Activité peptidyl transférase portée par l'ARNr 23-28S : formation liaison peptidique, hydrolyse GTP : test appariement ARNt Translocation complète du ribosome Vitesse 20aa/s	Vitesse : 3-5 aa/s eEF1a (GTP) / EF-Tu eEF1 $\beta$ $\gamma$ / EF-Ts eEF2 (GTP) / EF-G
<b>Terminaison</b> Consommation d'1 GTP	Quand le codon stop occupe le site A, un facteur de terminaison protéique se lie dans ce site, provoque l'hydrolyse de la liaison polypeptide-ARNt. Codon stop = UAA, UAG, UGA : pas d'ARNt correspondant, ribosome : hydrolyse peptidyl-ARNt = libération de la chaîne peptidique, facteurs de libération : dissociation du ribosome	
<b>Inhibition de la traduction</b>	<b>Linezolid</b> : liaison 50S sur site A (vs GRAM +) <b>Streptomycine</b> : faible C° erreurs de traduction, forte C° bloque initiation <b>Tetracycline</b> : bactériostatique bloque la liaison aa-ARNt sur le site A <b>Chloramphenicol</b> : bloque réaction de la peptidyl transférase (GRAM +/-) <b>Érythromycine</b> : liaison site P, bloque translocation, macrolides, GRAM +	<b>Cyclohexemide</b> : bloque la translocation <b>Toxine diphtérique</b> ou Shiga-toxine : destruction partielle ARNr <b>Kanamycine</b> : bloque le ribosome