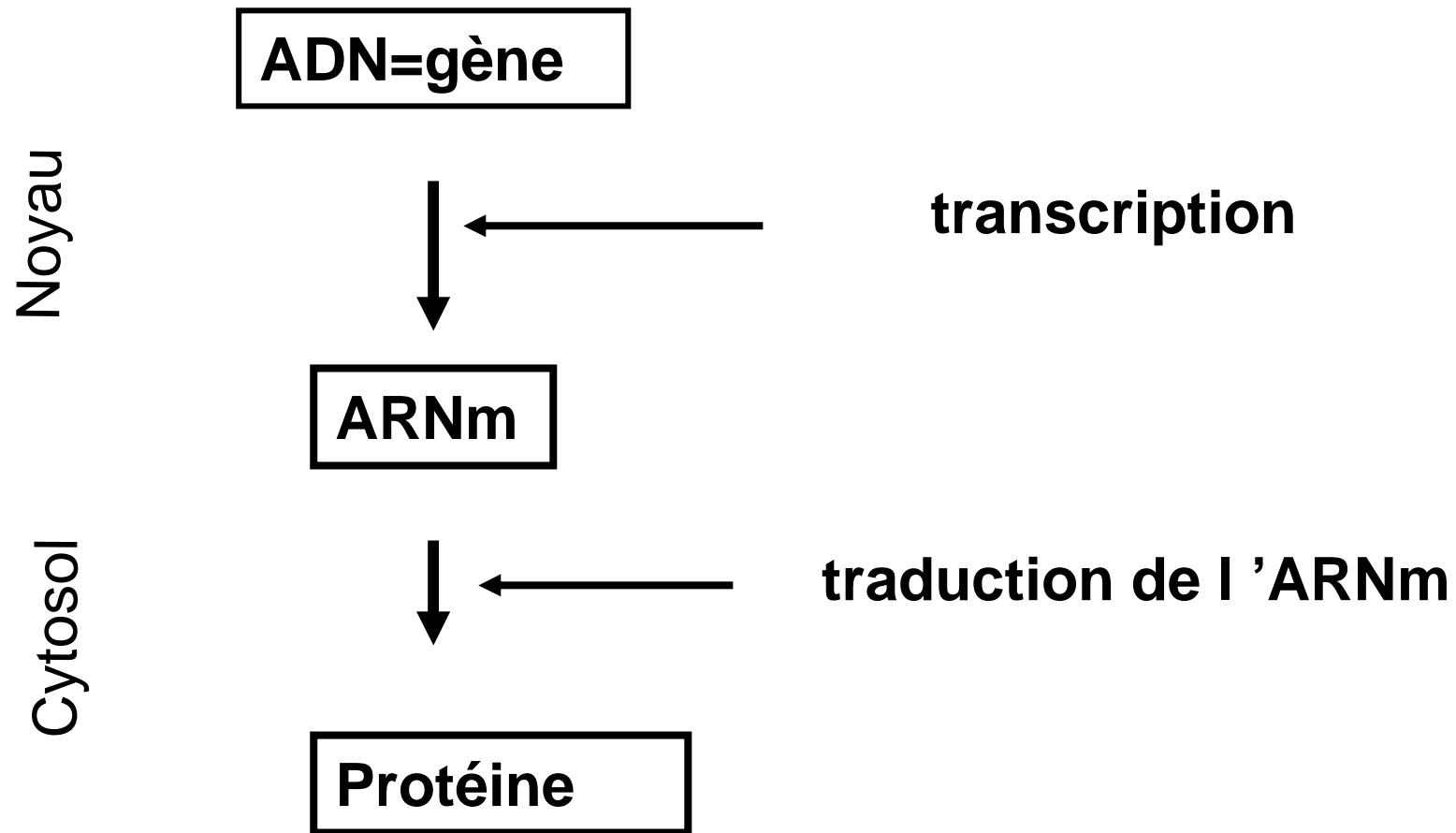


La synthèse des protéines comprend



11/10/2007

ADN

(brin codant)

Base N° 1: A

(codon ATG = méthionine, extrémité 5')

↓
ATGCTGCCGAAC TAAGGATCTCATCTGGACTTTGTTTTTCTGGGAAC
TGCAGTTTCCCTGCAGGTAGATATTGTTCCCAGCCAAGGAGAAATCA
GCGTTGGAGAGTCCA AATTCTTCTGTGTCAAGTGCAGGAAATGCC
AAAGATAAGGACATCTCCTGGTTCTCCCCAACGGGGAGAAAATGGA
GCCCAAACCAGCAGCGGATCTCAGTGGTGTGGAACGATGATGACTC
CTCTACCCCTACCATCTACAACGCCAACATTGATGATGCCCGCATT
ACAAGTGCCTGGTCACCGCTGAAGACGGCACCCAGTCCGAGGCCAC
TGTC AATGTGAAGATCTTCCAGAAGCTCATGTTCAAGAATGCCGCAA
CCCCACAGGAGTTTAAGGAAGGGGAAGATGCTGTGATTGTCTGTGAT
GTGGT CAGCTCTCTGCCCCCAACCATCATCTGGAAACACAAAGGCCG
AGATGTCATCCTGAAAAAAGATGTCCGGTTCATAGTCTATCCAACA
ACTACCTGCAGATCCGAGGCATCAAGAAAACAGATGAGGGCACTTA
CCGCTGTGAAGGCAGGATCCTGGCCCCGGGGGAGATCAACTTCAAG
GACATTCAGGTCATTGTGAATGTACCACCCACTGTCCAGGCCAGACA
GAGCATCGTGAATGCCACTGCCAACCTGGGCCAGTCTGTCAACCTGG
TGTGTGATGCCGATGGCTTCCCAGAGCCCACCATGAGCTGGACAAAG
GATGGGGAACCCATAGAGAATGAGGAGGAAGATGACGAGAAGCAC
ATCTTCAGTGACGACAGTTCGGAGCTGACCATCAGGAATGTGGACAA
AAATGACGAAGCCGAATACGCTGTCATCGCTGAGAAACAAGGCTGGC
GAGCAGGATGCCTCCATCCACCTCAAGGTCTTCGCAAAGCCAAAAT
CACCTATGTAGAGAATCAGACAGCCATGGAAC TAGAGGAGCAAGTC
ACTCTGACATGTGAAGCCTCCGGAGACCCCCATTCTTCCATCACCTG
GAGAACGTCCACCCGAAACATCAGCAGTGAAGAAAAGGCATCGTGG
ACTCGACCAAGAGAAGCAAGAGACTCTAGATGGGCACATGGTGGTAC
GCAGCCATGCTCGTGTGTCTCCTCCCTGACCCTGAAGAGCATCCAGTAC
ACAGATGCTGGAGAATACATCTGCACTGCCAGCAACACCATCGGCC
AGGACTCCCAGTCCATGTACCTTGAAGTTCAATATGCTCCCAAGCTC
CAGGGCCCTGTAGCTGTGTACACTTGGGAAGGGAACCAGGTGAACA
TCACCTGTGAGGTCTTTGCCTACCCAAGTGCCACAATCTCCTGGTTCC
GAGATGGCCAGTTGCTGCCAAGCTCCAAC TACAGCAATATCAAGATC
TACAACACCCCATCTGCGAGCTATCTGGAGGTAACCCCTGATTCCGA
AAATGACTTTGGAAAAC TACAAC TGCACAGCGGTGAACCGTATTGGAC
AGGAGTCCCTGGAAATTCATCCTGGTTCAAGCAGATACACCATCTTCC
CCATCCATCGACCCGGTGGAAACCATACTCCAGCACAGCACAGGTAC
AATTTGATGAGCCAGAAGCCACAGGTGGAGTTCCCATCTCAAATAC
AAGGCTGAGTGGAAAGTCCGCTGGGTGAAGAAGCATGGCATTCCAAGT
GGTATGATGCCAAAGAAGCCAACATGGAAGGGATTGTCAACCATCAT
GGGCTGAAGCCTGAGACAAGGTACGCGGTACGACTGGCGGCCCTC
AACGGCAAGGGGCTGGGCGAGATCAGTGCAGCCACTGAGTTCAAGA
CACAGCCAGTCCGGGAACCCAGCGCACCCAAAGCTGGAAGGGCAGAT
GGGAGAGGACGGGAACCTCCATCAAGGTGAACCTGATCAAGCAGGAT
GACGGCGGCTCCCCCATCAGACACTATCTGGTCAAGTACAGAGCGCT
CGCCTCCGAGTGGAAAAC CAGAGATCAGGCTCCCGTCCGCACTGAC
CACGTCATGCTCAAGTCCCTAGACTGGAACGCCGAGTACGAAGTATA
TGTGGTAGCTGAGAACCAGCAAGGAAAATCCAAGGCAGCTCAGTTC
GTGTT CAGGACTTCAGCCCAGCCCACGGCCATCCCAGCCAATGGCCAG
CCCCACTGCAGGCTGAGCACAGGGCGCCATTGTGGGCATCCTCATTG
TCATTTCTGCTCTACTCCTGGTGTGTCATGGACATCACCTGCTACTTCC
TGAACAAGTGTGGCCTGCTCATGTGCATCGCTGTTAACCTGTGCCGC
AAAGCGGGGCCCGGAGCCAAGGGCAAAGACATGGAGGAGGGGCAAG
GCTGCTTTCTCGAAAGATGAGTCTAAAGAACCATTGTAGAGGTCGG
AACGGAGGAGGAACGGACTCCAAACCATGACGGAGGGGAAGCACAC
AGAGCCCAACGAGACCAACCACTGACAGAGCCCGAGAAGGGTCTCT
GTAGAAAACAAGTCCGAGCCCCAGGAGTCAAGAAGCAAGGCCAGCGC
CAACTGAAGTCAAGACGGTCCCCAATGAAGCCACACAAAACGAAAAGA
GAATGAGAGCAAAGCATGAAAAACAGA

↑
dernière base N° 2564

(de la séquence codante, extrémité 3')

Protéine

Acide aminé N° 1:

M = méthionine

(extrémité N-terminale)

MLRTKDLIWLTLFFLGTAVSLQVDIVPSQGEISVGE
 ESKFFLCQVAGDAKDKDISWESPNGEKLSPNOQ
 RISVYVWDDSSSTLTIYNANIDDAGIYKCVVTAE
 DGTQSEATVNVKIFOKLMFKNAPTPOEFPKEGED
 AVIVCDVYSSLPTTIWKKHKGRDYILKKDYREIV
 LSNNYLQIRGIKKTDEGTYRC EGRILARGEINFK
 DIQVIVNVPPTVQARQSIVNATANLQGSVTLVCD
 ADGFPEPTMSWTKDGEPIENEEEDDEKHIIESDDS
 SELTIRNVDKNDEAEYV CIAENKAGEQDASIHILK
 VFAKPKITYVENQTA MELEEQVTLTCEASGDPPI
 SITWRTSTRNISSEKASWTRPEKQETLDGHMV
 VRSHARVSSLTLKSIQYTDAGEYICTASNTIGQD
 SQSMYLEVQYAPKLGQPVAVYTWEQNQVNITC
 EYEA YPSATISWFRDGLLPSSNYSNIKIYNTPSA
 SYLEVTPDSENDEGNYNCTAVNIRIGQESLEFILV
 QADPSSPSIDRVEPYSSATAQVQFDEPEATGVPILK
 YKAEWKSLGEEA WSKWYDAKEANMEGIVTI
 MGLKPETRYAVRLAALNGKGLGEISAATEFKTQ
 PVREPSAPKLEGQMGEDGNSIKVNLIKQDDGGS
 PIRHYLVKYRALASEWKPEIRLPSGSDHVMLKSL
 DWNAEYEVYVVAENQQKSKAAHFVFRTSAPQ
 TAIPANGSPTAGLS **FGATVGIIVIFVLLLVVM**
 ITCYFLNKCGLLMCIAVNLCKGKAGPGAQKMDM
 EEGKA AFKDESKEPIVEVRTEEERTPNHDGGKH
 TEPNETTPLTEPEKGPVETKSEPQESEAKPAPTEV
 KTVPNEATQTKENESKA

↑
dernier acide aminé N° 858
(extrémité C-terminale)



ADN

(brin codant)

Base N° 1: A

(codon ATG = méthionine, extrémité 5')

ATGCTGCCAACTAAGGATCTCATCTGGACTTTGTTTTTCTGGGAAC
 TGCAGTTTCCTGCAGGTAGATATTGTTCCCAGCCAAGGAGAAATCA
 GCGTTGGAGAGTCCAAATCTTCTCTGTGTCAAGTGGCAGGAAATGCC
 AAAGATAAGGACATCTCCTGGTCTCCCCAACGGGGAGAAACTGA
 GCCCAAACCAGCAGCGGATCTCAGTGGTGTGGAACGATGATGACTC
 CTCTACCCCTACCATCTACAACGCCAACATTGATGATGCCCGCATT
 ACAAGTGGTGGTCACCGCTGAAGACGGCACCCAGTCCGAGGCCAC
 TGTC AATGTGAAGATCTCCAGAAGCTCATGTTCAAGAATGCCCAA
 CCCCACAGGAGTTTAAAGGAAGGGGAAGATGCTGTGATTGTCTGTGAT
 GTGGTCAGCTCTCTGCCCCAACCATCATCTGGAAACACAAAGGCCG
 AGATGTCATCTGAAAAAAGATGTCCGGTTCATAGTCTATCCAACA
 ACTACCTGCAGATCCGAGGCATCAAGAAAACAGATGAGGGCACTTA
 CCGCTGTGAAGGCAGGATCTGCCCCGGGGGAGATCAACTTCAAG
 GACATTCAGGTCATTGTGAATGTACCACCCACTGTCCAGGCCAGACA
 GAGCATCGTGAATGCCACTGCCAACCTGGGCCAGTCTGTACCCCTGG
 TGTGTGATGCCGATGGCTTCCCAGAGCCCAACATGAGCTGGACAAAG
 GATGGGGAACCCATAGAGAATGAGGAGGAAGATGACGAGAAGCAC
 ATCTTCAGTGACGACAGTTCGGAGCTGACCATCAGGAATGTGGACAA
 AAATGACGAAGCCGAATACGCTGTGCATCGCTGAGAAACAGGCTGGC
 GAGCAGGATGCTCCATCCACTCCACTCAAGGTCTTCGCAAAGCCAAA
 CACCTATGTAGAGAATCAGACAGCCATGGAACATAGAGGAGCAAGTC
 ACTCTGACATGTGAAGCTCCCGGAGACCCCAATTCCTTCCATCACCTG
 GAGAACGCTCCACCCGAAACATCAGCAGTGAAGAAAAGGCATCGTGG
 ACTCGACCAAGAGAAGCAAGAGACTCTAGATGGGCACATGGTGGTAC
 GCAGCCATGCTCGTGTCTCTCCTGACCCTGAAGAGCATCCAGTAC
 ACAGATGCTGGAGAATACATCTGCACCTGCCAGCAACACCATCGGCC
 AGGACTCCCAGTCCATGTACCTTGAAGTTCAATATGCTCCCAAGCTC
 CAGGGCCCTGTAGCTGTGTACACTTGGGAAGGGAACCCAGGTGAACA
 TCACCTGTGAGGTCTTTGCCTACCCAAAGTGCCACAATCTCCTGGTTCC
 GAGATGGCCAGTGTCTGCCAAGCTCCAACATACAGCAATATCAAGATC
 TACAACACCCCATCTGCGAGCTATCTGGAGGTAACCCCTGATTCCGA
 AAATGACTTTGGAAACTACAACATGCACAGCGGTGAACCGTATTGGAC
 AGGAGTCTTGGAAATTCATCTGGTTC AAGCAGATACACCATCTTCC
 CCATCCATCGACCGGTGGAAACCATACTCCAGCACAGCACAGGTAC
 AATTTGATGAGCCAGAAGCCACAGGTGGAGTTCATCTCAAATAC
 AAGGCTGAGTGGAAAGTCCGCTGGGTGAAGAAGCATGGCATTCCAAGT
 GGTATGATGCCAAAGAAGCCAACATGGAAGGGATTGTCAACATCAT
 GGGCCTGAAGCCTGAGACAAGGTACGCGGTACGACTGGCGGCCCTC
 AACGGCAAGGGGCTGGGCGAGATCAGTGCAGCCACTGAGTTC AAGA
 CACAGCCAGTCCGGGAACCCAGCGCACCCAAAGCTGGAAGGGCAGAT
 GGGAGAGGACGGGAACCTCCATCAAGGTGAACCTGATCAAGCAGGAT
 GACGGCGCTCCCCATCAGACACTATCTGGTCAAGTACAGAGCGCT
 CGCCTCCGAGTGGAAACCAGAGATCAGGCTCCCGTCCGGCAGTGAC
 CACGTCATGCTCAAGTCCCTAGACTGGAACGCGGAGTACGAAGTATA
 TGTGGTAGCTGAGAACCAGCAAGGAAAATCCAAGGCAGCTCAGTTC
 GTGTT CAGGACTTCAGCCCAGCCCACGGCCATCCCAGCCAATGCCAG
 CCCCAGTGCAGGCTGAGCACAGGGCGCCATGTGGGCATCCTCATTG
 TCATTTTCGTCCTACTCTGGTGGTCTGGACATCACCTGCTACTTCC
 TGAACAAGTGTGGCCTGCTCATGTGCATCGCTGTTAACCTGTCCGGC
 AAAGCGGGGCGCCGGAGCCAAGGGCAAAGACATGGAGGAGGGCAAG
 GCTGCTTTCTCGAAAGATGAGTCTAAAGAACCATTGTAGAGGTCCG
 AACGGAGGAGGAACGGACTCCAAACCATGACGGAGGGGAAGCACAC
 AGAGCCCAACGAGACCAACCACTGACAGAGCCCGAGAAGGGTCTCT
 GTAGAAAACAAGTCCGAGCCCAAGGAGTCAAGAAGCAAGCCAGCCG
 CAACTGAAGTCAAGACGGTCCCCAATGAAGCCACACAAACGAAAGA
 GAATGAGAGCAAGCATGAAAAACAGA

↑
dernière base N° 2564
(de la séquence codante, extrémité 3')

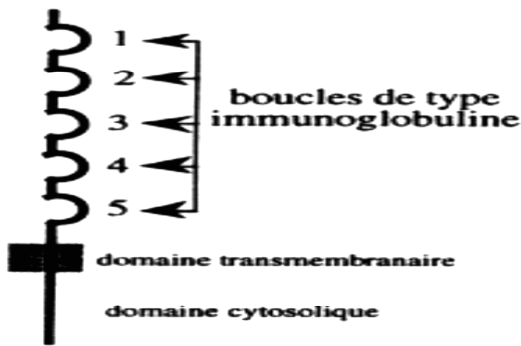
Protéine

Acide aminé N° 1:

M = méthionine
(extrémité N-terminale)

MLRTKDLIWLTLFFLGTAVSLQVDIVPSQGEISVGE
 ESKFFLCQVAGDAKDKDISWESPNGEKLSPNOQ
 RISVYVWDDSSSTLTIYNANIDDAAGLYKCVVTAE
 DGTQSEATVNVKIFOKLMFKNAPTPOEFKEGED
 AVIVCDVYSSLPTIIWKHKGRDYILKKDYREIV
 LSNNYLQIRGIKKTDEGTYRC EGRILARGEINFK
 DIQVIVNVPPTVQARQSIVNATANLQGSVTLVCD
 ADGFPEPTMSWTKDGEPIENEEEDDEKHIIESDDS
 SELTIRNVDKNDEAEYV CIAENKAGEQDASIHLLK
 VFAKPKITYVENQTAMELEEQVTLTCEASGDPPI
 SITWRTSTRNISSEKASWTRPEKQETLDGHMV
 VRSHARVSSLTLKSIQYTDAGEYICTASNTIGQD
 SQSMYLEVQYAPFKLQGPVAVYTWEQNGVNTIC
 EYEA YPSATISWFRDGLLPSSNYSNIKIYNTPSA
 SYLEVTPDSENDEGNYNCTAVNRRIGQESLEFILV
 QADPSSPSIDRVEPYSSTAQVQVDFEPEATGVPILK
 YKAEWKSLGEEA WHSKWYDAKEANMEGIVTI
 MGLKPETRYAVRLAALNGKGLGEISAATEFKTQ
 PVREPSAPKLEGQMGEDGNSIKVNLIKQDDGGS
 PIRHYLVK YRALASEWKPEIRLPSGSDHVMLKSL
 DWNAEYEVYVVAENQQGSKAAHFVFR TSAQP
 TAIPANGSPTAGLSFGATVGIIVIFVLLLVVM
 ITCYFLNKCGLLMCIAVNLCKGKAGPGAKGKDM
 EEGKA AFKDESKEPIVEVRTEEERTPNHDGGKH
 TEPNETTPLTEPEKGPVETKSEPQESEAKPAPTEV
 KTVPN EATQTKENESKA

↑
dernier acide aminé N° 858
(extrémité C-terminale)



Structure schématique de la glycoprotéine NCAM 140 kDa déduite de la séquence peptidique

ADN

(brin codant)

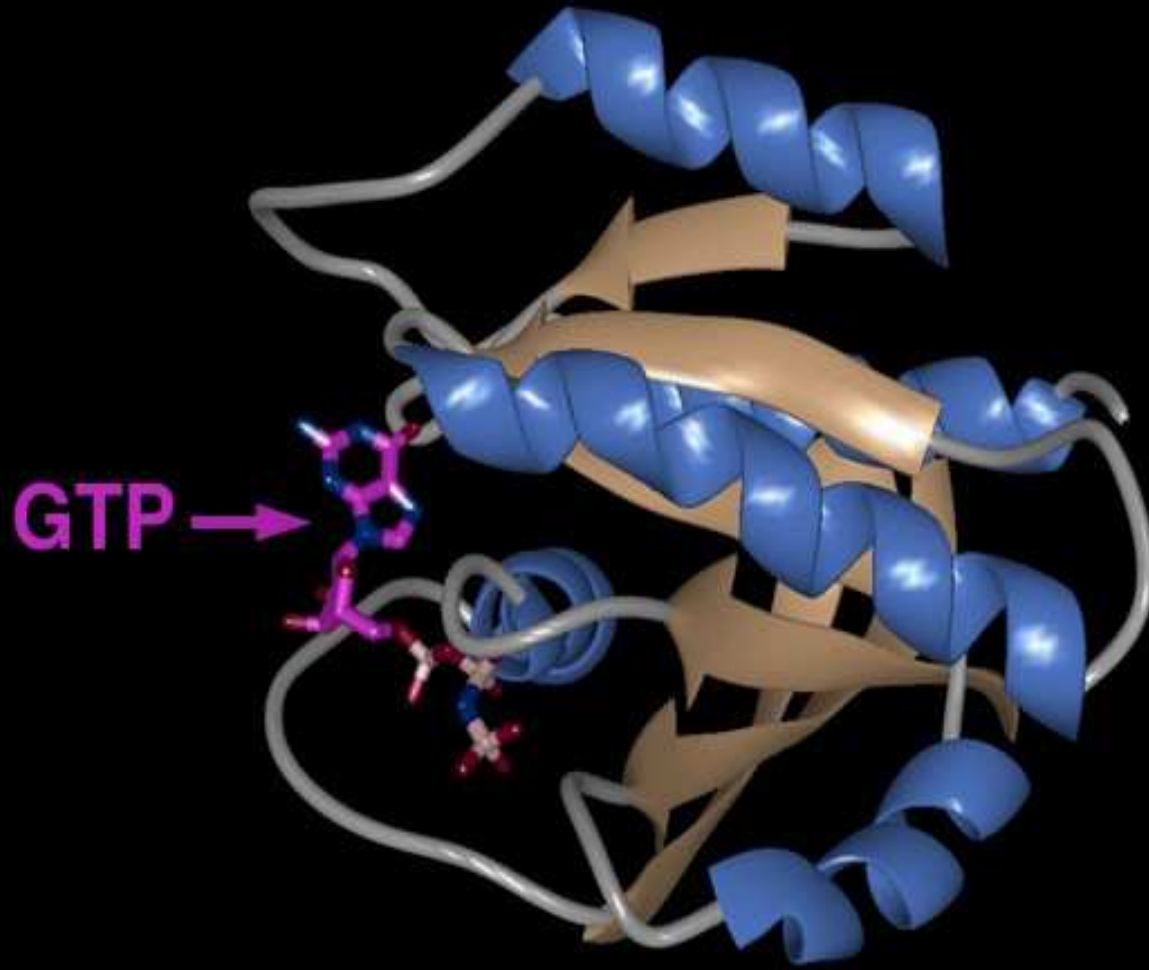
Base N° 1: A

(codon ATG = méthionine, extrémité 5')

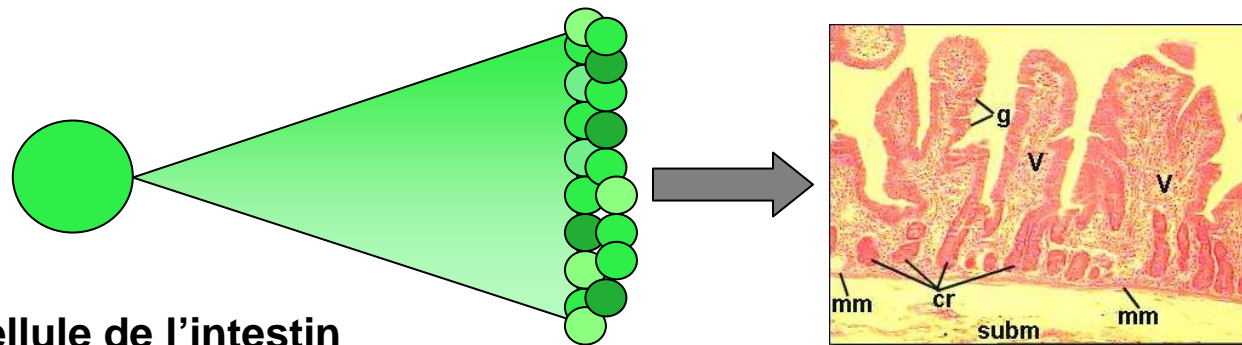
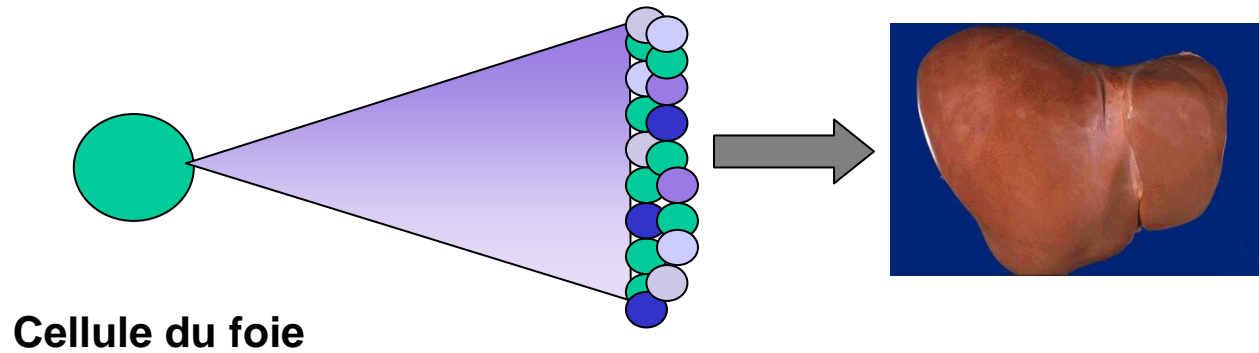
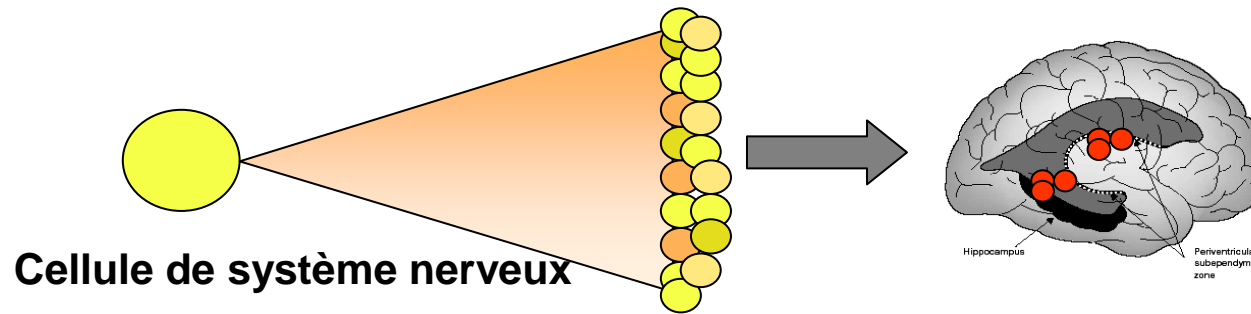
ATGCTGCCAACTAAGGATCTCATCTGGACTTTGTTTTTCTGGGAAC
 TGCAGTTTCCTGCAGGTAGATATTGTTCCCAGCCAAGGAGAAATCA
 GCGTTGGAGAGTCCAATTTCTCTGTGTCAAGTGGCAGGAGATGCC
 AAAGATAAGGACATCTCCTGGTCTCCCCAACGGGGAGAAAAGTGA
 GCCCAAACCAGCAGCGGATCTCAGTGGTGTGGAACGATGATGACTC
 CTCTACCCCTACCATCTACAACGCCAACATTGATGATGCCCGCATT
 ACAAGTGGTGGTCAACCGCTGAAGACGGCACCCAGTCCGAGGCCAC
 TGTC AATGTGAAGATCTCCAGAAGCTCATGTTCAAGAATGCCCAA
 CCCCACAGGAGTTTAAAGGAAGGGGAAGATGCTGTGATTGTGTGAT
 GTGGTCAGCTCTCTGCCCCCAACCATCATCTGGAAACACAAAGGCCG
 AGATGTCATCTGAAAAGATGTCCGGTTCATAGTCTATCCAACA
 ACTACCTGCAGATCCGAGGCATCAAGAAAACAGATGAGGGCACTTA
 CCGCTGTGAAGGCAGGATCTGGCCCGGGGAGATCAACTTCAAG
 GACATTCAGGTATTGTGAATGTACCACCCACTGTCCAGGCCAGACA
 GAGCATCGTGAATGCCACTGCCAACCTGGGCCAGTCTGTACCCCTGG
 TGTGTGATGCCGATGGCTTCCCAGAGCCCAACATGAGCTGGACAAAG
 GATGGGGAACCCATAGAGAATGAGGAGGAAGATGACGAGAAGCAC
 ATCTTCAGTGACGACAGTTCGGAGCTGACCATCAGGAATGTGGACAA
 AAATGACGAAGCCGAATACGCTGTGCATCGCTGAGAAAAGGCTGGC
 GAGCAGGATGCCTCCATCCACTCAAGGTCTTCGCAAAGCCAAAAT
 CACCTATGTAGAGAATCAGACAGCCATGGAAGTACAGGAGCAAGTC
 ACTCTGACATGTGAAGCTCCCGGAGACCCCAATTCCTTCCATCACCTG
 GAGAACGTCACCCGAAACATCAGCAGTGAAGAAAAGGCATCGTGG
 ACTCGACCAAGAGAAGCAAGAGACTCTAGATGGGCACATGGTGGTAC
 GCAGCCATGCTCGTGTCTCTCCTGACCCTGAAGAGCATCCAGTAC
 ACAGATGCTGGAGAATACATCTGCACCTGCCAGCAACACCATCGGCC
 AGGACTCCCAGTCCATGTACCTTGAAGTTCAATATGCTCCCAAGCTC
 CAGGGCCCTGTAGCTGTGTACACTTGGGAAGGGAACCCAGGTGAACA
 TCACCTGTGAGGTCTTTGCCTACCCAAGTGCCACAATCTCCTGGTTCC
 GAGATGGCCAGTGTCTGCCAAGCTCCAACATACAGCAATATCAAGATC
 TACAACACCCCATCTGCGAGCTATCTGGAGGTAACCCCTGATTCCGA
 AAATGACTTTGGAAAACATAACTGCACAGCGGTGAACCGTATTGGAC
 AGGAGTCTTGGAAATTCATCTGGTTCAAGCAGATACACCATCTTCC
 CCATCCATCGACCGGTGGAAACCATACTCCAGCACAGCACAGGTAC
 AATTTGATGAGCCAGAAGCCACAGGTGGAGTTCATCTCAAAATAC
 AAGGCTGAGTGGAAAGTCTGGTGGTGAAGAAGCATGGCATTCCAAGT
 GGTATGATGCCAAAGAAGCCAACATGGAAGGGATTGTCAACATCAT
 GGGCCTGAAGCCTGAGACAAGGTACGCGGTACGACTGGCGGCCCTC
 AACGGCAAGGGGCTGGGCGAGATCAGTGCAGCCACTGAGTTCAAGA
 CACAGCCAGTCCGGGAACCCAGCGCACCCAAAGCTGGAAGGGCAGAT
 GGGAGAGGACGGGAACCTCCATCAAGGTGAACCTGATCAAGCAGGAT
 GACGGCGGCTCCCCATCAGACACTATCTGGTCAAGTACAGAGCGCT
 CGCCTCCGAGTGGAAAACAGAGATCAGGCTCCCGTCCGCGAGTGAC
 CACGTCATGCTCAAGTCCCTAGACTGGAACGCGGAGTACGAAGTATA
 TGTGGTAGCTGAGAACCAGCAAGGAAAATCCAAGGCAGCTCACCTC
 GTGTT CAGGACTTCAGCCCAGCCCACGGCCATCCCAGCCAATGGCCAG
 CCCCAGTGCAGGCTGAGCACAGGGCGCCATGTGGGCATCCTCATTG
 TCATTTTCGTCCTACTCTGGTGGTCTGATGGACATCACCTGCTACTTCC
 TGAACAAGTGTGGCCTGCTCATGTGCATCGCTGTTAACCTGTCCGGC
 AAAGCGGGGCGCCGGAGCCAAGGGCAAAGACATGGAGGAGGGCAAG
 GCTGCTTTCTCGAAAGATGAGTCTAAAGAACCATTGTAGAGGTCCG
 AACGGAGGAGGAACGGACTCCAAACCATGACGGAGGGGAAGCACAC
 AGAGCCCAACGAGACCCACCCACTGACAGAGCCCGAGAAGGGTCTCT
 GTAGAAAACA AAGTCCGAGCCCAAGGAGTCAAGAAAGCAAGCCAGCGC
 CAACTGAAGTCAAGACGGTCCCCAATGAAGCCACACAAAACGAAAAGA
 GAATGAGAGCAAAGCATGAAAAACAGA

↑
dernière base N° 2564
(de la séquence codante, extrémité 3')

ras protein



Même ADN dans toutes les cellules mais cellules différentes car synthèse de protéines différentes



11/10/2007

La transcription

I. Les ARNs

A. La Composition de l'ARN

B. Les différentes familles d'ARN

II. La synthèse de l'ARN

Déroulement de la transcription:

Synthèse l'ARNm

A. COMPOSITION DE L'ARN

Grande analogie avec l'ADN

différences:

le glucide (pentose) qui est un **ribose**

une base pyrimidique l'**uracile** (U) qui remplace la thymine (T)

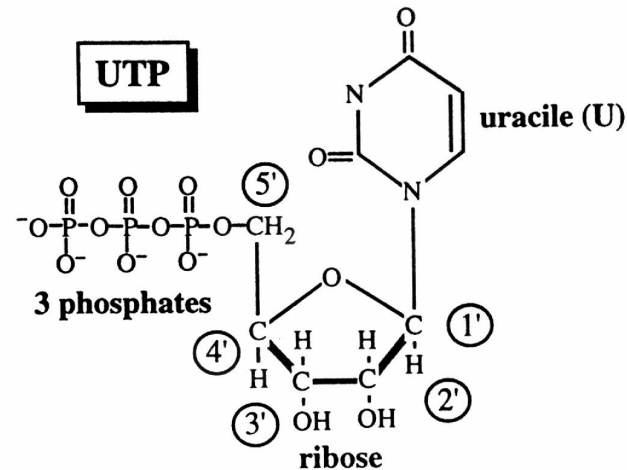
ARN : acide ribonucléique

Le ribonucléotide comprend

Ribose + Base + acide phosphorique

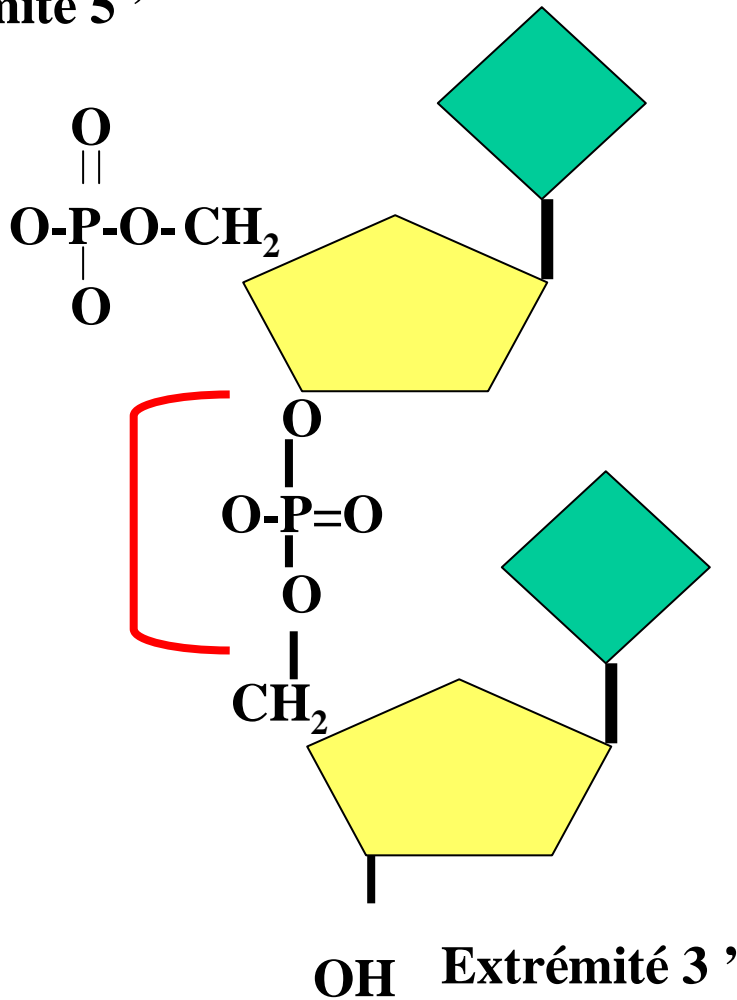
La base est soit une
Adénine,
Guanine
Cytosine,
Uracile

11/10/2007



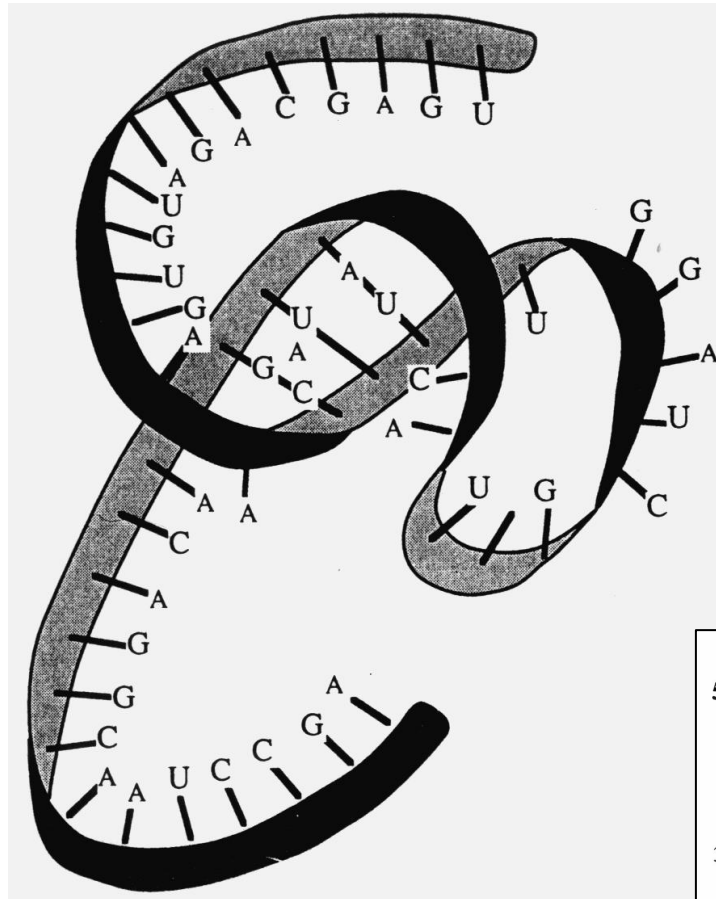
ARN: chaîne de polyribonucléotides

Extrémité 5'



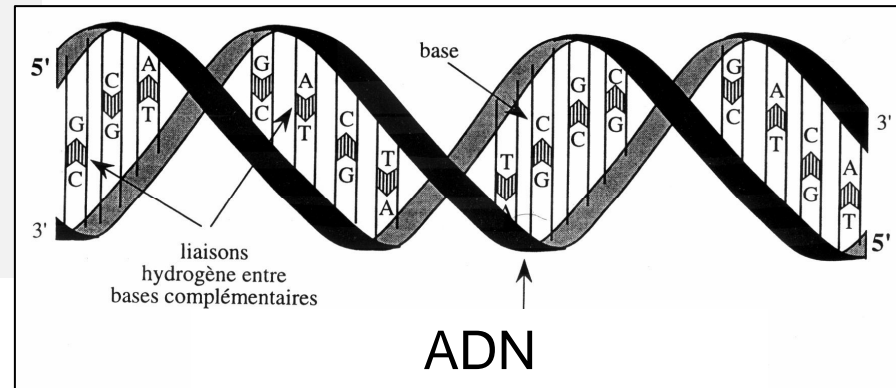
Les nucléotides sont
assemblés par une
liaison ester :
phosphodiester

Structure primaire



l'ARN est **monocaténaire**,
repliements, boucles possibles
ex: structure en épingle à cheveux

Les ARN sont associés à des protéines:
le complexe formé
est une **ribonucléoprotéine (RNP)**



B. Les différentes familles d'ARNs

Il existe plusieurs familles d'ARN

ARNr : ARN ribosomal (81%)

ARNt : ARN de transfert (16%)

sRNA : small RNA+ miRNAs+ siRNA)(1%)

ARNm : ARN messenger (2%)

**Différences: poids moléculaire, séquence,
site de synthèse, localisation dans la cellule et rôle**

1. ARN ribosomaux

A) Rôle

Les ARN ribosomaux combinés à des protéines forment le **ribosome**

Le ribosome:
support de la synthèse des protéines

B). Localisation du ribosome

Dans le cytoplasme

Les ARN ribosomiaux (ARNr)

Il existe 4 différents ARNr

ARNr 18S,

ARNr 5.8S,

ARNr 28S

ARNr 5S

Synthèse des ARNr

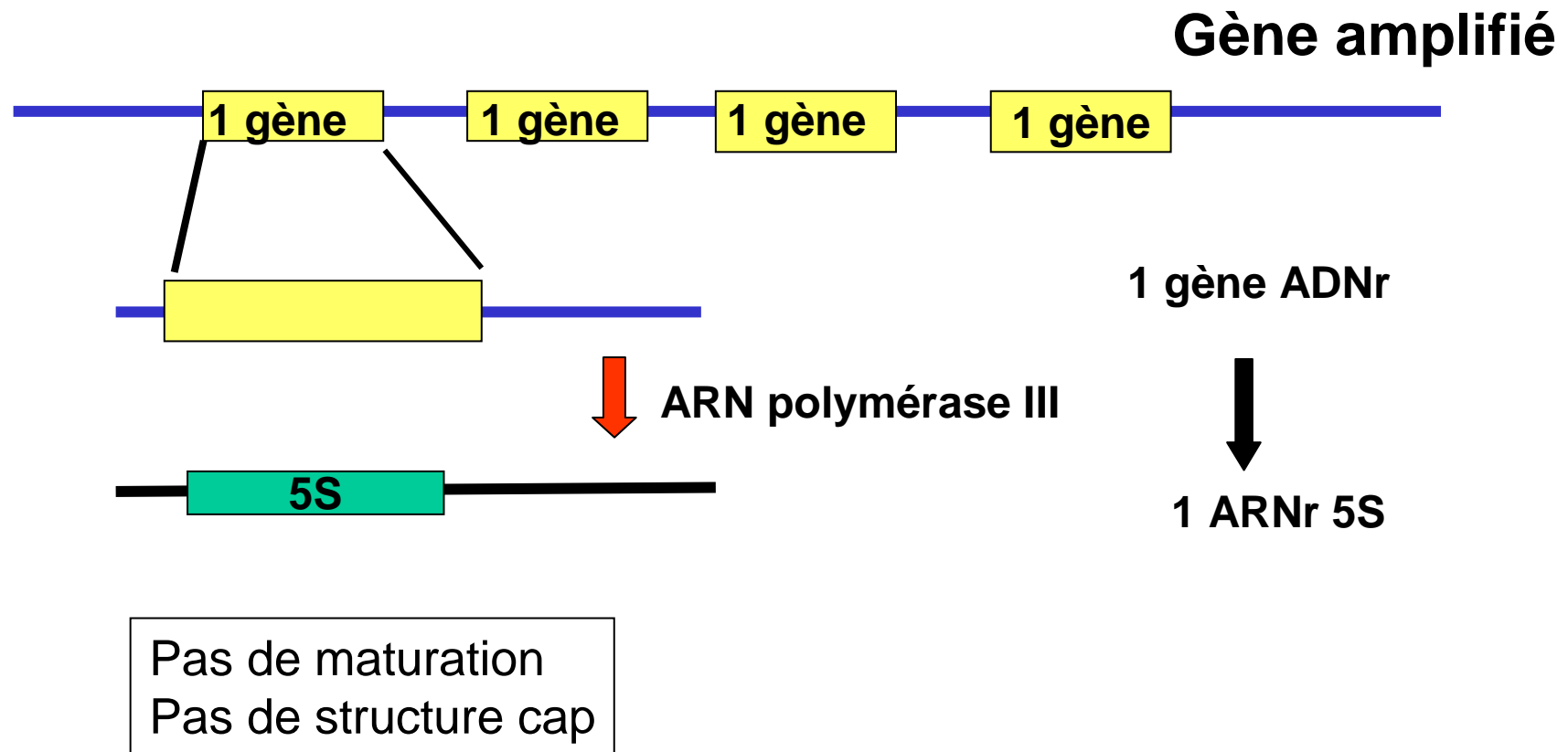
**Dans le nucléole
(28S,18S et 5.8S)**

ARN polymérase I

**Dans le nucléoplasme
(5S)**

ARN polymérase III

**1) Dans le nucléoplasme
synthèse de ARNr 5S
à partir d'un gène codant pour 5S**

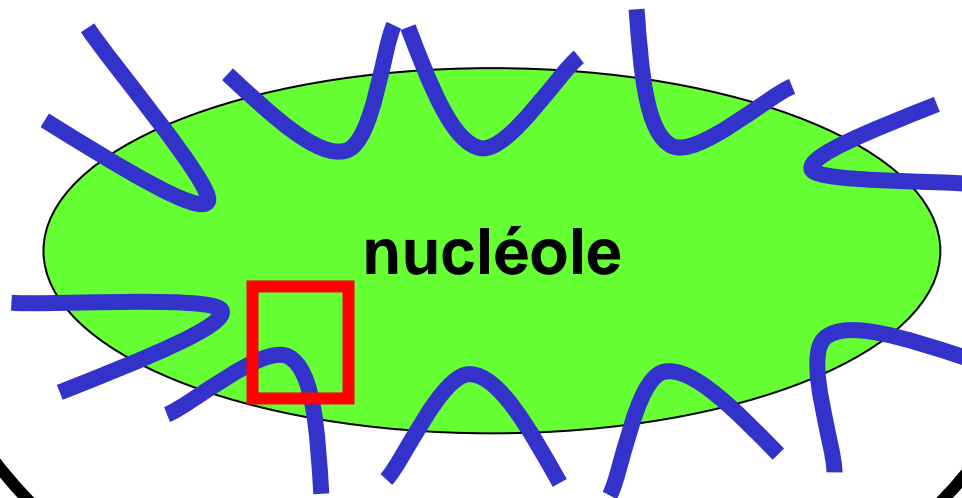


**2) Dans le nucléole
(28S,18S et 5.8S)**

localisation du gène codant pour ces ARNr

a) sur 5 paires de chromosomes acrocentriques

chromosomes acrocentriques



**constrictions secondaires
formant des boucles
des bras courts des chromosomes**

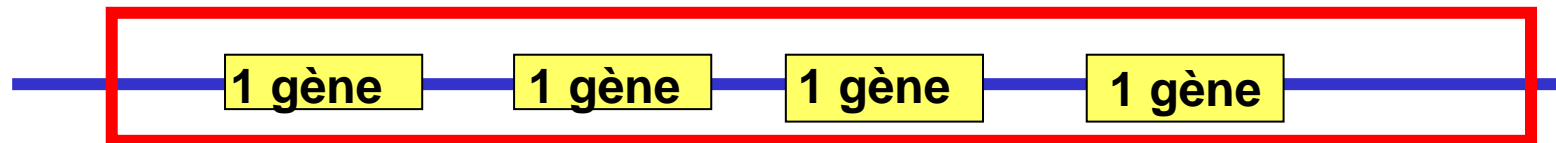
b) Sur un même segment de chromosome,

il existe plusieurs copies d'un même gène codant pour ces ARNs

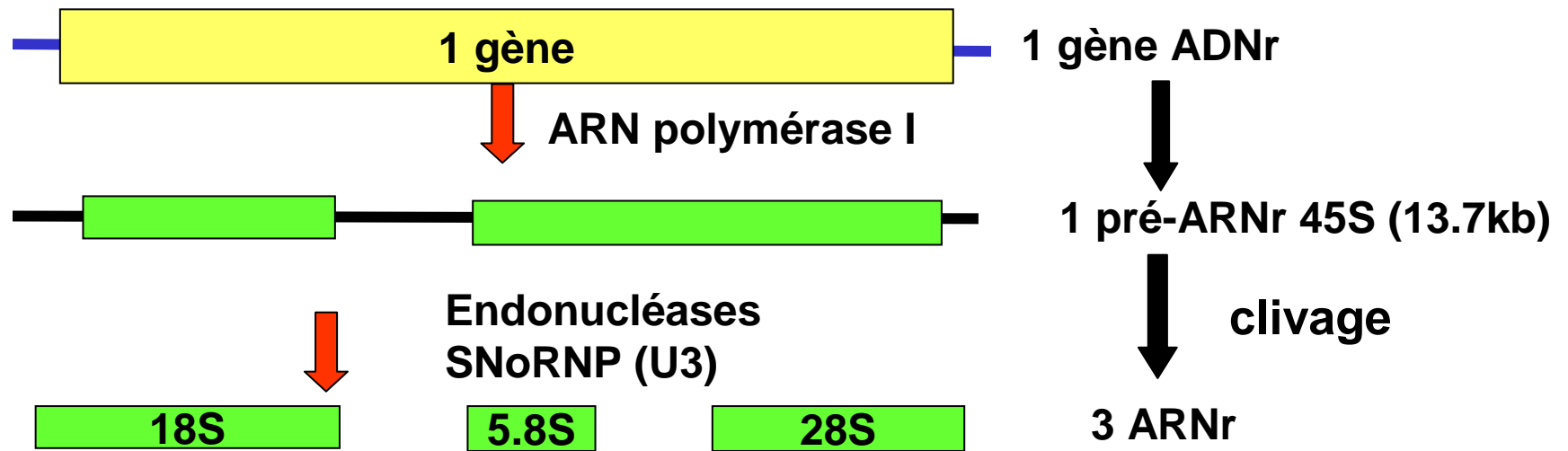
modèle de gène amplifié

de nombreuses molécules de ARNr sont transcrites simultanément

200 copies

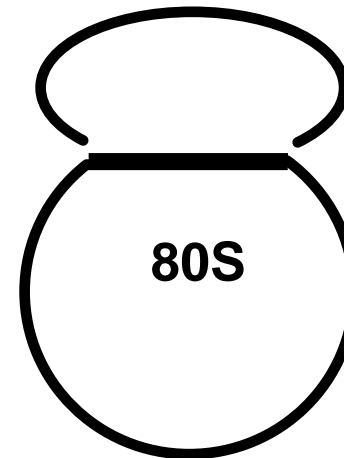
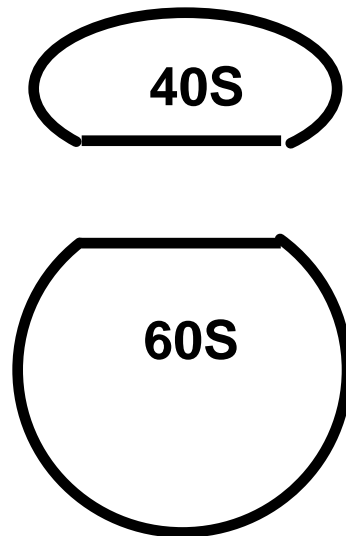


Transcription des ARN ribosomaux: 28S, 18S et 5.8S



(10 et 30 minutes)

Un ribosome est **formé des deux sous-unités**
40S et 60S (s=unité de Svedberg : unité de sédimentation)

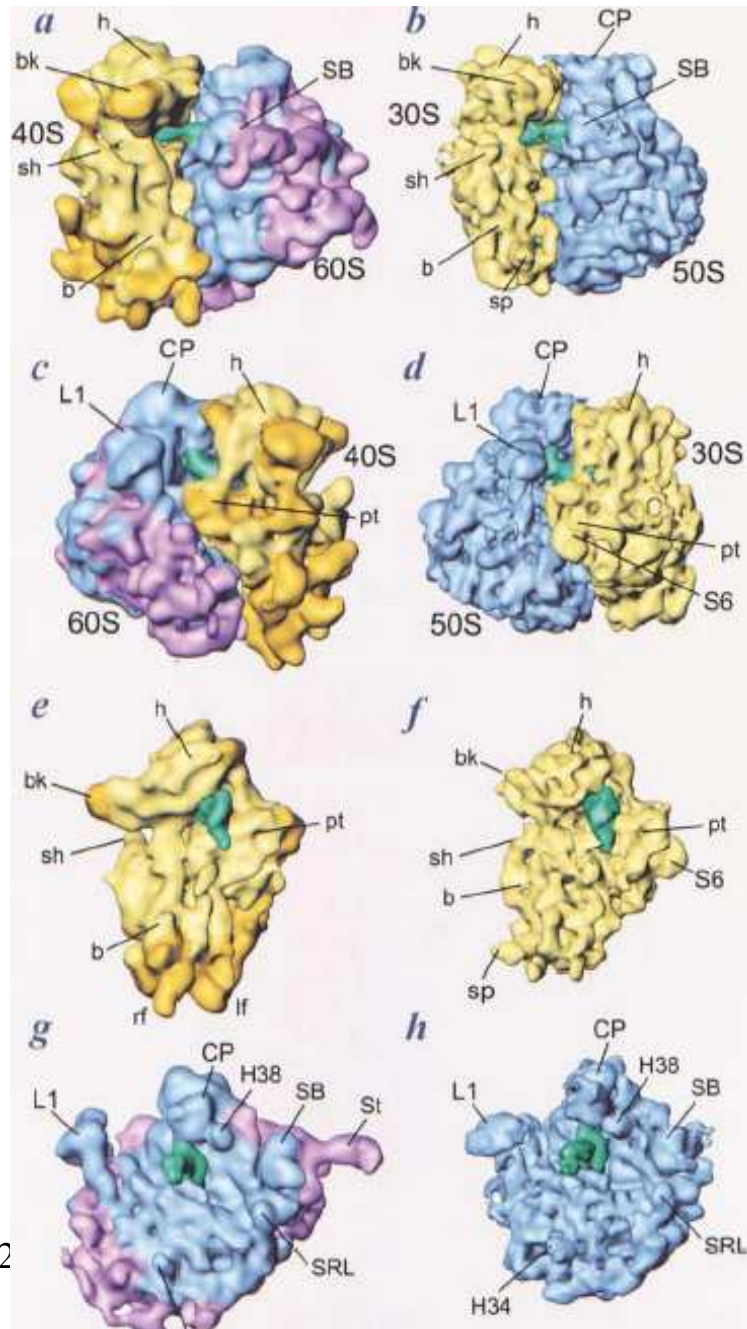


l'ensemble fait **80S**

Les sous unités sont formées de
protéines ribosomales (Pr) (35%)
ARN ribosomaux (ARNr) (65%)

S. cerevisiae

E. Coli



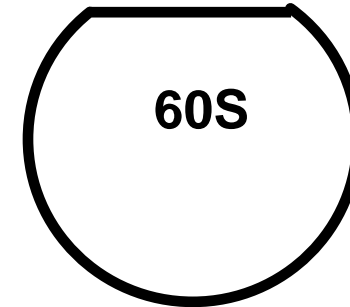
Structure des ribosomes de *S. cerevisiae* et d'*E. Coli*

Petite sous-unité ribosomique

Grande sous-unité ribosomique

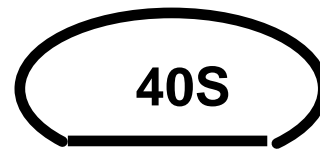
La sous-unité 60S du ribosome

ARN 5S + ARN 28S + ARN 5,8S) + Prot



La sous unité 40S du ribosome

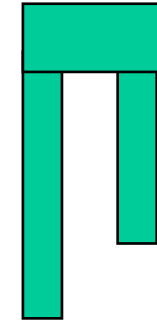
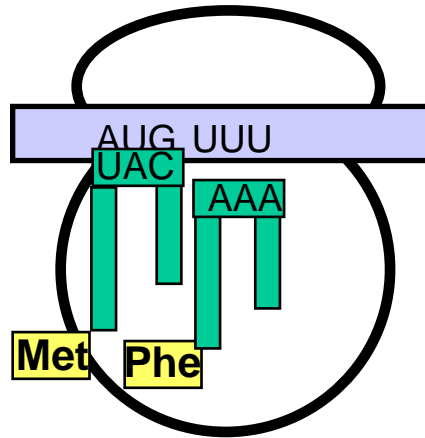
(ARN 18S) + (Prot)



2. ARN de transfert : ARNt

a) Rôle

apporte, “ transfert ”
les acides aminés (aa)
vers le ribosome



Représentation
schématique

ARNm



molécule adaptatrice
entre aa et ARNm

b) localisation: cytosol

c) Synthèse de l'ARNt:

transcription du gène codant ARNt
par l'ARN polymérase III
dans le nucléoplasme

ne possède pas de structure cap

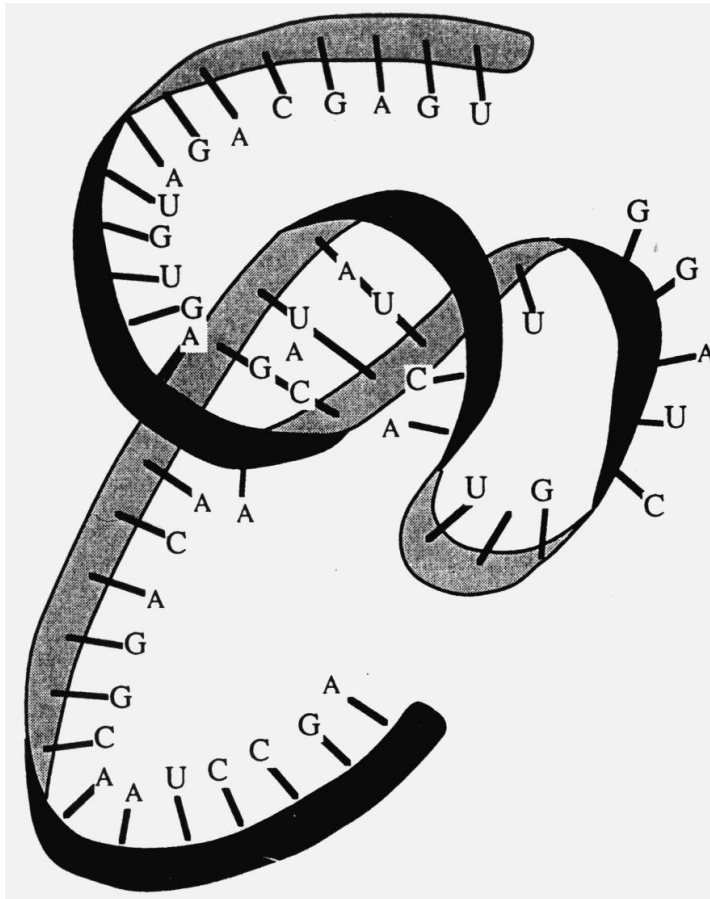
d) structure :

**petite taille (75 à 85 nucléotides)
(coefficient de sédimentation 4S)**

***Monocaténaire**

*** structure second-tertiaire:
spatiale en trèfle, formation de **boucles****

Structure primaire

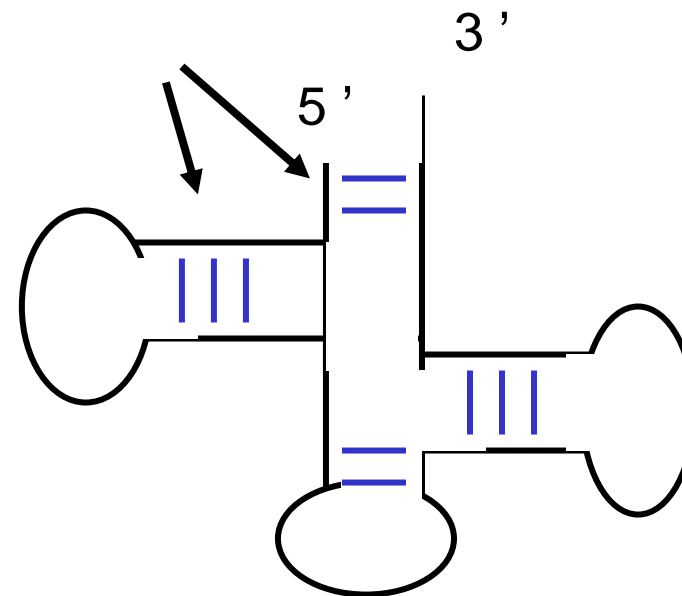


l'ARN est **monocaténaire**,
repliements, boucles possibles
ex: structure en épingle à cheveux

Formation de la structure en « trèfle »

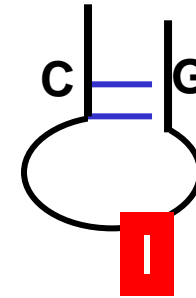
a) rapprochement des séquences de la chaîne d'ARN entre les nucléotides complémentaires par des liaisons hydrogènes

C	→	G
U	→	A
A	→	U
G	→	C



b) formation des boucles

présence de **nucléotides atypiques**
pas d'appariement possible



ex de bases des nucléotides atypiques (I)
hypoxanthine
thymine

Ces bases sont formées **après** la synthèse de l'ARNt.
C'est une **modification post transcriptionnelle**

l'adénine ➡ l'hypoxanthine

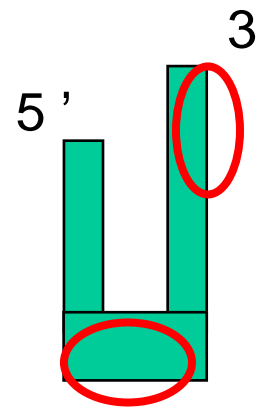
l'uracile ➡ la thymine

structure en « trèfle » identifie deux extrémités

Deux extrémités de la molécule ARNt sont importantes :

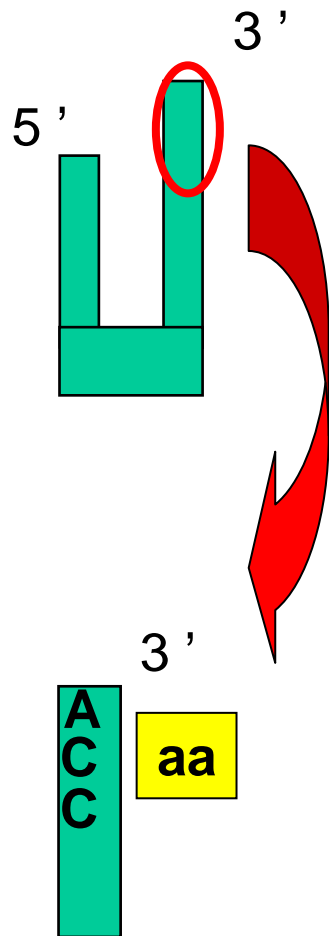
1) L'extrémité 3'OH

2) L'anticodon :



1) L'extrémité 3'OH

deux séquences importantes



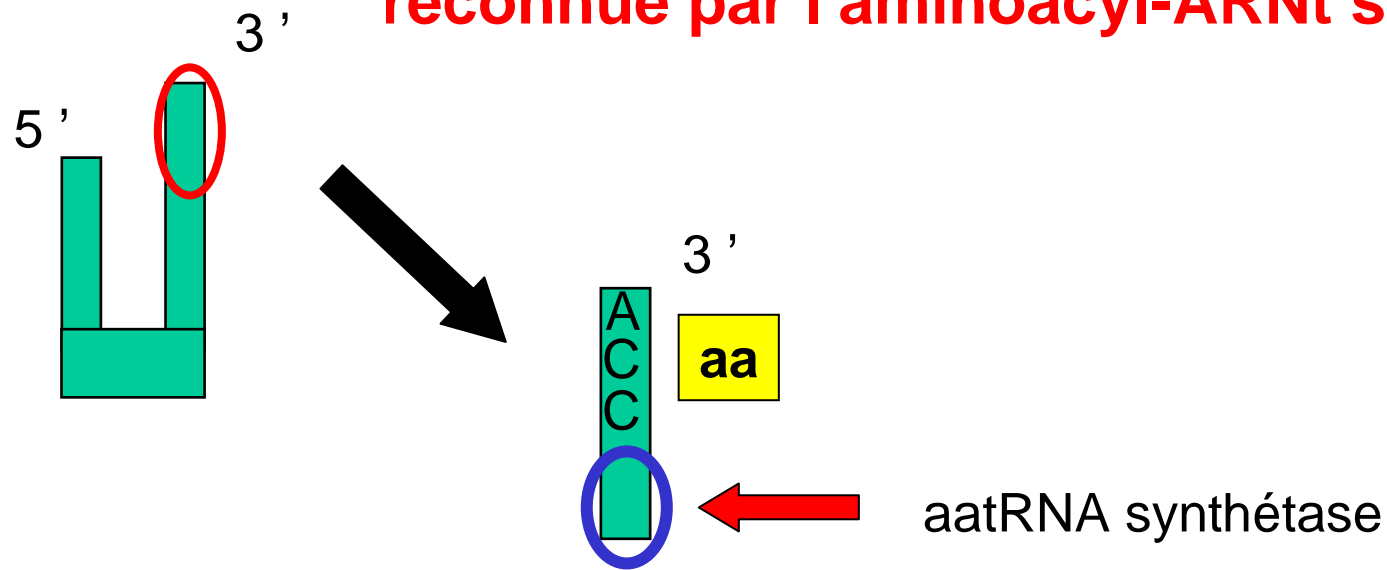
a) une **séquence ribonucléotidique**

constituée de 3 nucléotides

CMP, CMP, AMP (CCA) (lecture 5'3')

sur lequel se fixe **l'acide aminé** à transporter

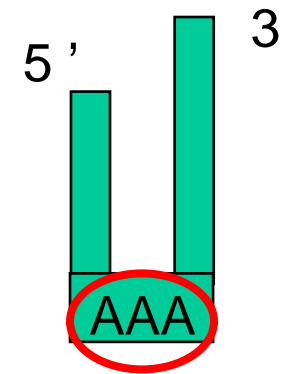
b) une **séquence ribonucléotidique**
reconnue par l' aminoacyl-ARNt synthétase



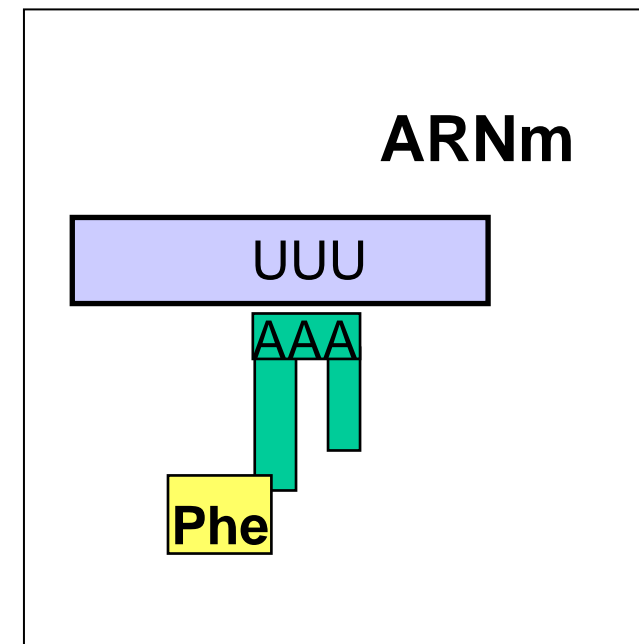
L' amino-acyl RNAt synthétase est l'enzyme
sur lequel se fixe **l'acide aminé** spécifique du tRNA
et qui le fixe ensuite sur le **tRNA**

2) l'anticodon :

groupe de 3 nucléotides sur la boucle opposée à l'extrémité 3'OH



L'anticodon reconnaîtra le groupe de 3 nucléotides sur l'ARNm (codon).



3. A. Les sRN, « petits ARNs »

a) localisation

Noyau, nucléole, cytoplasme

b) Structure

- 1) petites molécules (100 à 300 nucléotides)
- 2) riches en **Uracile** (par exemple : U1, U2,...U6)
- 3) associés à des protéines spécifiques
(ribonucléoprotéines = snRNP)

C) Rôle

ils participent à la constitution

*du **splicéosome**

*du **SRP** (signal recognition particle)

***des facteurs d'élongation ou d'initiation**

D) Synthèse:

ARN polymérase II

lieu dans le nucléoplasme

3.B Les miRNA (micro RNA) et les SiRNAs (small Interfering ARNs) Prix Nobel 2006

a) structure

21-25 nucléotides siRNAs et miRNAs
double brin (ds) siRNAs
simple brin miRNAs

b) localisation

cytoplasme et noyau

c) synthèse

Dans le noyau
dérivent de même type de précurseurs
(ARNs en épingle à cheveux non codants)
ou d'ARNs étrangers (virus) pour les siRNAs
Nécessite l'enzyme **DICER**

d) rôle

1. contrôle post-transcriptionnel :
 dégradation des ARNs(siRNAs) dans le
complexe RISC
 inhibition de la synthèse d'ARN (miRNAs)

2. contrôle transcriptionnel par les miRNAs:
(modification ADN et chromatine)

4. L'ARN messenger : ARNm

A) Role:

**le seul ARN qui contient « le message »
= l'information génétique
nécessaire à la synthèse d'une protéine**

B) Lieu

**Action au niveau du cytosol
Associé aux ribosomes (polysome)**

C) Structure :

monocaténaire
longueur variable car dépend de
la séquence du gène à décoder

Directement liée à la taille de la protéine pour lesquelles ils codent
nombre des bases de la partie codante = 3 fois le nombre d'aa

D) Lieu de synthèse
dans le nucléoplasme
ARN polymérase II

Maturation:
étape très importante

Durée de vie très courte

ADN=gène



ARN

La transcription



ADN → ARNr

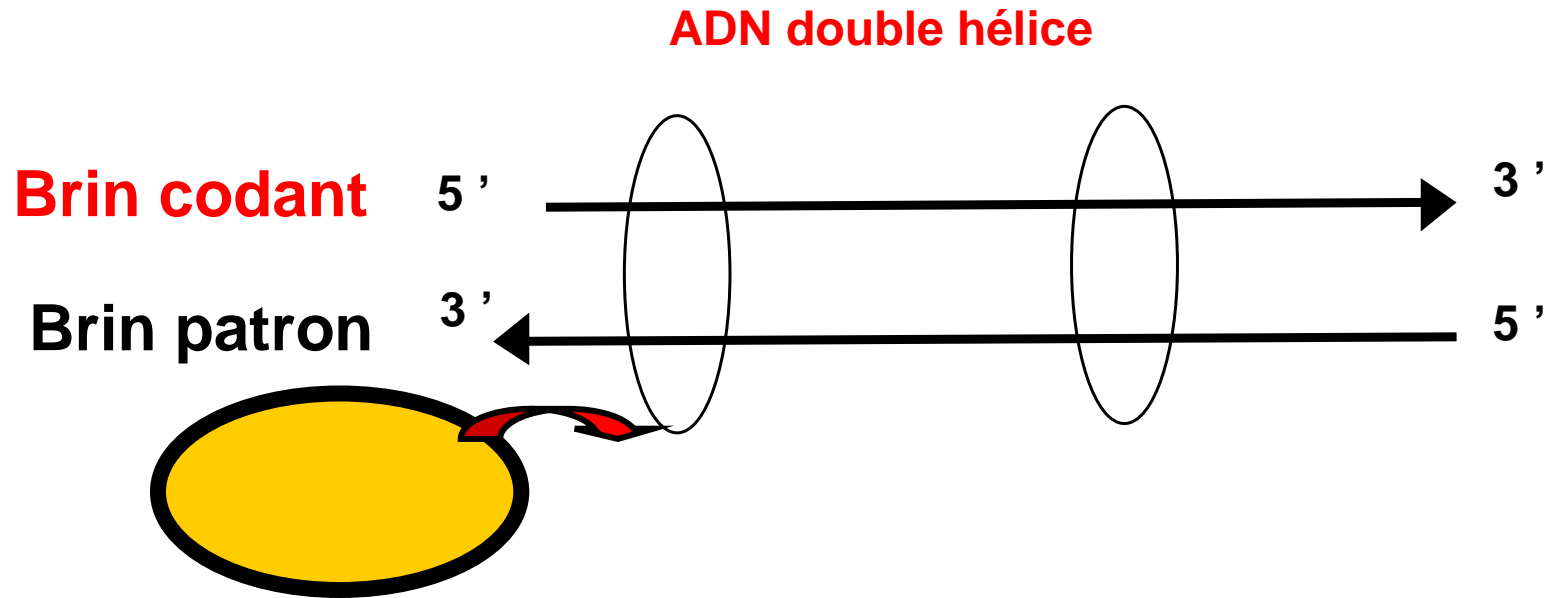
ADN → ARNt

ADN → sRNA

ADN → ARNm

Synthèse et déroulement de la transcription

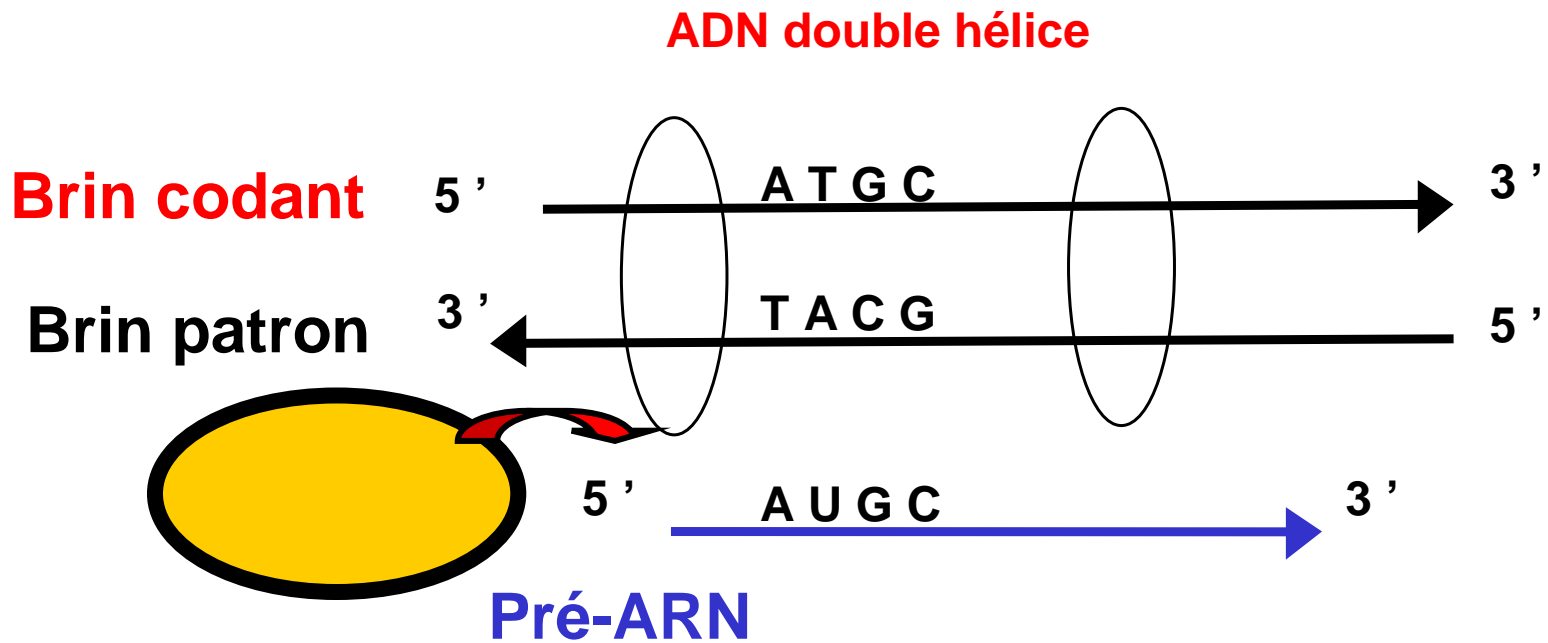
1 Généralités



Une ARN polymérase,

déroule la double hélice d'ADN

“ lit ” le brin patron d'ADN



Synthèse du pré-ARN

a) dans **le sens 5'3'**

b) **antiparallèle** par rapport au brin patron 3'5' de l'ADN

**La transcription est sélective:
un seul gène est transcrit par une ARN polymérase**

2 Exemple: TRANSCRIPTION de L 'ARNm

Eléments nécessaires à la transcription de l 'ARNm:

des **nucléotides** (AMP, CMP, GMP, **UMP**)

une **enzyme** (ARN polymérase **II**)

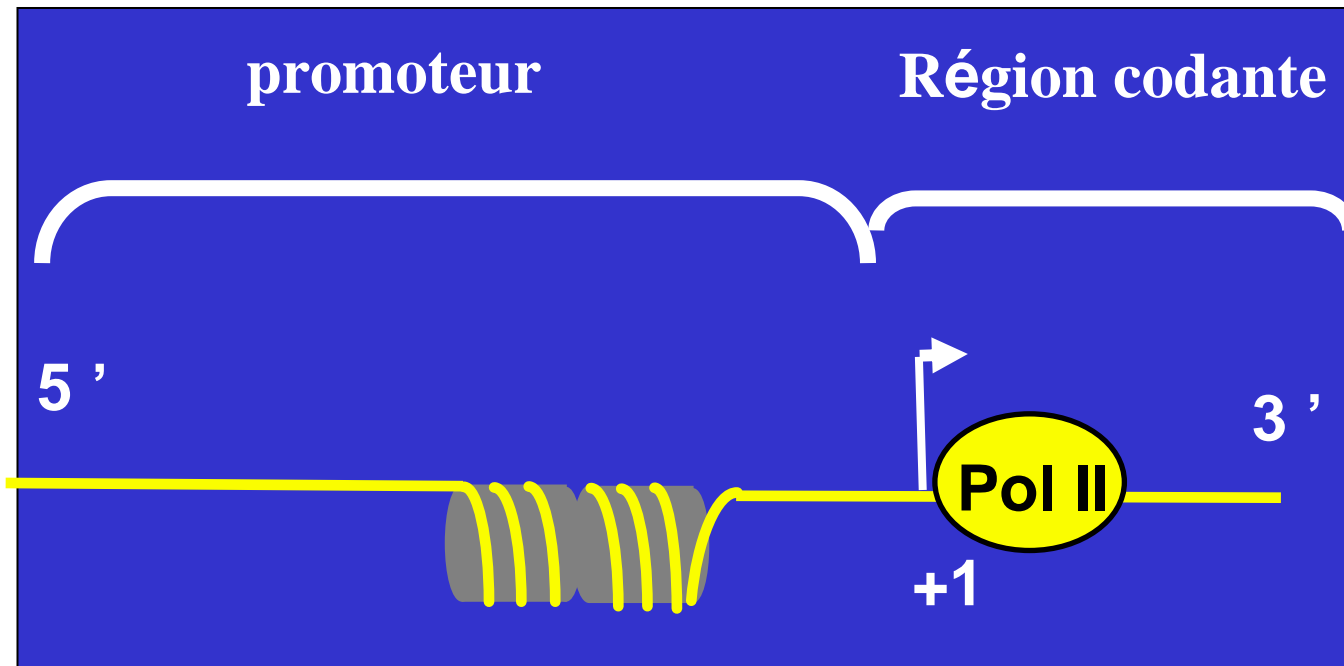
un **modèle ADN** (ou un patron)

des **facteurs de transcription**

Lieu: dans le noyau

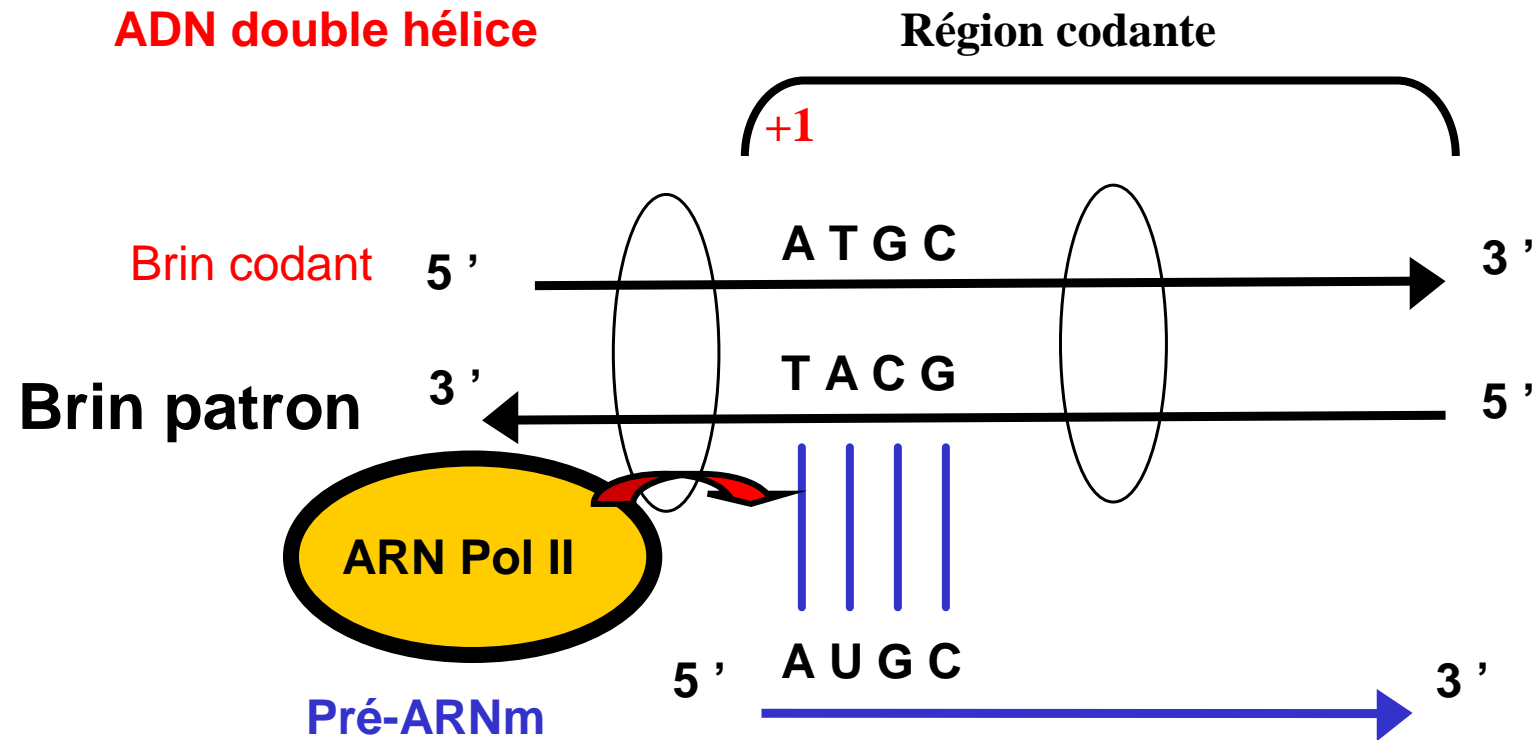
.

A. Début de la transcription



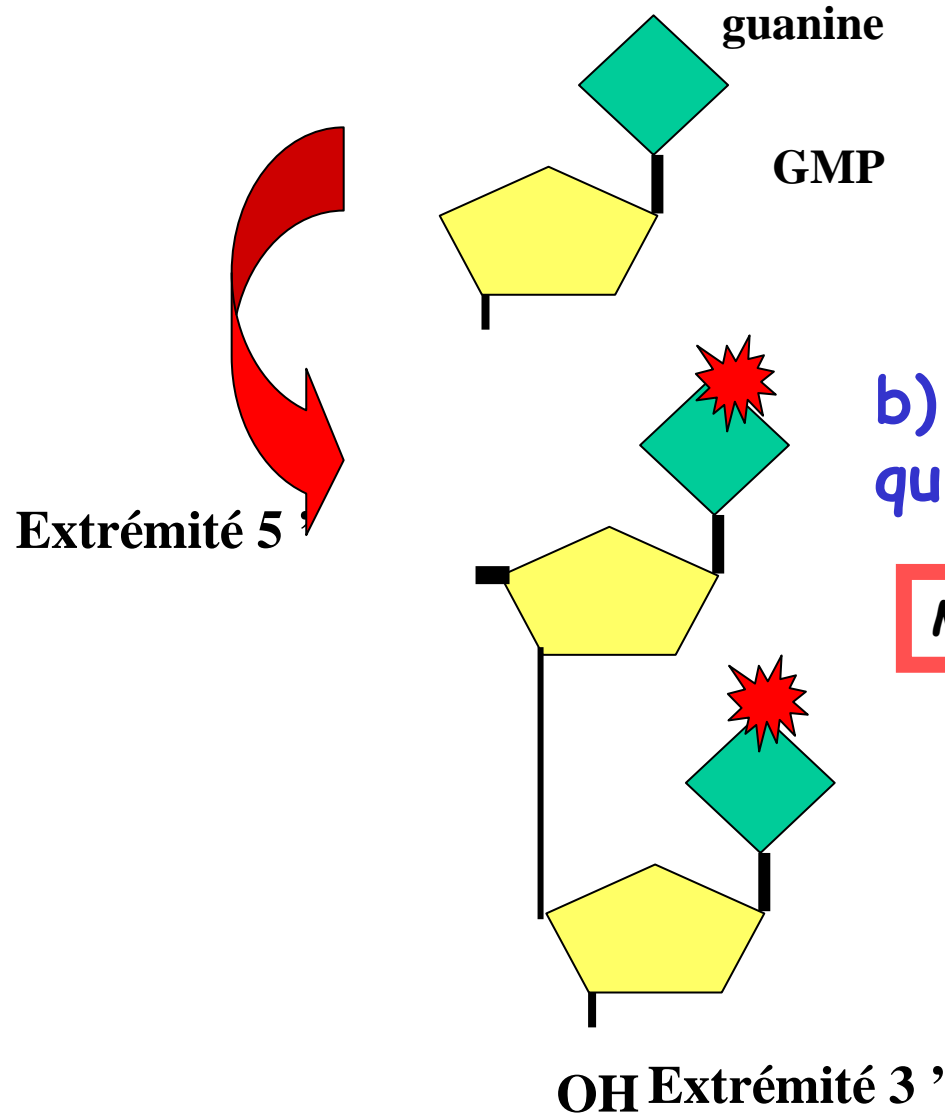
la transcription commence au premier nucléotide de la région codante
ATG (A= +1)

B. Progression de la transcription



Hybridation temporaire

C. Protection de l'ARNm **au début** de la synthèse



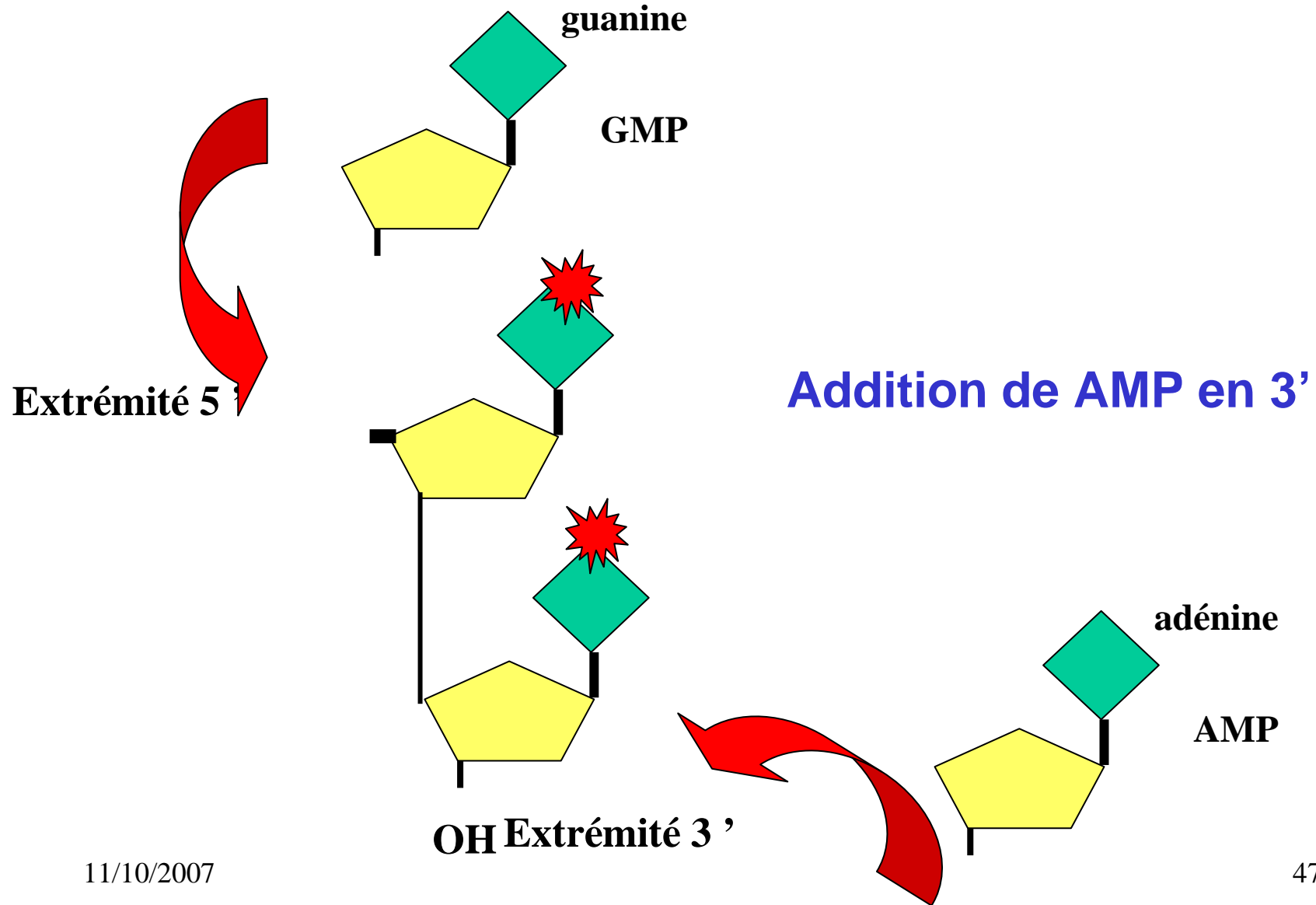
a) Addition du CAP
sur l'ARNm dès les 22-25nt

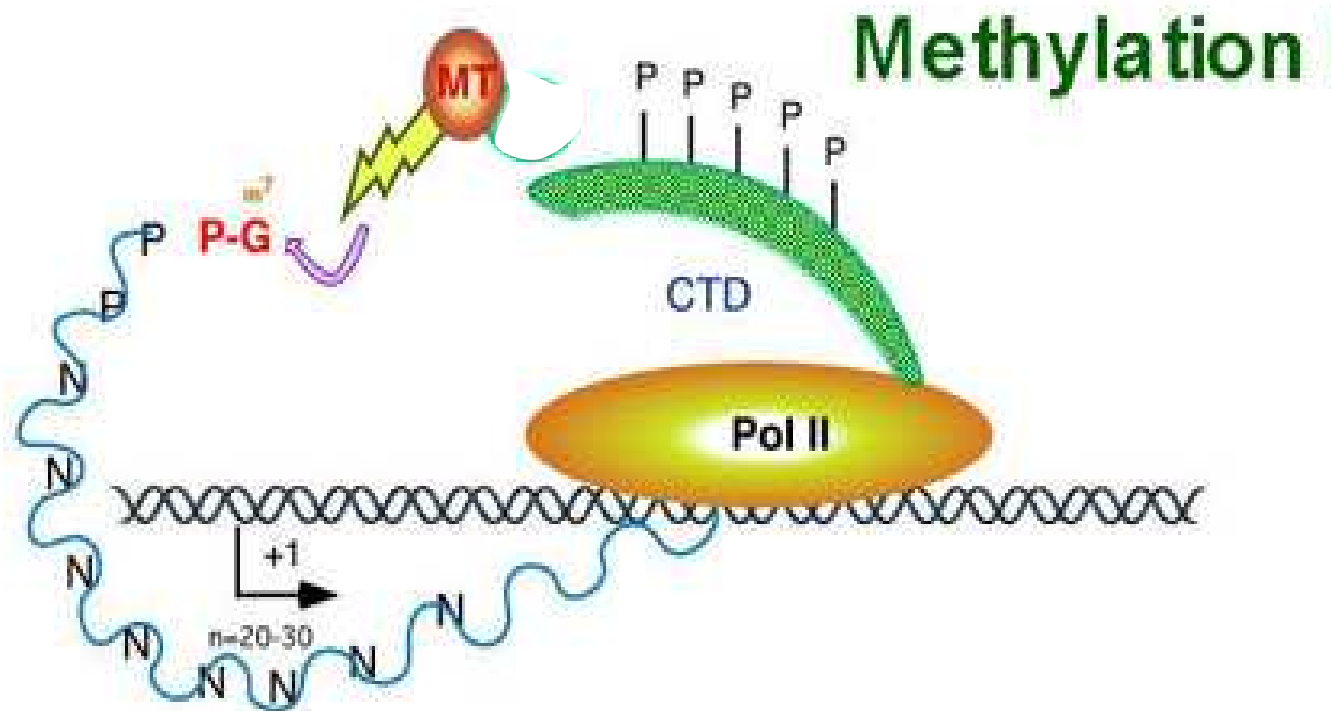
b) méthylation des bases
qui suivent le cap

Modifications postranscriptionnelles

*Intervention d'enzymes spécifiques
liées au CTD de l'ARN PolII*

D. Protection de l'ARNm à la fin de la synthèse





CTD: domaine C terminal

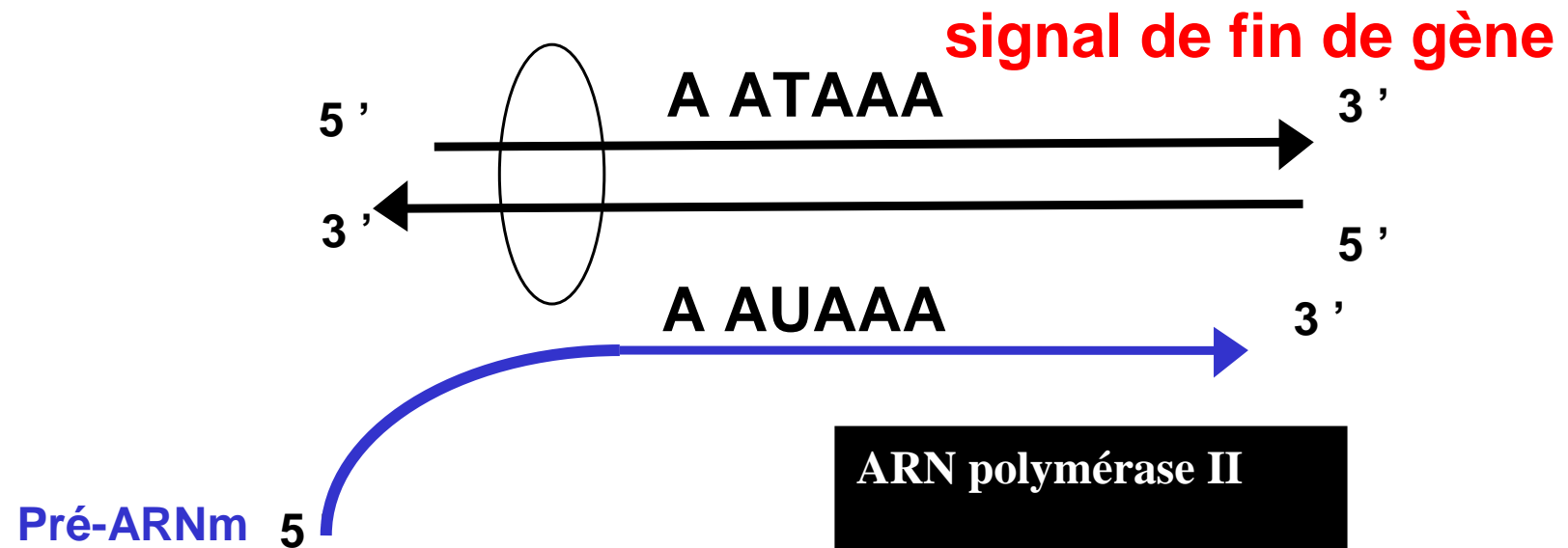
addition de la queue PolyA

**Séquence de plusieurs nucléotides adénines (AMP)
AAAAAA (par ex 250 nucléotides)
ajoutés à l'extrémité 3' de l'ARNm**

c'est une modification post-transcriptionnelle .

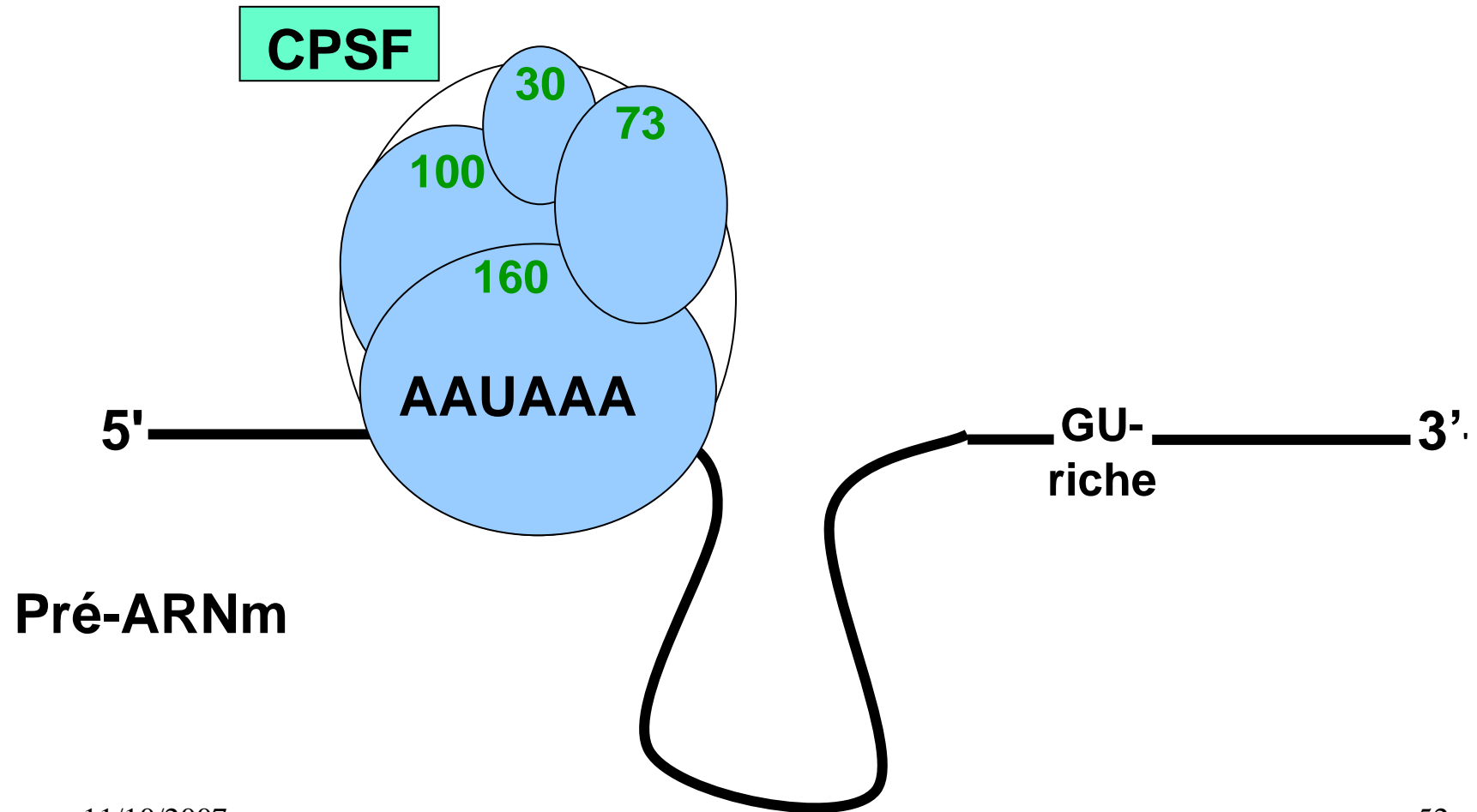
E. FIN DE LA TRANSCRIPTION

1) reconnaissance de la fin du gène

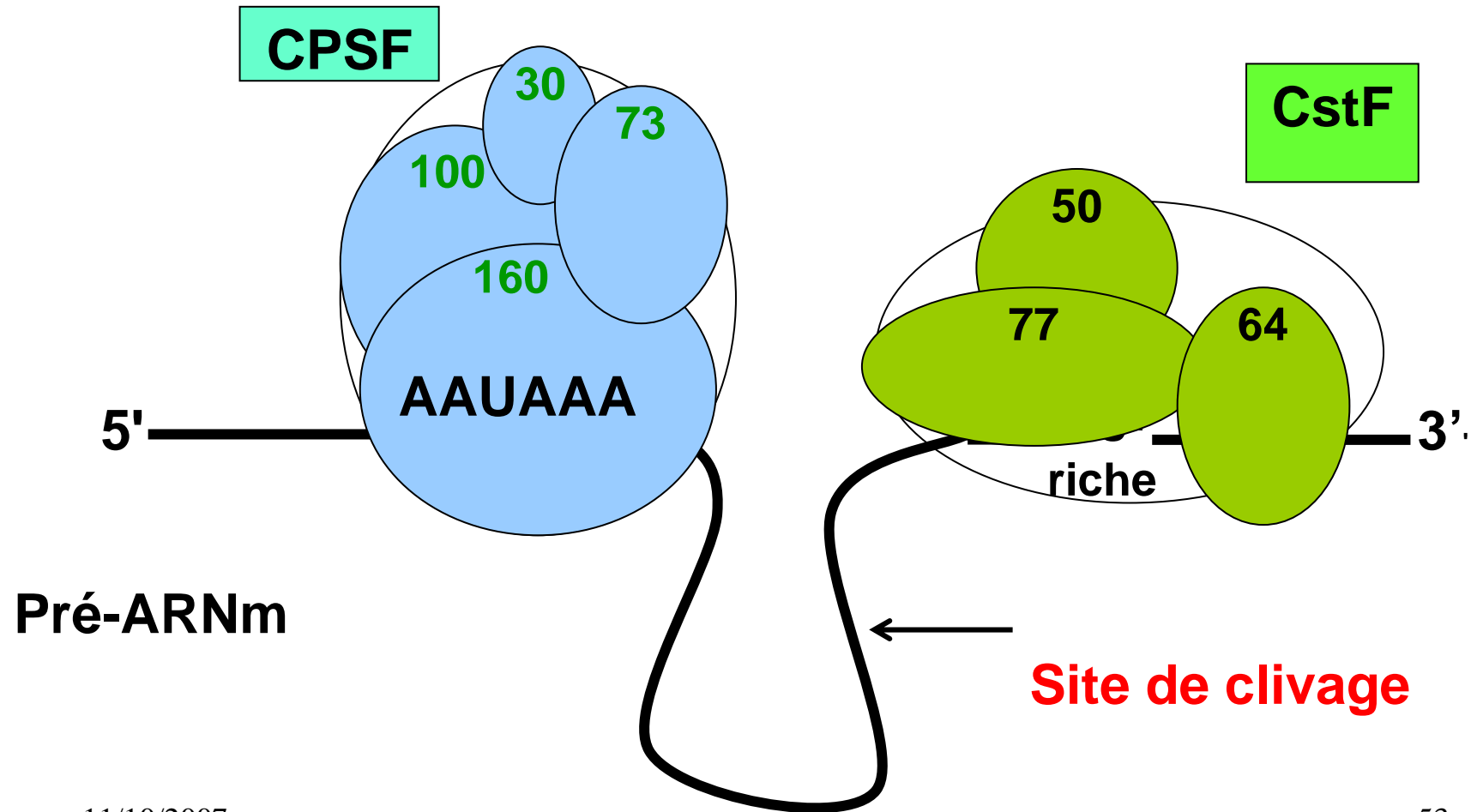


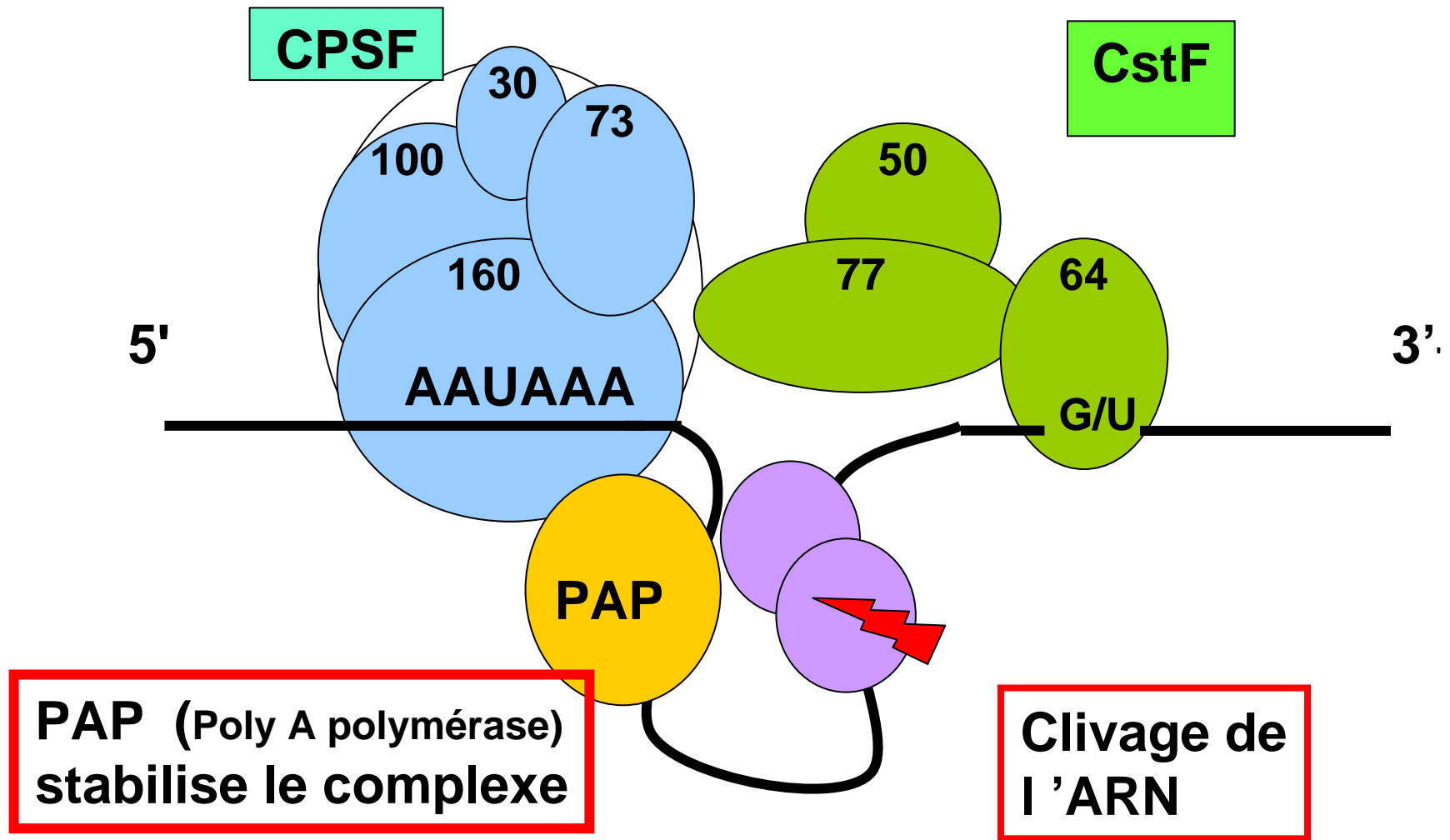
**2) Clivage et polyadénylation de la chaîne d 'ARNm
deux étapes couplées.**

**Le CPSF : (cleavage and polyadenylation specificity factor)
se fixe sur la séquence AAUAAA**



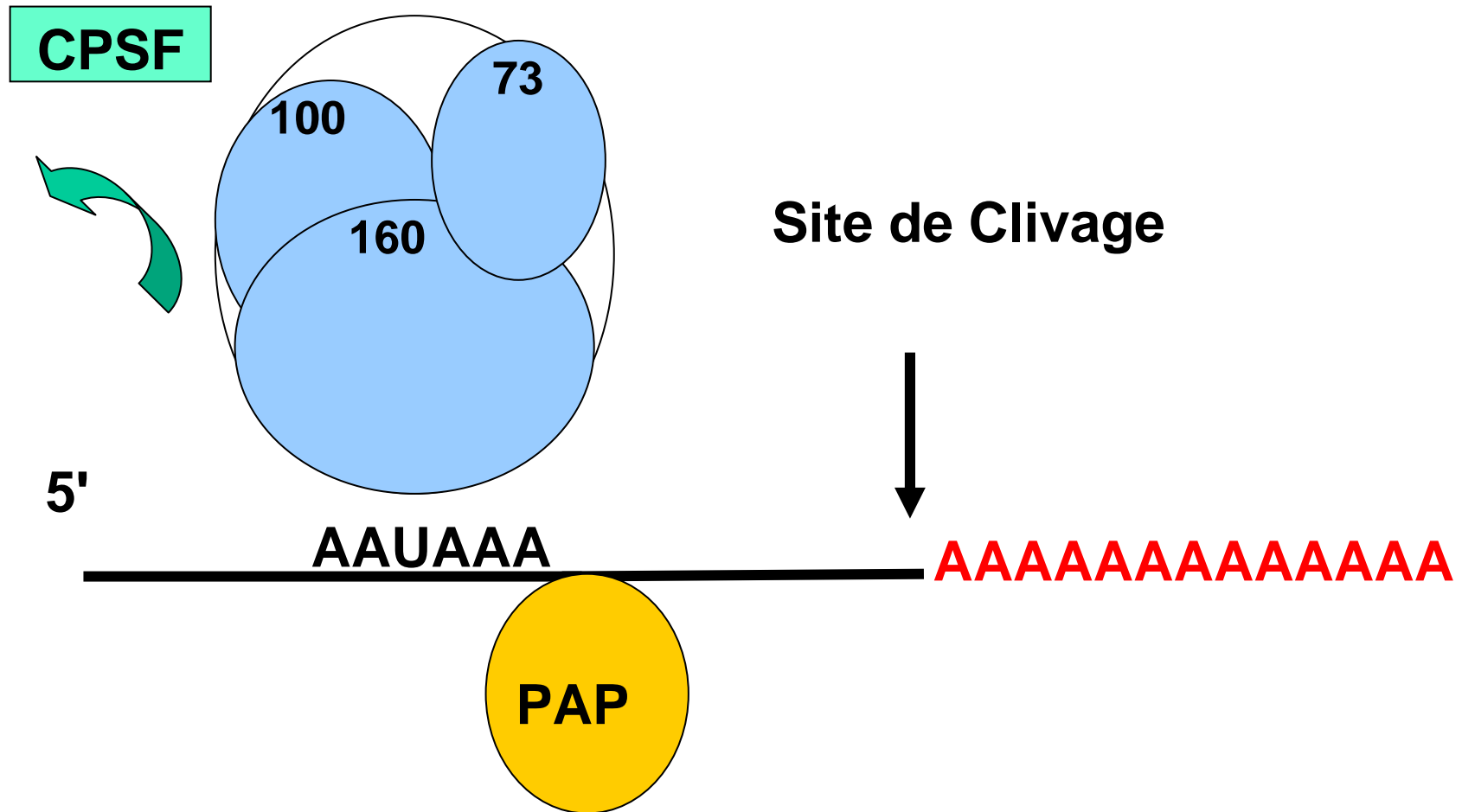
CstF : Cleavage stimulating factor



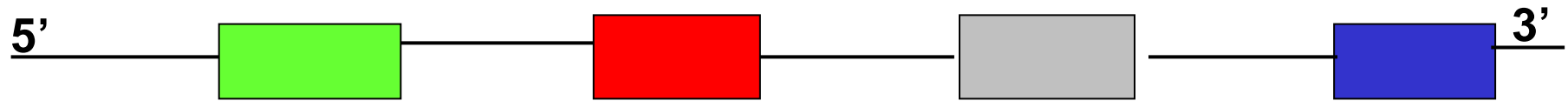


Après le clivage

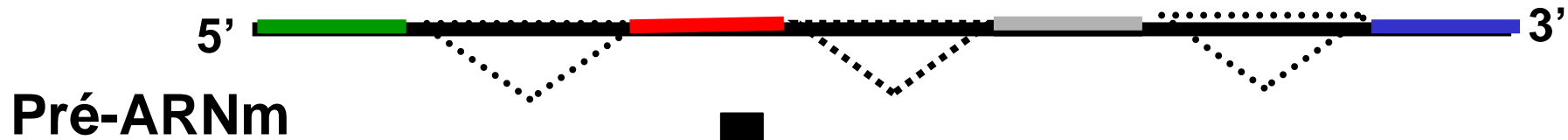
Addition de la queue PolyA par la poly(A)polymérase



ADN

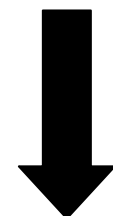


Transcription



Pré-ARNm

épissage



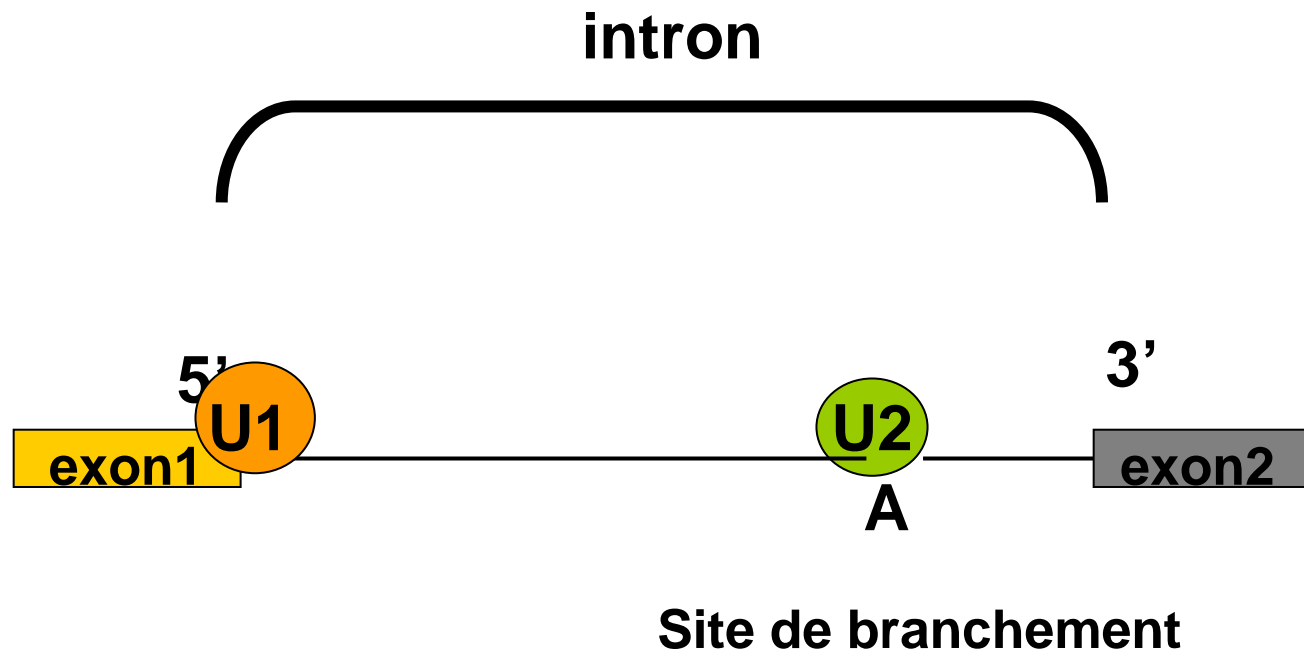
F. MATURATION : epissage

L'épissage est une réaction catalytique

dans un complexe protéique appelé le splicéosome

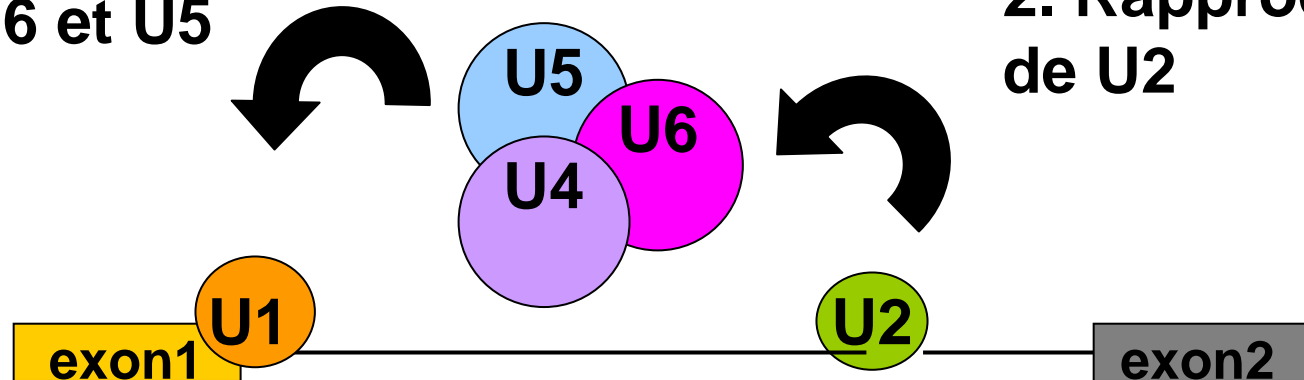
**Le splicéosome comprend pour l'ARNm
des protéines
les snRNPs (U1,U2, U5 et U4/U6).**

1) Formation du pré-splicéosome



2) Formation du splicéosome

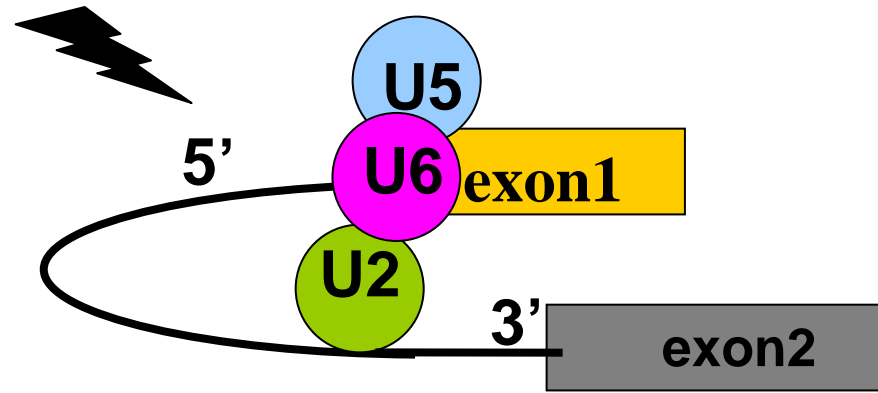
1. Arrivée de
U4/U6 et U5



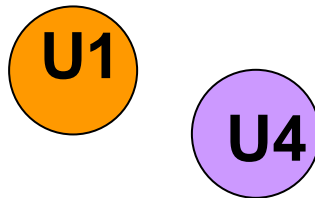
2. Rapprochement
de U2

3. Repliement de l'ARNm

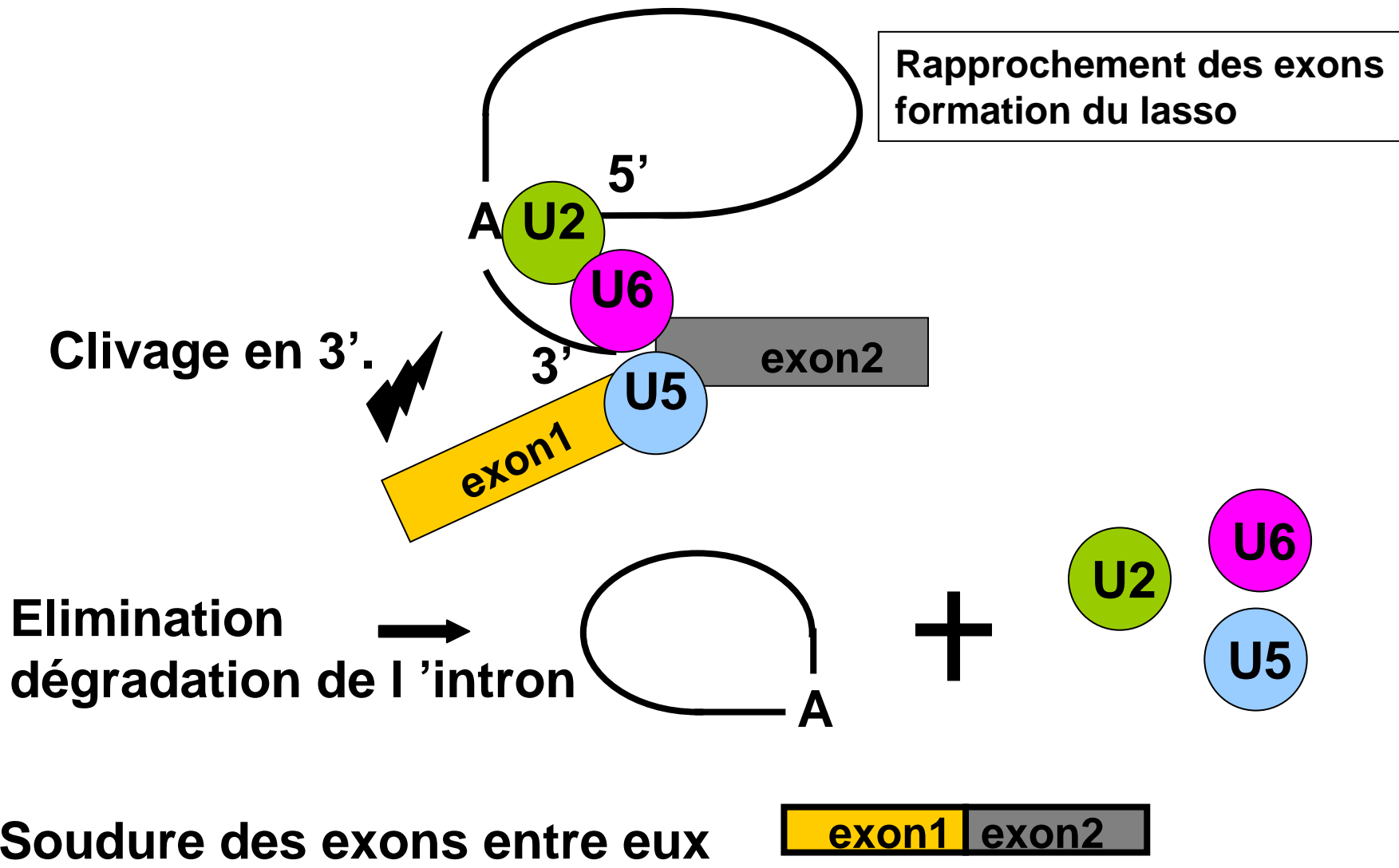
Clivage en 5'



Libération U1 U4



3) Formation du lasso



- **G. transport de l'ARN du noyau vers le cytoplasme**

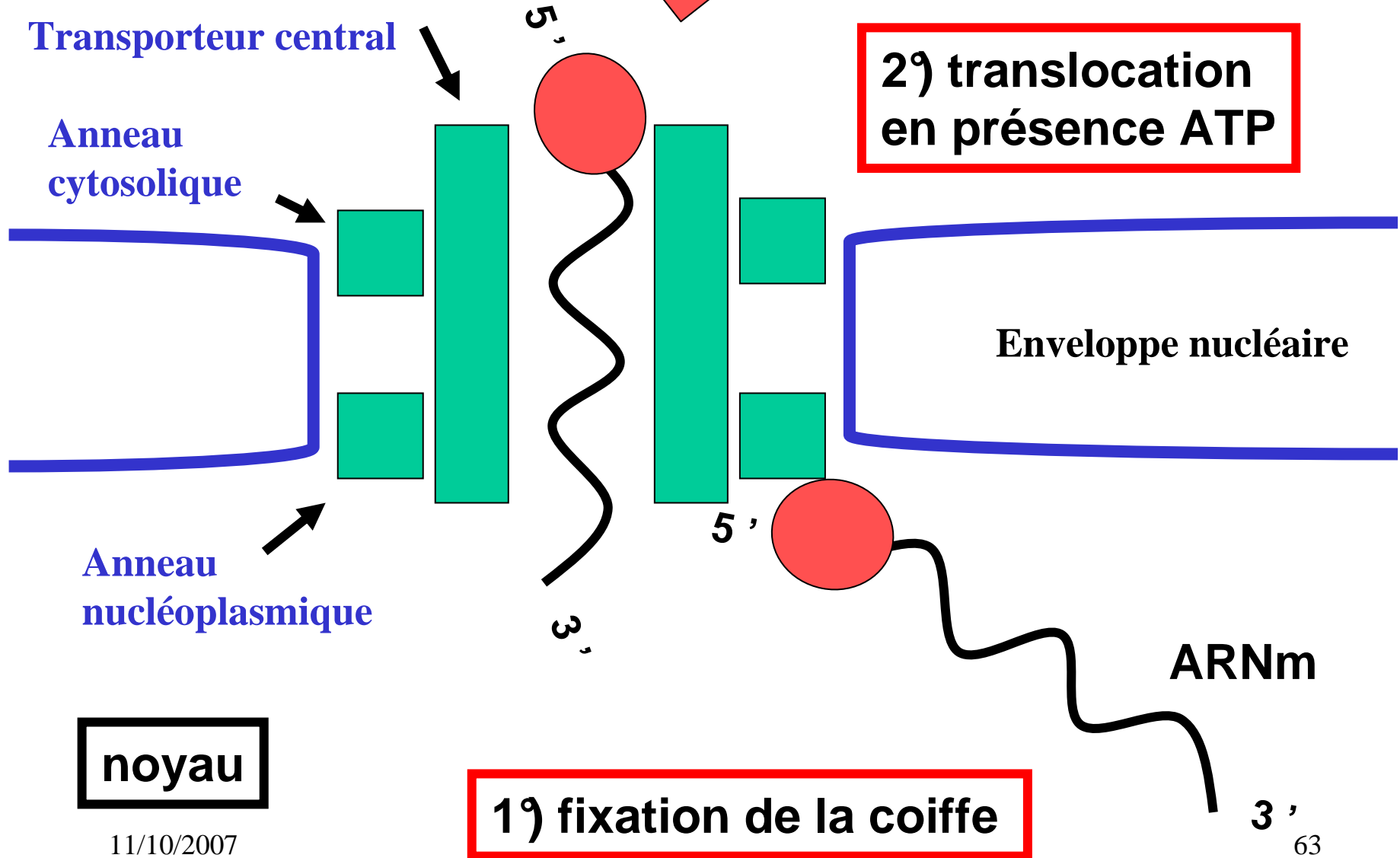
- **Seul l'ARNm parfait sort du noyau**

Mécanisme de surveillance et de destruction dans le noyau appelé :

NMC: nuclear mediated decay

cytosol

3^o adressage de l'ARNm



2^o translocation en présence d'ATP

Enveloppe nucléaire

Anneau nucléoplasmique

ARNm

1^o fixation de la coiffe

noyau

11/10/2007

3'
63

H. Devenir de l'ARNm dans le cytoplasme

1) transport actif vers des endroits de synthèse protéique

a) le plus souvent très proche de la membrane nucléaire, au niveau du système réticulo-endoplasmique accroché aux ribosomes (polysomes)

b) mais également au niveau de la membrane cytoplasmique et dans des pseudopodes

Accrochés à des filaments du cytosquelette
(actine, dynéine, kynésine, myosine)

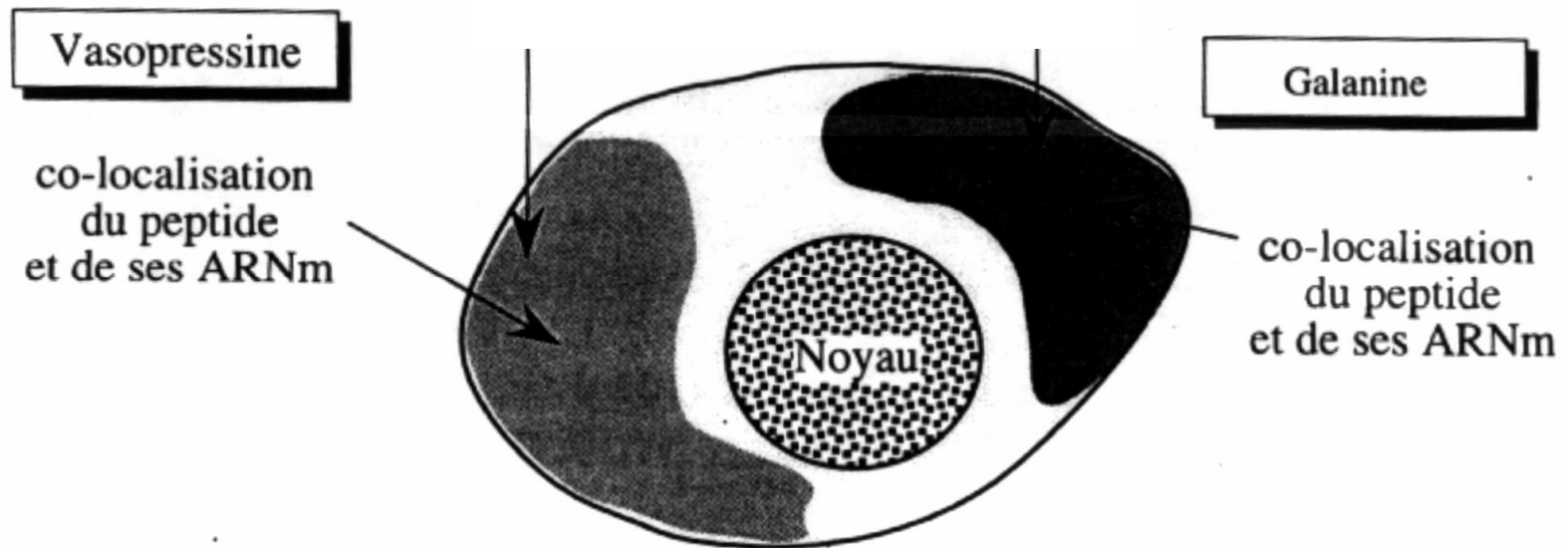
2) traduction en protéine

3) dégradation

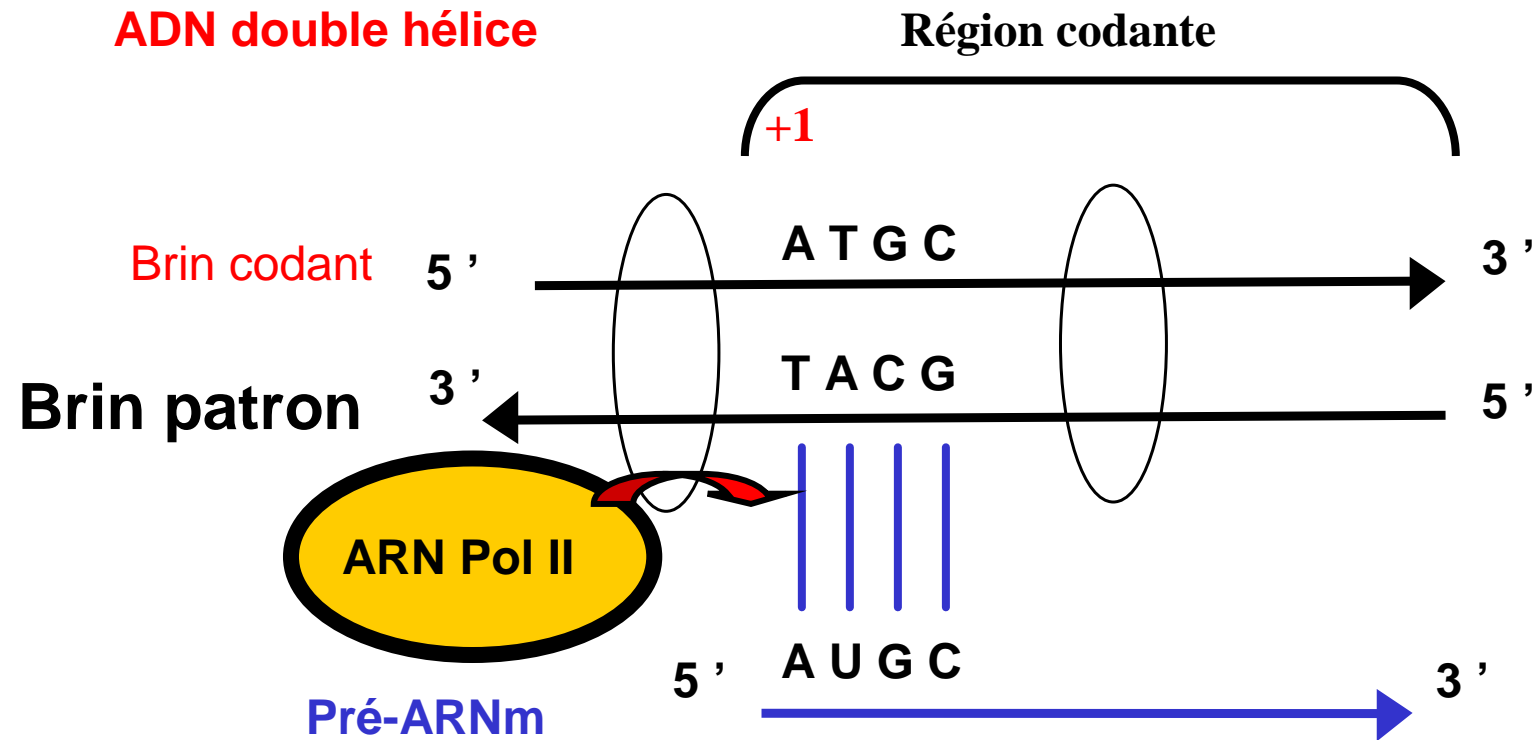
ARNm très fragile

il n'existe pas de système de réparation

couplage {
Immunocytochimie (détection du peptide)
Hybridation *in situ* (détection des ARNm)

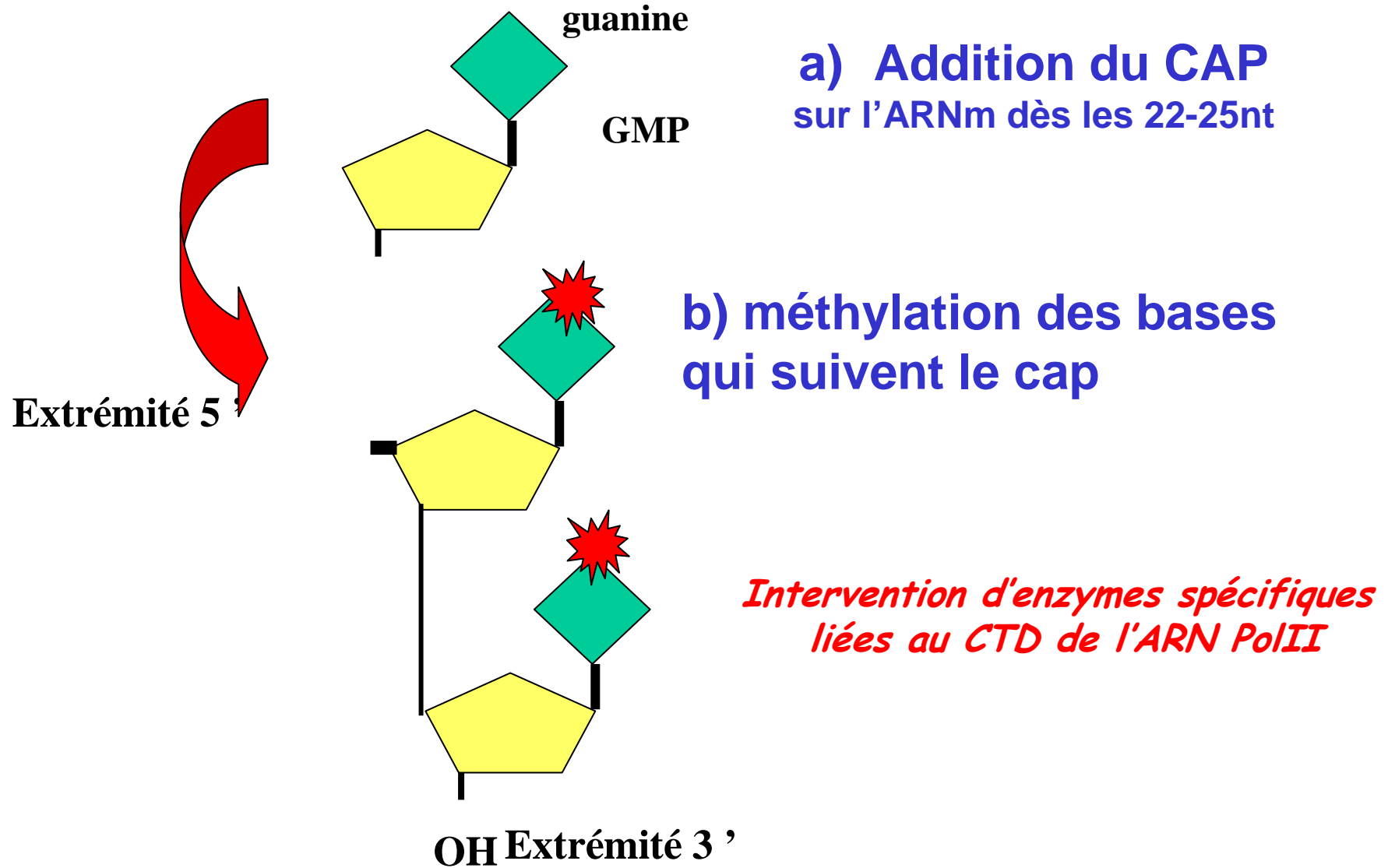


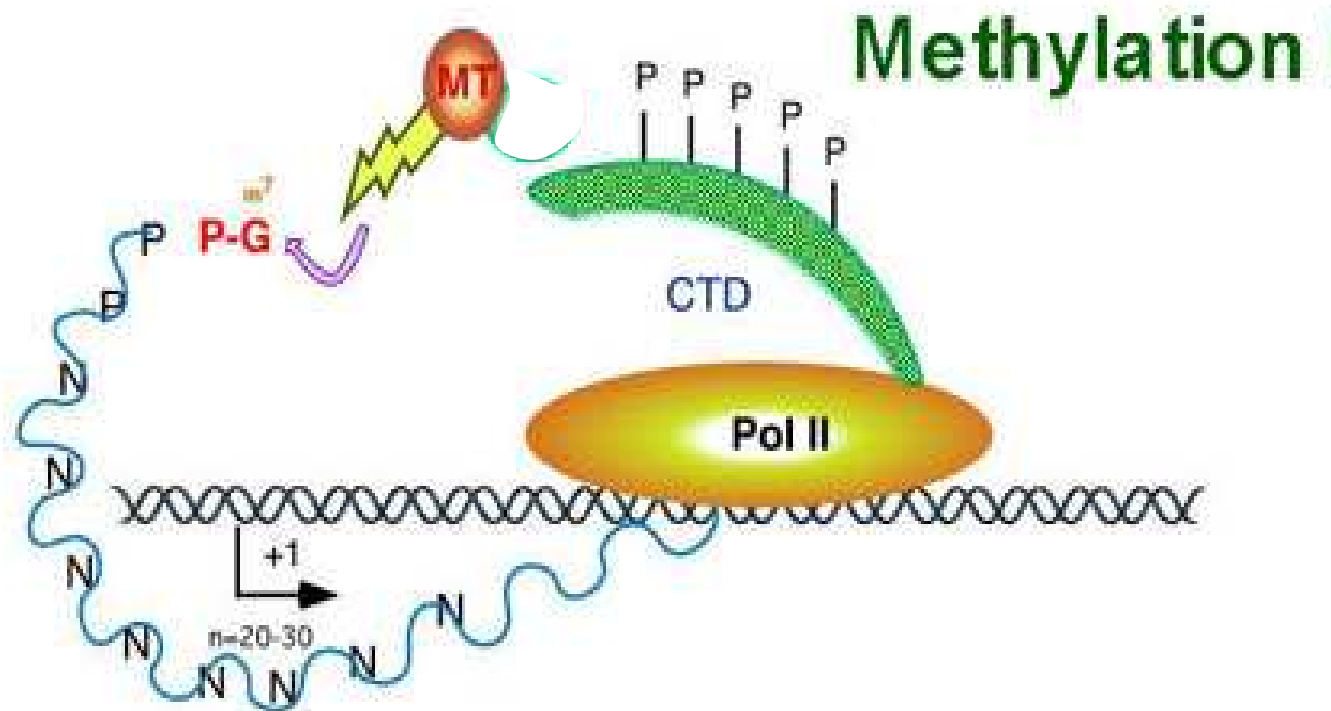
B. Progression de la transcription



Hybridation temporaire

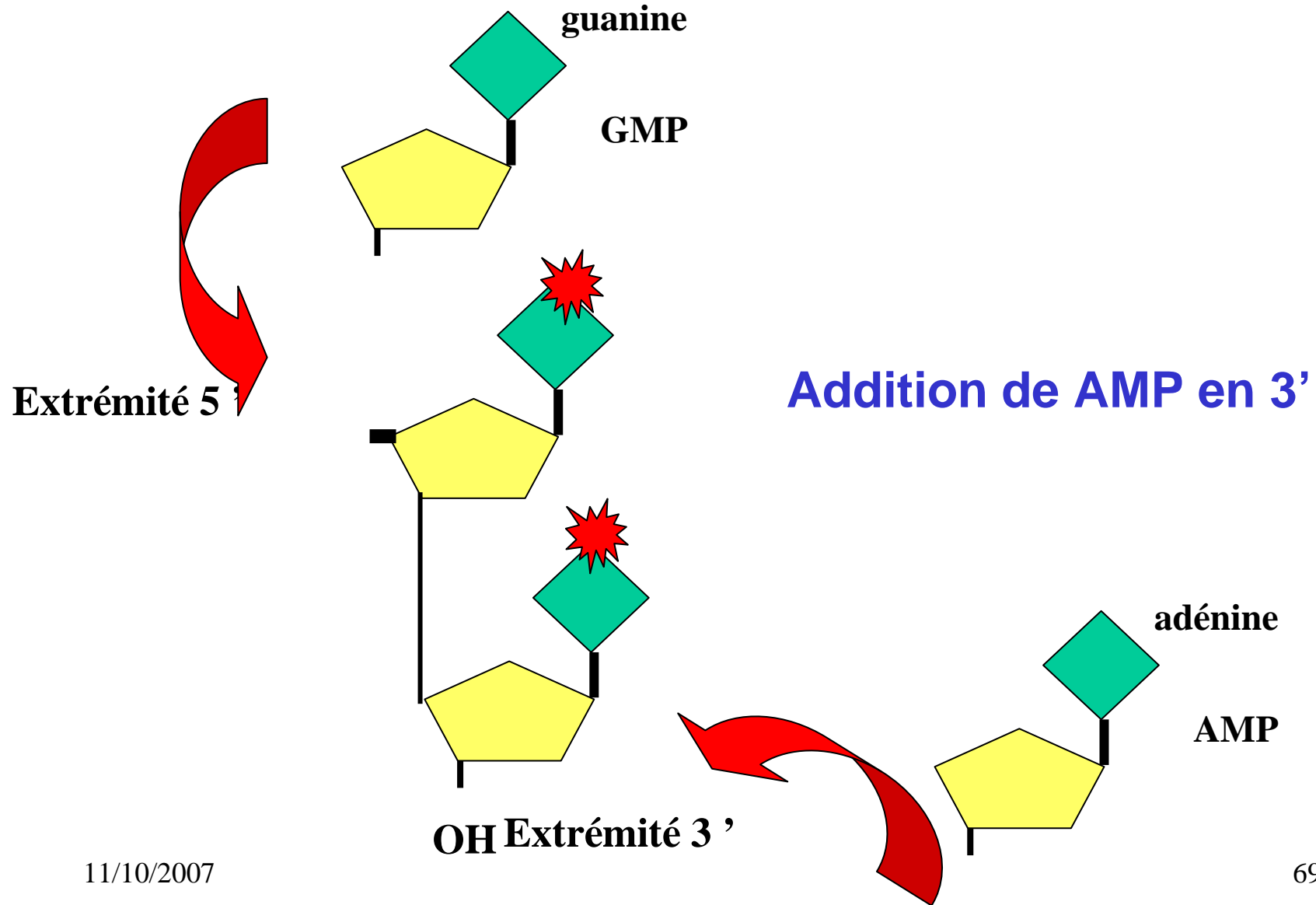
C. Protection de l'ARNm **au début** de la synthèse





CTD: domaine C terminal

D. Protection de l'ARNm à la fin de la synthèse



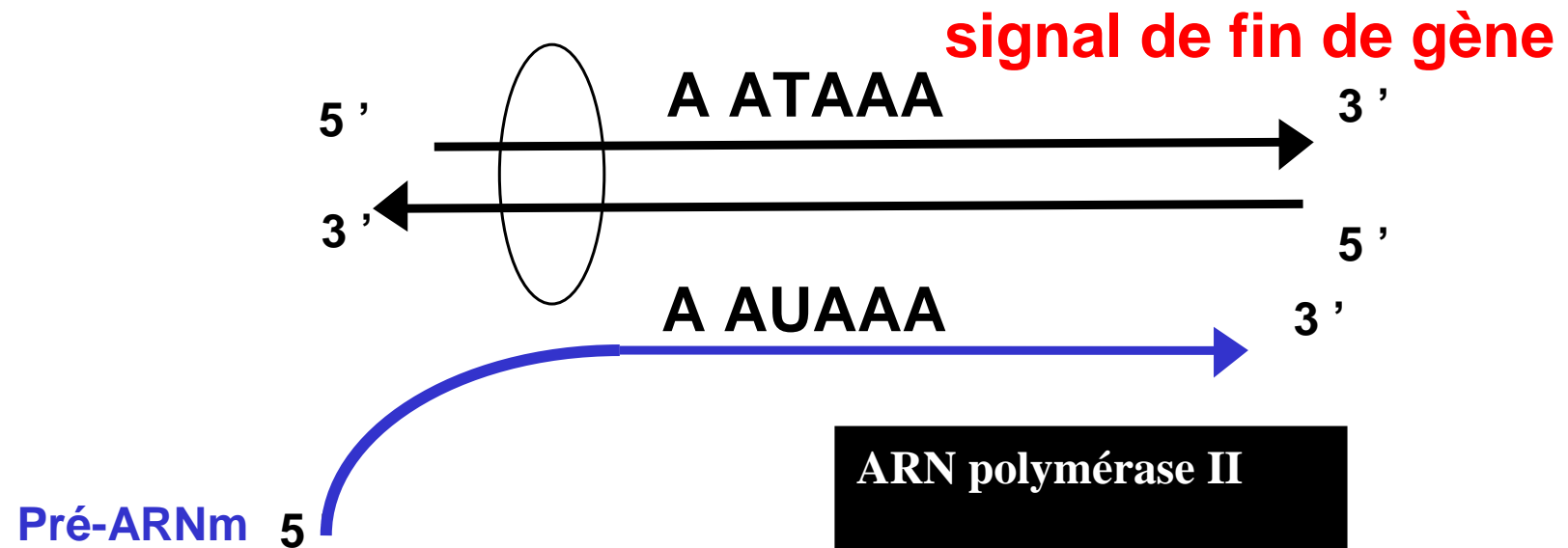
addition de la queue PolyA

**Séquence de plusieurs nucléotides adénines (AMP)
AAAAAA (par ex 250 nucléotides)
ajoutés à l'extrémité 3' de l'ARNm**

c'est une modification post-transcriptionnelle .

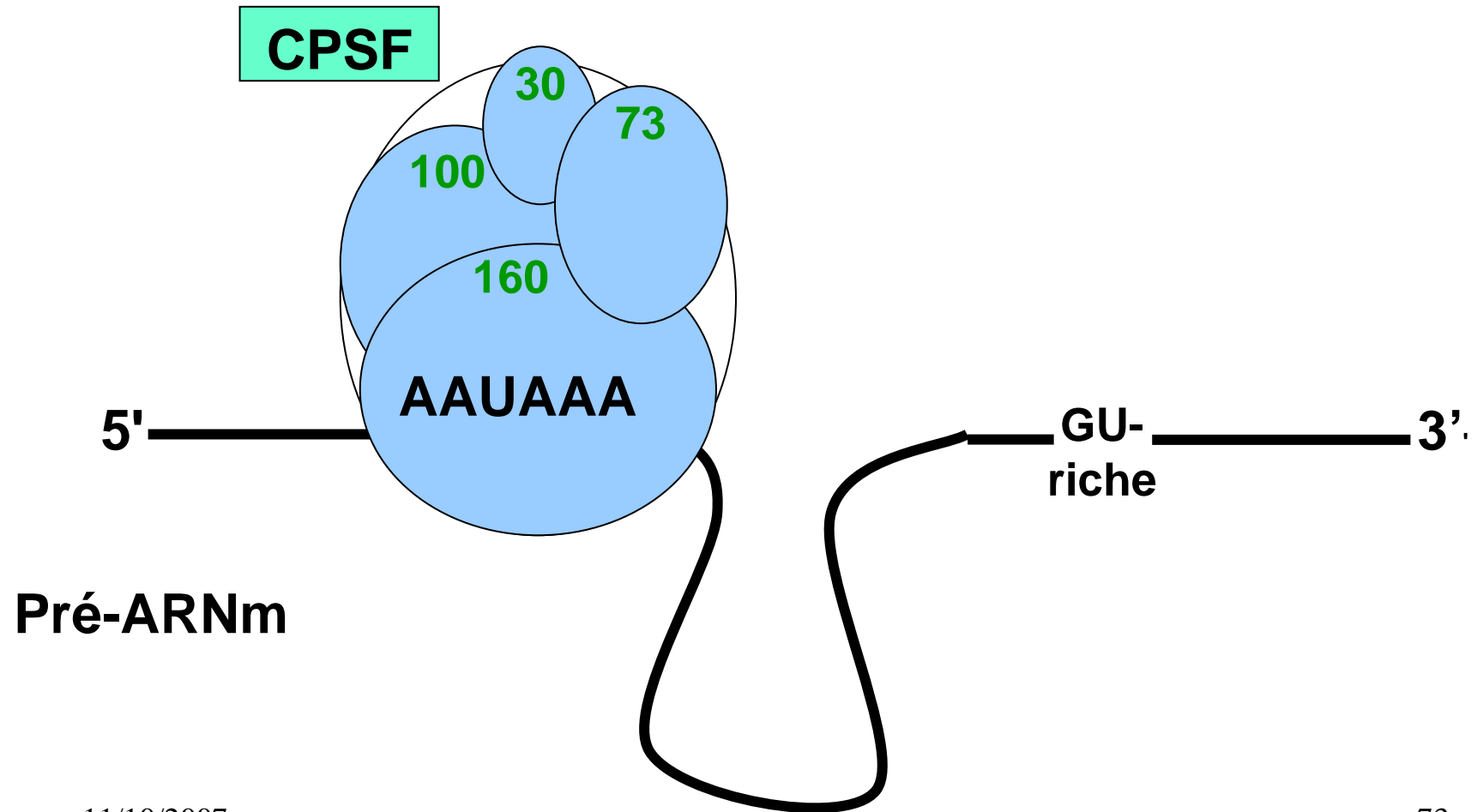
E. FIN DE LA TRANSCRIPTION

1) reconnaissance de la fin du gène

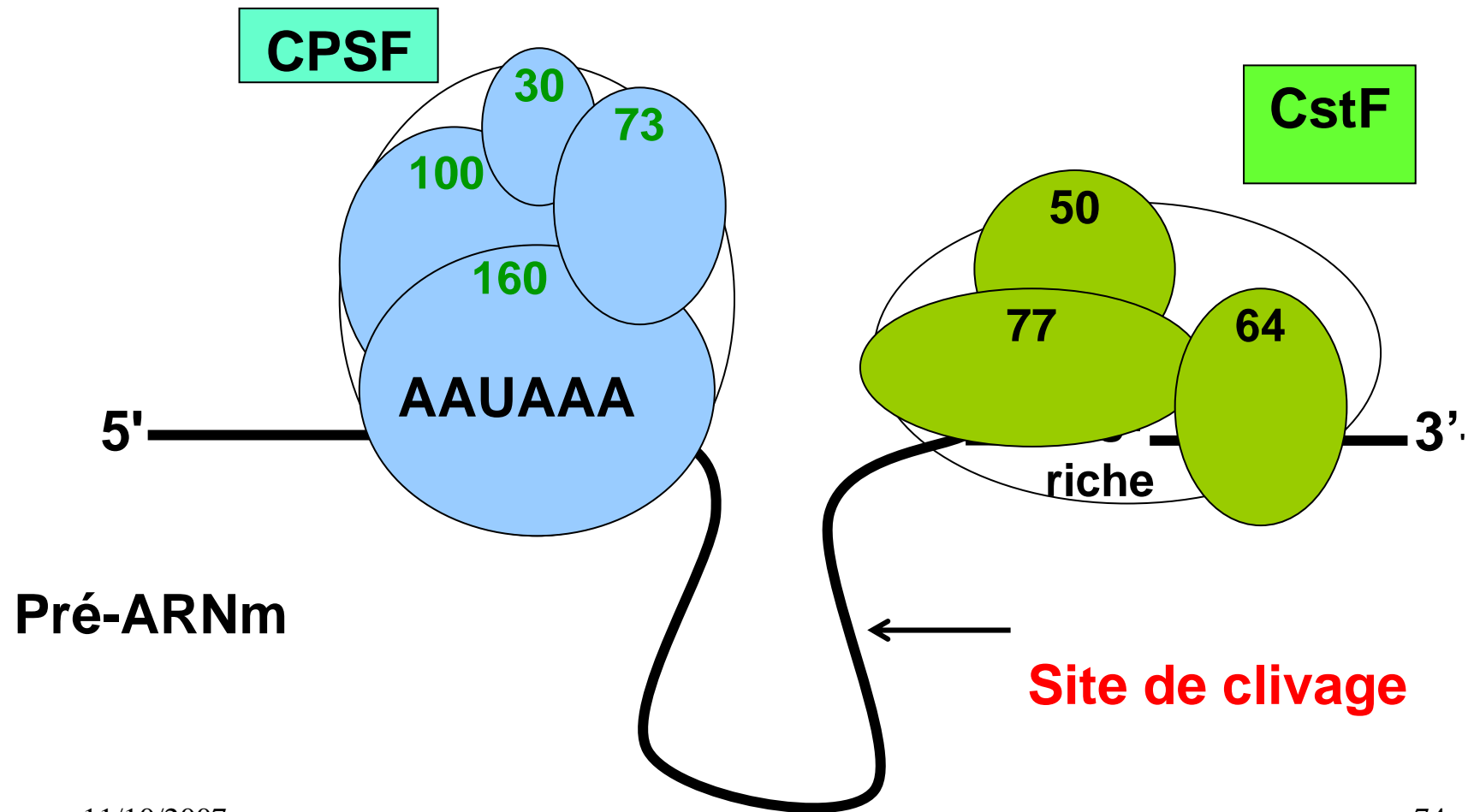


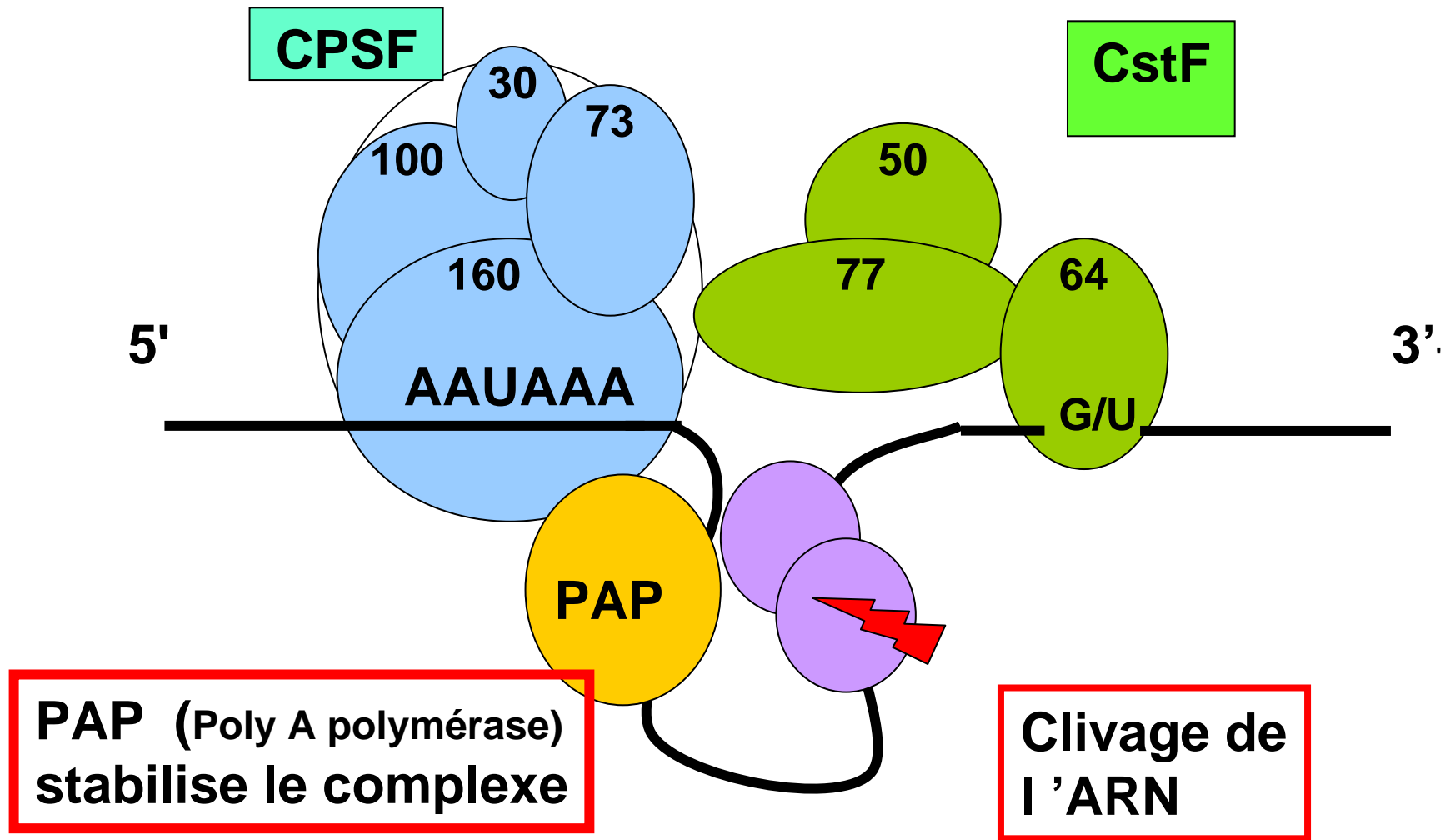
**2) Clivage et polyadénylation de la chaîne d 'ARNm
deux étapes couplées.**

**Le CPSF : (cleavage and polyadenylation specificity factor)
se fixe sur la séquence AAUAAA**



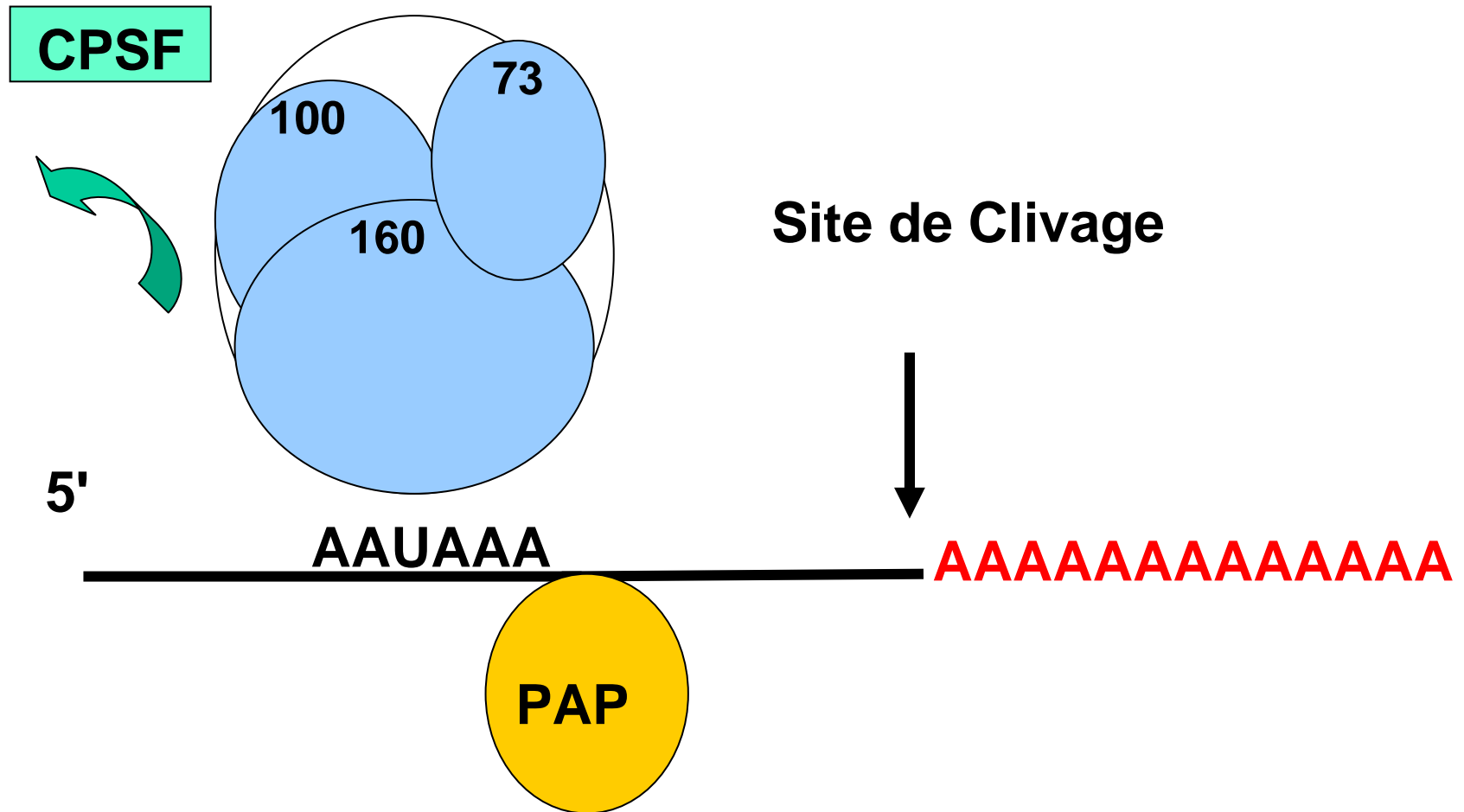
CstF : Cleavage stimulating factor



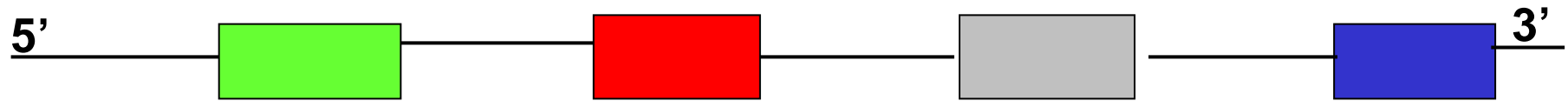


Après le clivage

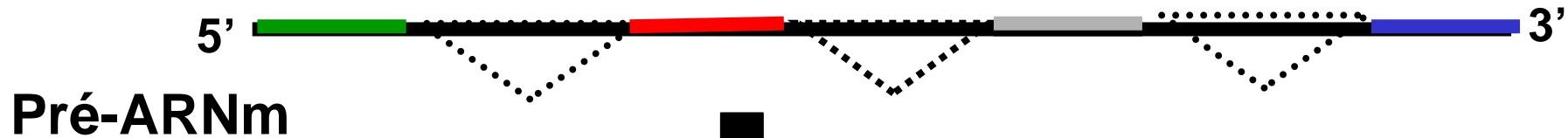
Addition de la queue PolyA par la poly(A)polymérase



ADN

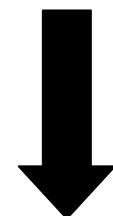


Transcription



Pré-ARNm

épissage



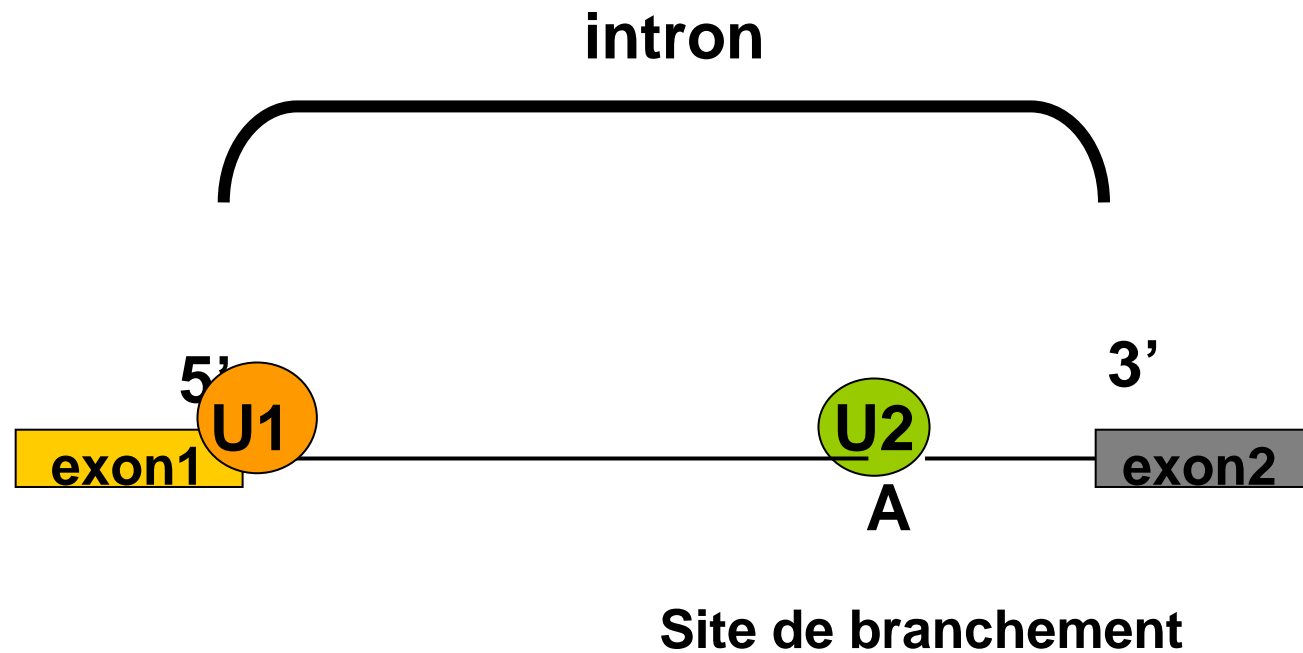
F. MATURATION : epissage

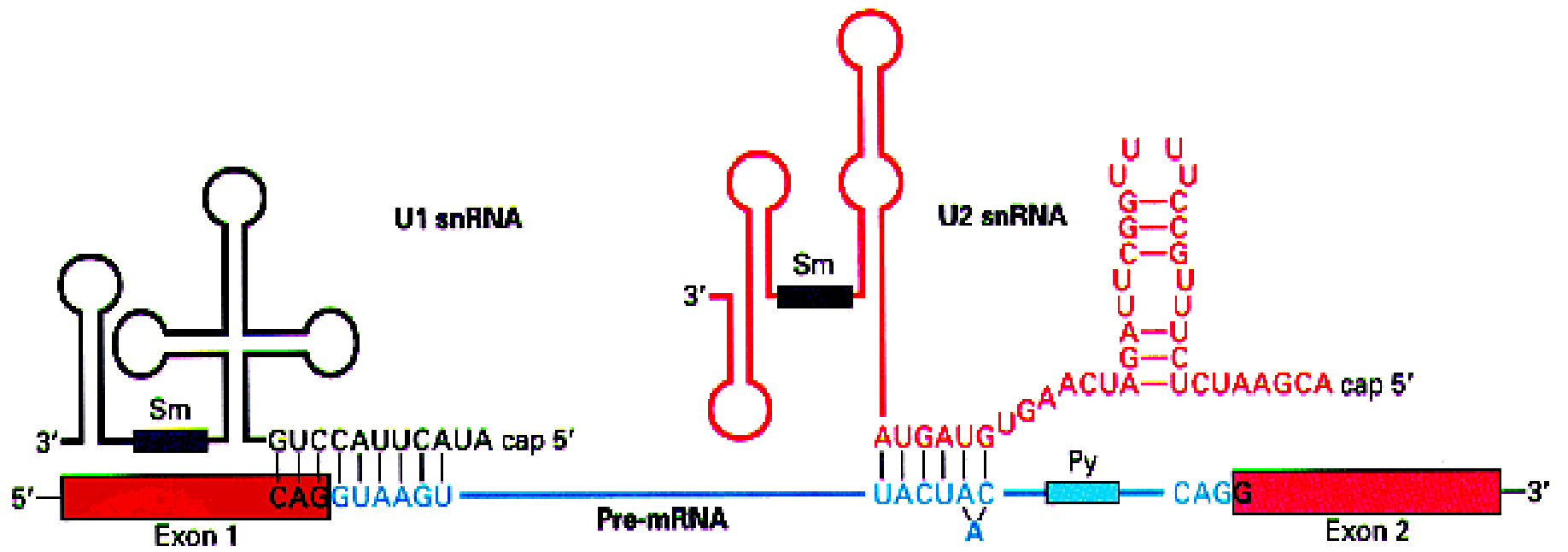
L'épissage est une réaction catalytique

dans un complexe protéique appelé le splicéosome

**Le splicéosome comprend pour l'ARNm
des protéines
les snRNPs (U1,U2, U5 et U4/U6).**

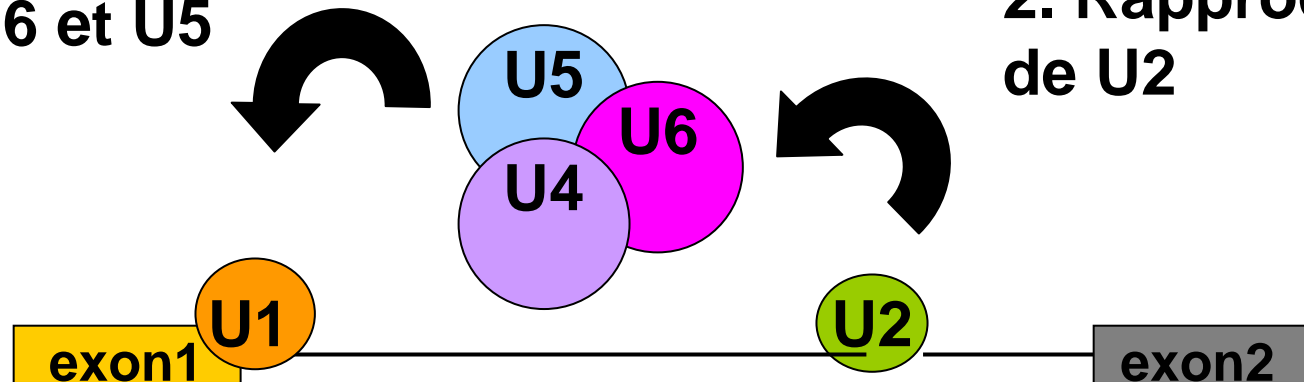
1) Formation du pré-splicéosome





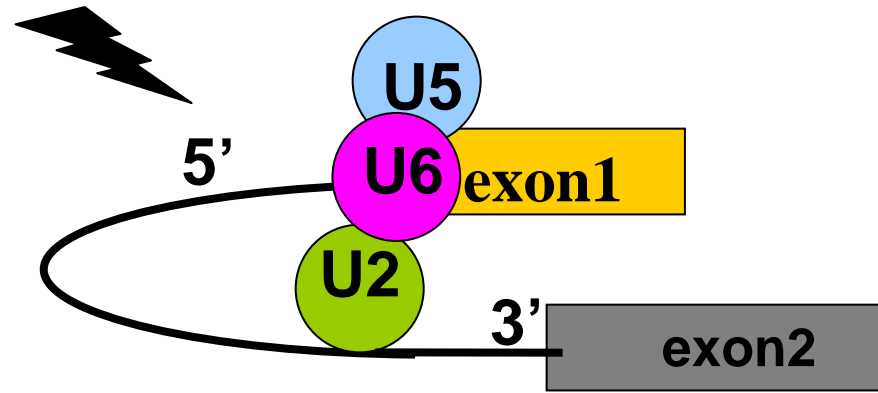
2) Formation du splicéosome

1. Arrivée de
U4/U6 et U5

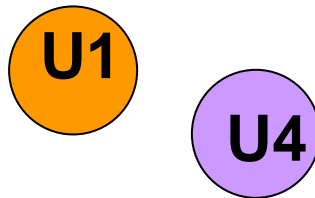


3. Repliement de l'ARNm

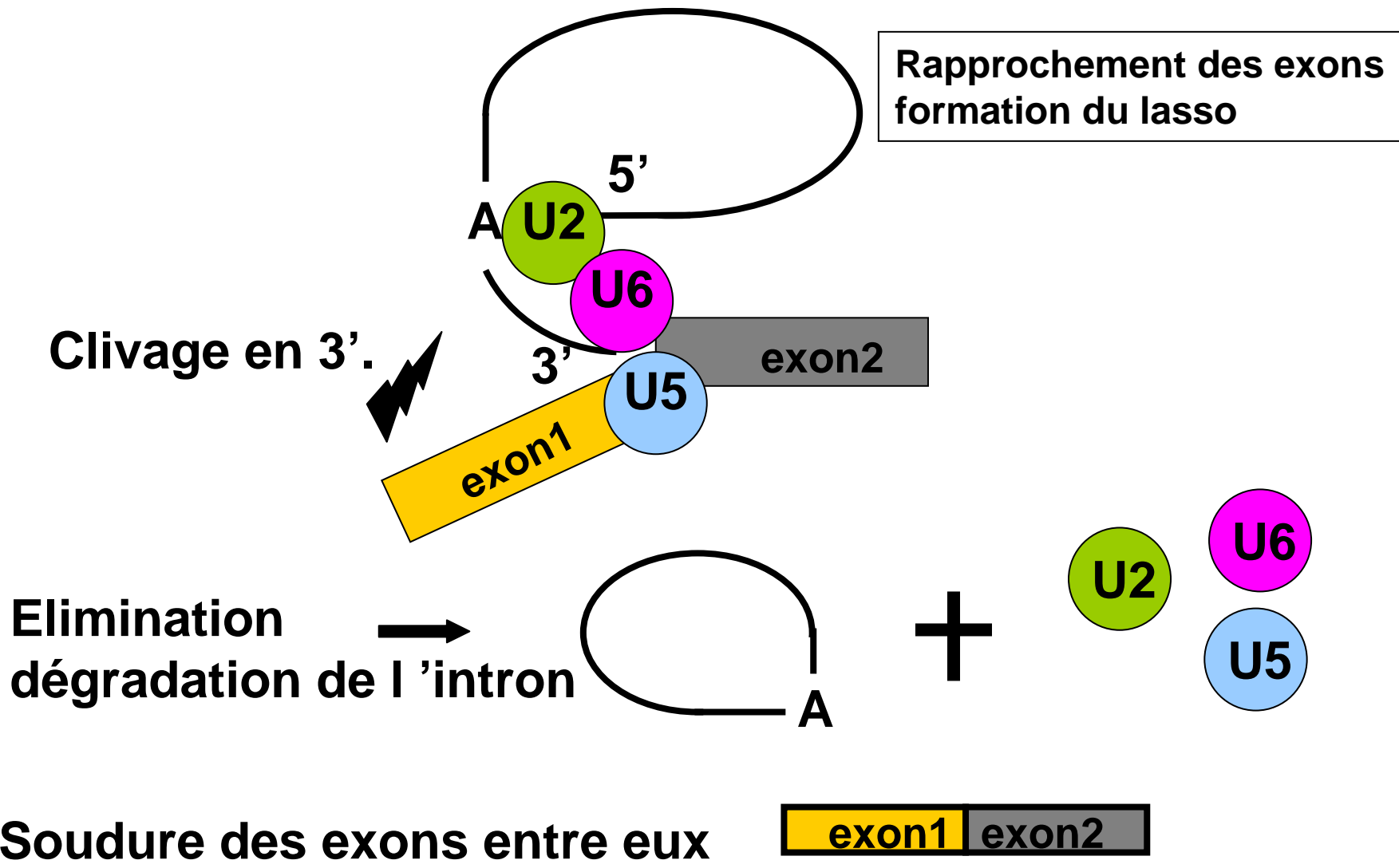
Clivage en 5'



Libération U1 U4



3) Formation du lasso



- **G. transport de l'ARN du noyau vers le cytoplasme**

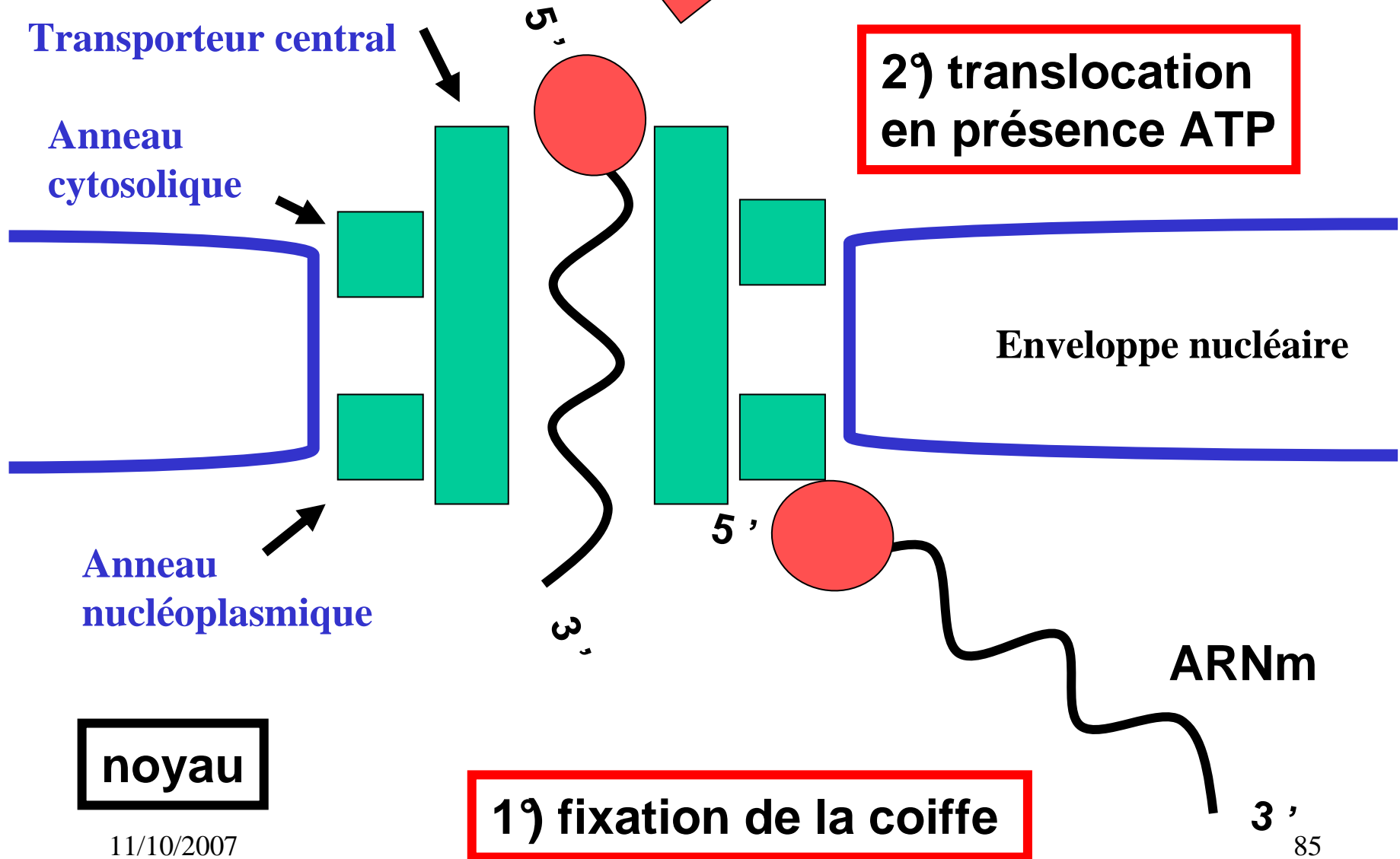
- **Seul l'ARNm parfait sort du noyau**

Mécanisme de surveillance et de destruction dans le noyau appelé :

NMD: nuclear mediated decay

cytosol

3^o adressage de l'ARNm



2^o translocation en présence ATP

Enveloppe nucléaire

Anneau nucléoplasmique

noyau

1^o fixation de la coiffe

ARNm

3'
85

H. Devenir de l'ARNm dans le cytoplasme

1) transport actif vers des endroits de synthèse protéique

a) le plus souvent très proche de la membrane nucléaire, au niveau du système réticulo-endoplasmique accroché aux ribosomes (polysomes)

b) mais également au niveau de la membrane cytoplasmique et dans des pseudopodes

Accrochés à des filaments du cytosquelette
(actine, dynéine, kynésine, myosine)

2) traduction en protéine

3) dégradation

ARNm très fragile

il n'existe pas de système de réparation