

Transcripción (DNA-->RNA)

Procariontes

Eucariontes

Tipos de RNA

RNAr: 23s 16s 5s
tRNA: síntesis proteínas (31)
mRNA: policistrónico (operón)

RNAr: 28s 18s 5.8s 5s
tRNA: síntesis proteínas (48)
ncRNA:
 *snRNA: spliceosoma
 *snoRNA: Px rRNA
 *siRNAs: TGS
 *miRNAs: PTGS

mRNA: Procesamiento
 *5'-CAP
 *Poly(A) tail
 *Quitar intrones (Splicing/Splicing Alternativo)

RNA polimerasas

1 polimerasa:
 Centro catalítico + Factor Sigma: **HOLOENZIMA**

Union a DNA
 Regulación
 Enlace fosfodiéster

Reconoce **PROMOTOR**

3 polimerasas:
 ***Pol I (NRPA):** rRNA (5.8s/18s/28s)
 ***Pol II (NRPB):** mRNA, snoRNA, miRNAs, siRNAs -----> **Regulación (P) del CTD**
 ***Pol III (NRPC):** tRNAs y rRNA(5s)
 ***Pol IV (NRPD) y Pol V (NRPE):** Plantas. siRNAs y Epigenética

Inicio y Reconocimiento Promotor

Factor Sigma (*sigma70*)
 Unión a la **caja TATA (-10)** y caja -35

- 1.- Forma un complejo cerrado.
- 2.- Síntesis abortiva (12nt)
- 3.- Complejo abierto
- 4.- **Liberación** de sigma
- 5.- Escape

GTF II (*general transcription factors Pol II*)
 Unión a la **caja TATA (-25)** y **caja BRE (-36)**

- 1.- **TFIID** : (TATA binding Protein + TAF)
- 2.- **TFIIA** : Estabiliza a TFIID
- 3.- **TFIIB** : Posiciona a la Pol II
- 4.- **TFIIF** : Unida a Pol II, helicasa
- 5.- **TFIIE** : Recluta a TFII H
- 6.- **TFIIH** : Helicasa/ **Cinasa del CTD** /Exonucleasa

Terminación

Terminación intrínseca
 Alto contenido de GC en el RNA, se pliega en tallo-asa.

Terminación Rho-dependiente
 La proteína Rho reconoce sitio con alto contenido de C y "choca" con la Polimerasa

Terminación acoplada con la poliadenilación
 Señal de Poly(A) y alentamiento de la pol II. Se cae :(

Inhibidores

Rifampicinas
 Inhiben la polimerasa de bacterias, se unen a la subunidad beta.

Actinomicinas D
 intercalantes en regiones con alto C-G

a-amanitina
 Bloquea específicamente a la pol II (inicio y enlongación)