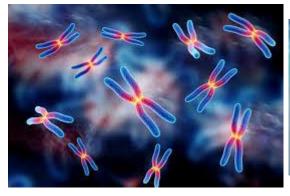
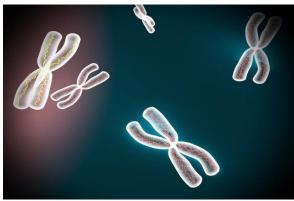


Universidade Federal do Acre Centro de Ciências da Saúde e dos Desportos

Controle da expressão gênica









Profa Leila P Peters
UFAC

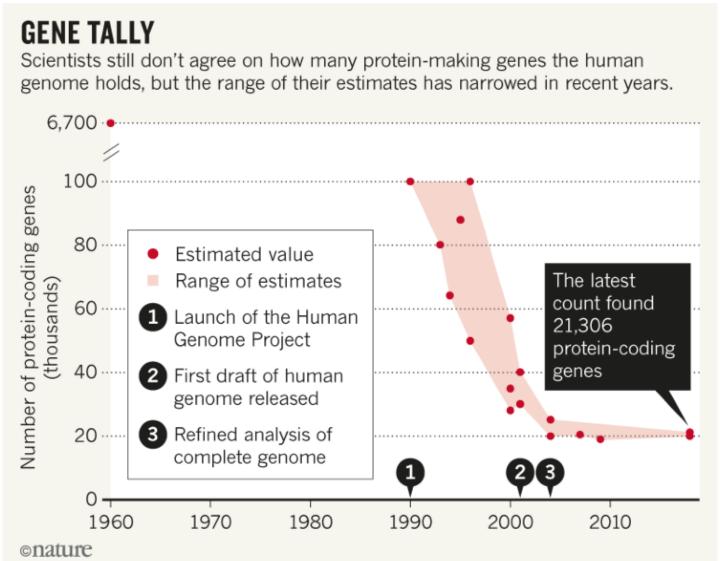
Conteúdo programático

- > Quantos genes tem o genoma humano;
- > Como, onde e quando cada gene é expresso?
- Controle da expressão gênica.

Quantos genes tem o genoma humano?



Quantos genes tem o genoma humano?

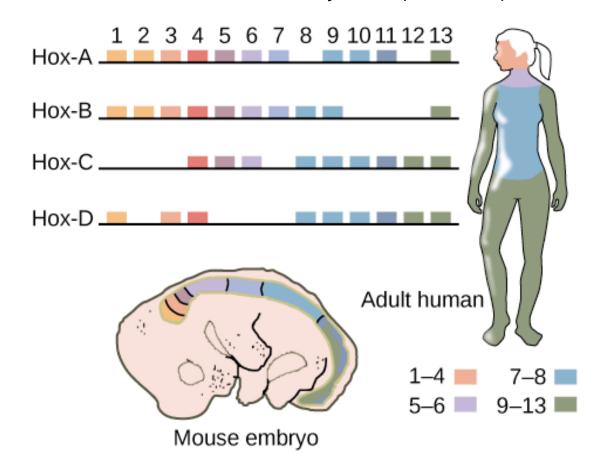


> 21.306 genes codificadores de proteínas e 21.856 genes não codificantes

Como, onde e quando cada gene é expresso?

Genes Hox → codificam fatores de transcrição → expressão de proteínas Hox

As células controlam o gasto de energia



Genes homeóticos são genes reguladores mestres que dirigem o desenvolvimento de determinados segmentos ou estruturas do corpo.

Como, onde e quando cada gene é expresso?

Teratomas são cistos formados de combinações dos três folhetos embrionários:

Ectoderme Mesoderma Endoderme

as camadas de células que dão origem aos órgãos e tecidos dos seres vivos

ightharpoonupOcorrem nos ovários e testículos ightharpoonup podem conter pelos, gordura, cartilagem, dentes, unhas e cabelo.



Tratamento

Ooforectomia é o procedimento cirúrgico de remoção de um ou dos dois ovários (uni ou bilateral).

Cistectomia é a retirada do tumor.

 4B - Teratoma cístico maduro em ovário direito, após a abertura, com exposição de anexos cutâneos e pelos.
 Fonte: GENARO et al, 2016, p. 486.

Como, onde e quando cada gene é expresso?



Em testes feitos com animais, pesquisadores da Universidade de São Paulo mostraram que o **silenciamento específico de um gene – o E2F2** – reduz significativamente o risco de células-tronco embrionárias induzirem a formação de tumores sem diminuir sua pluripotência;

O gene E2F2 foi silenciado com auxílio de uma técnica conhecida como RNA de interferência, na qual são usadas pequenas moléculas de RNA não codificadoras de proteínas capazes de se ligar ao RNA mensageiro de um gene específico e interromper sua expressão;

Diminui a formação de teratomas

Controle da expressão gênica

A regulação gênica controla quais genes, dentre os muitos genes em seu genoma, são "ligados e desligados"

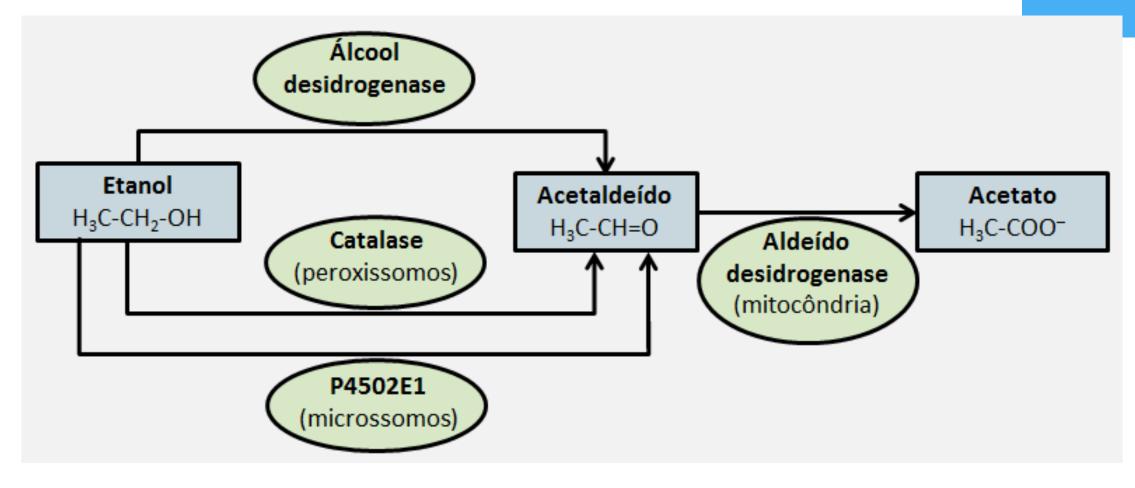
Cada tipo de célula no corpo tem um conjunto diferente de genes ativos;

Esses diferentes padrões de expressão gênica fazem com que vários tipos de células tenham diferentes conjuntos de proteínas, tornando cada tipo de célula especializado para realizar seu trabalho.

> Controle da expressão gênica

Exemplo – fígado remover as substâncias tóxicas - álcool

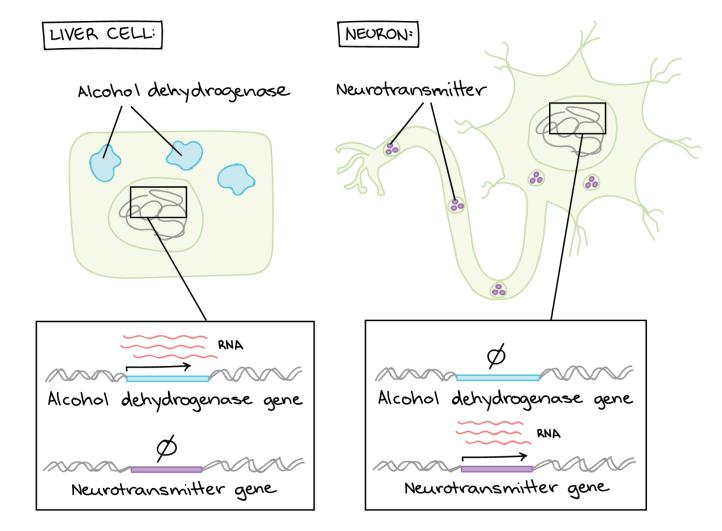




> Expressão gênica

Exemplo – fígado remover as substâncias tóxicas – álcool

1) ativar os genes que codificam enzimas que quebram o álcool



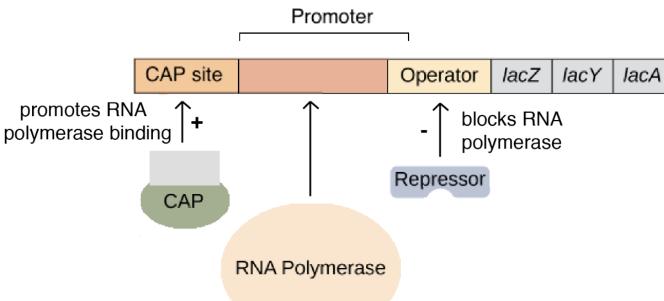
> As células controlam o gasto de energia

✓ Bactérias crescendo em meio de cultura contendo lactose:

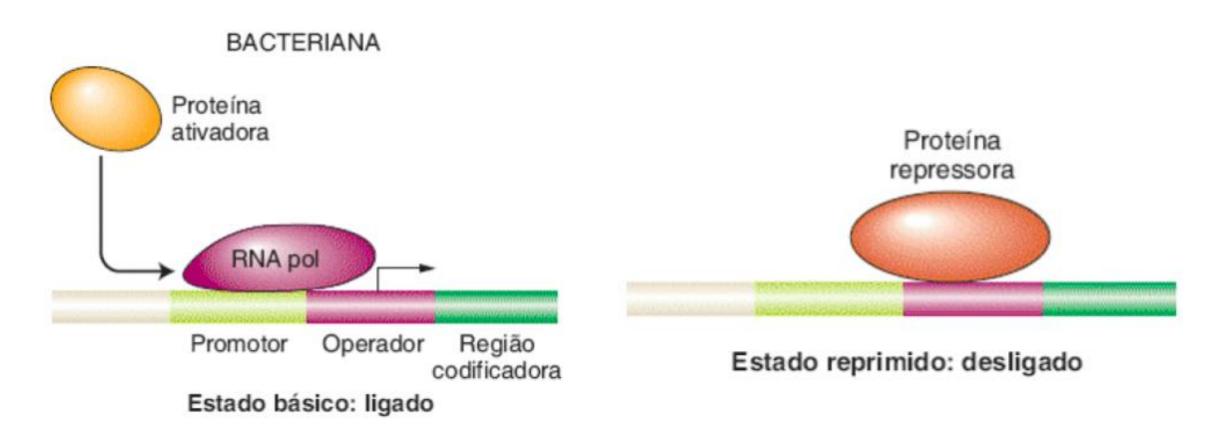
A célula desligaria a transcrição dos genes que codificam enzimas necessárias para a importação e o metabolismo de glicose, galactose e xilose



The *lac* operon:

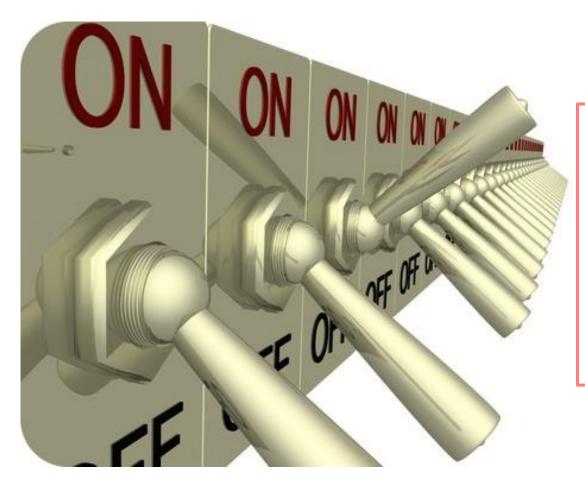


> Controle da expressão gênica – procarionte



Em bactérias, a RNA polimerase normalmente consegue iniciar a transcrição, exceto se uma proteína repressora a bloquear.

> As células controlam o gasto de energia

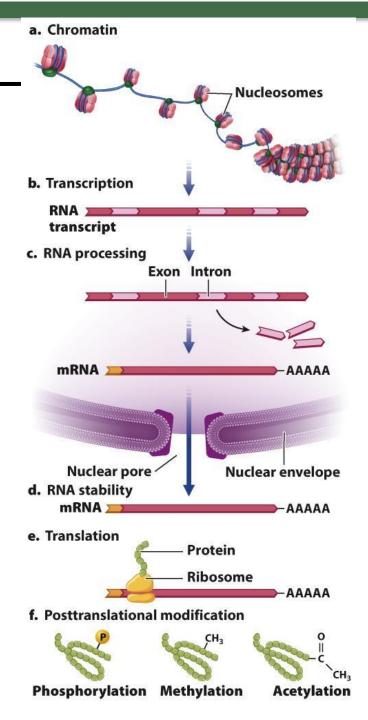


As células precisam ser capazes de reconhecer as condições ambientais;

As células precisam ser capazes de, como um interruptor, alternar entre ativar e reprimir a transcrição de cada gene ou grupo de genes específicos.

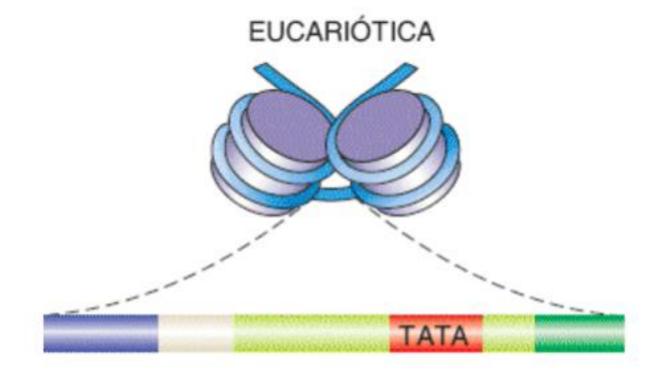
> Níveis de controle da expressão gênica

- a) Transcricional Modificação e remodelamento da cromatina
- b) Transcricional
- c) Pós-transcricional
- d) Traducional
- e) Pós-traducional



Controle transcricional são os mais utilizados para o controle da expressão gênica

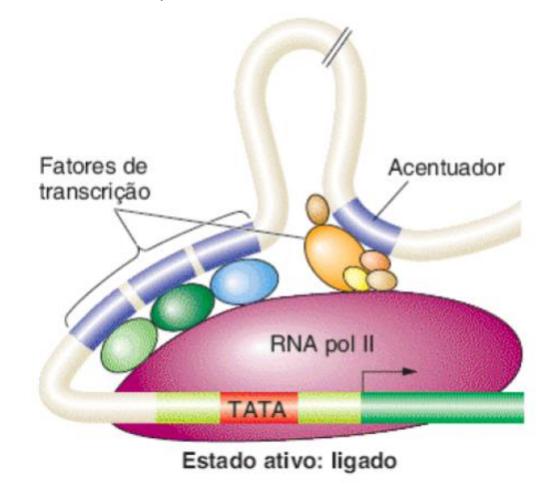
- ➤ Controle da expressão gênica eucarionte
- > A compactação do DNA com os nucleossomos evita a transcrição, exceto se outras proteínas reguladoras estiverem presentes



Estado básico: desligado

- ➤ Controle da expressão gênica eucarionte
- As proteínas regulatórias expõem as sequências promotoras ao alterar a densidade ou a posição do nucleossomo;
- > Também podem recrutar a RNA polimerase II;

Eucariótica



- > Controle da expressão gênica proteínas regulatórias
- > As proteínas regulatórias são divididas em dois grupos:

Fatores de transcrição basais

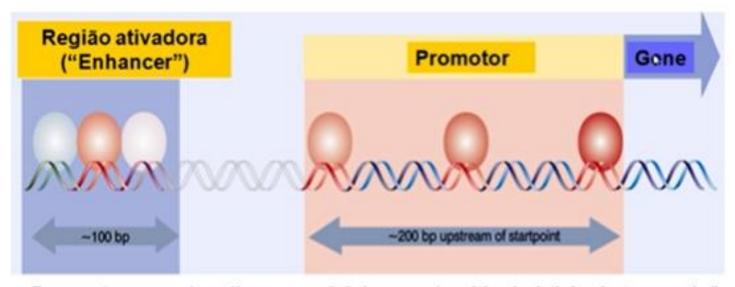
Proteínas que se ligam diretamente ao DNA

Proteínas correguladoras

Proteínas que NÃO se ligam ao DNA

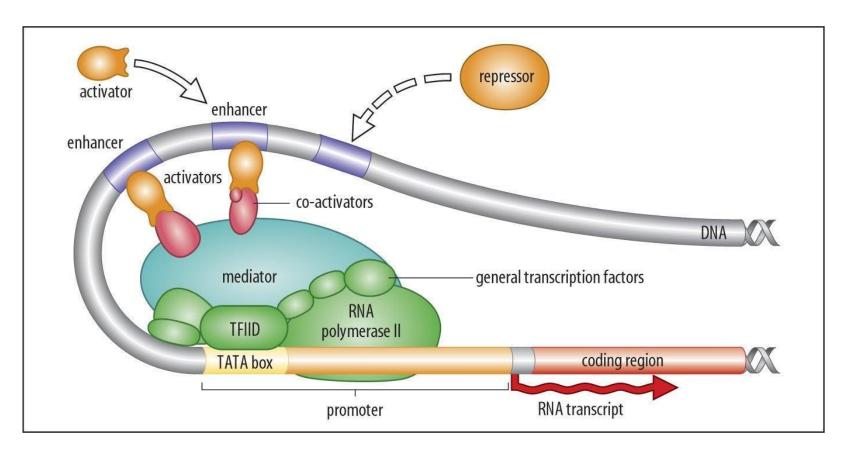
- > Controle da expressão gênica proteínas regulatórias
- > Fatores de transcrição basais relembrar

Genes eucarióticos tem várias regiões regulatórias que controlam a expressão gênica

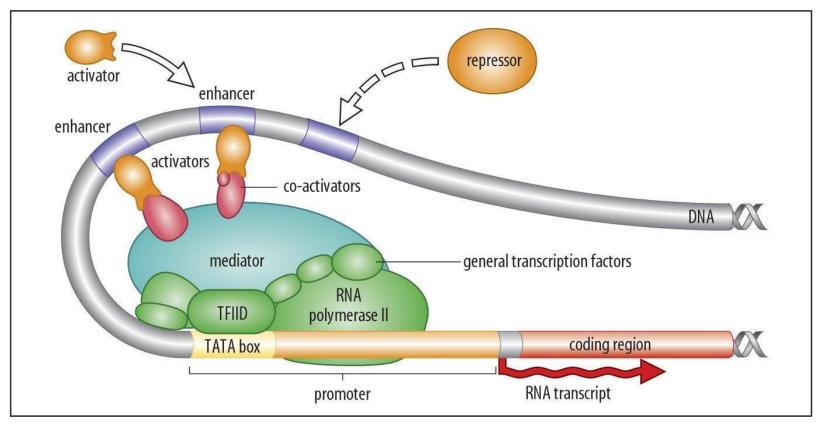


- Promotores se localizam na vizinhança do sítio de início da transcrição
- "Enhancers" podem estar fisicamente separados do promotor por centenas ou milhares de nucleotídeos.
- "Enhancers" e promotores contem elementos na sequencia de DNA que ligam fatores de transcrição, proteínas que ligam e regulam a transcrição

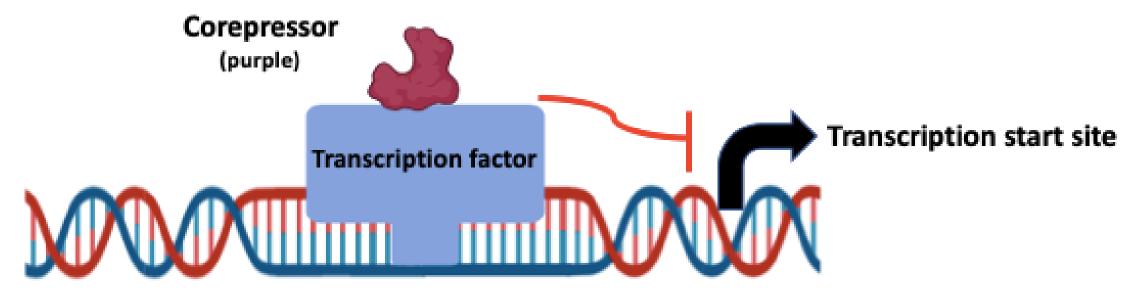
- > Controle da expressão gênica proteínas regulatórias
- > Fatores de transcrição basais
 - Proteínas que ligam-se diretamente a sequências regulatórias de DNA
 - Sequências regulatórias: acentuadores ou *enhancers*



- > Controle da expressão gênica proteínas regulatórias
- Proteínas correguladoras
 - Proteínas que ligam-se diretamente a outra proteína
 - Coativadoras



- > Controle da expressão gênica proteínas regulatórias
- Proteínas correguladoras
 - Proteínas que ligam-se diretamente a outra proteína
 - Correpressoras



Regulatory DNA element

Controle da expressão gênica – proteínas regulatórias

Proteínas correguladoras

Correpressoras

Correpressores transcricionais podem funcionar como enzimas modificadoras de histonas para modular a estrutura da cromatina e, portanto, controlar a atividade transcricional.

Transcriptional corepressors in cancer

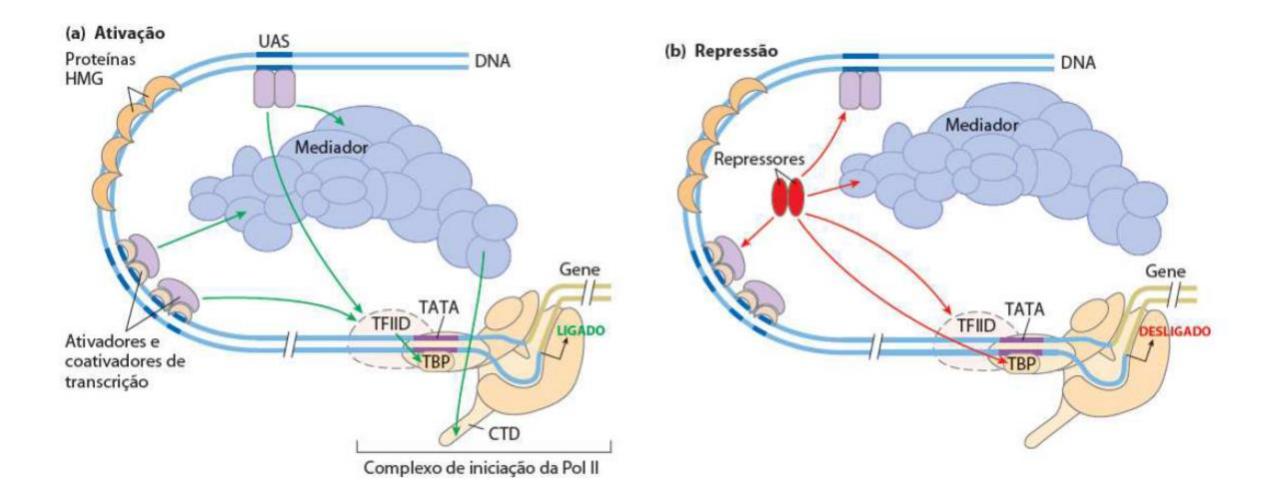
https://doi.org/10.1002/cncr.27908

Complexos Correpressores: Funções e Papéis nos Cânceres Humanos

Corepressor Complex	Molecular Interactions	Functions and Roles	Implication in Cancer Type	References
NCoR1, NCoR2/SMRT	NRs, NF-ĸB, AP-1, MYOD, ETO, CBF, TFIIB, MAD/MXI	HDAC: multiple roles in a context-specific manner	Bladder, breast, prostate, colorectal, endometrial, glioma, leukemia	Perissi 2010,4 Battaglia 2010,8 Liu 20079
CTBP1/2	ER, INK4a/b, Bax, CoREST, p21, PERP, PTEN, E- cadherin, Noxa	HDAC, HDEM: promotes cell proliferation, invasiveness/migration, EMT; antagonizes apoptosis	Breast, colorectal, hepatocellular	Battaglia 2010,8 Straza 2010,10 Chinnadurai 2009,11 Chen 2008,12 Stossi 200913
RUNX1/2/3	CBF, TLE1, NRs, AP-1, HDAC3, MYST4, STUB1, SMAD1/3, SUV39H1	Transcription factors: RUNX1, hematopoietic cell differentiation; RUNX2, bone development; RUNX3, T-cell regulation, neuronal differentiation; role in mitosis	Leukemia, lymphoma, breast, gastric, thyroid, prostate, embryonal carcinoma	Battaglia 2010,8 Chua 2009,14 Chuang 2012,15 Niu 201216
CoREST	Rest, CTBP, SWI/SNF, ZNF217	HDAC, HDEM: multiple roles in a context-specific manner	Breast, prostate, colorectal	Battaglia 2010,8 Lakowski 2006,17

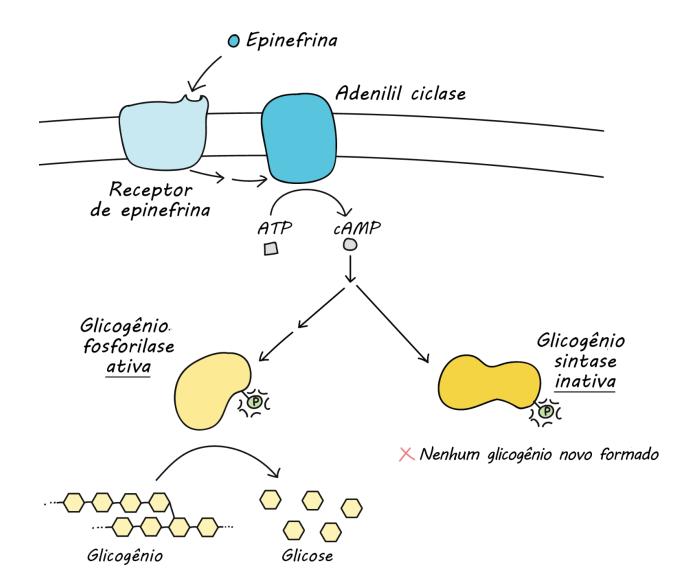
> Controle da expressão gênica – proteínas regulatórias

Genes eucarióticos tem várias regiões regulatórias que controlam a expressão gênica



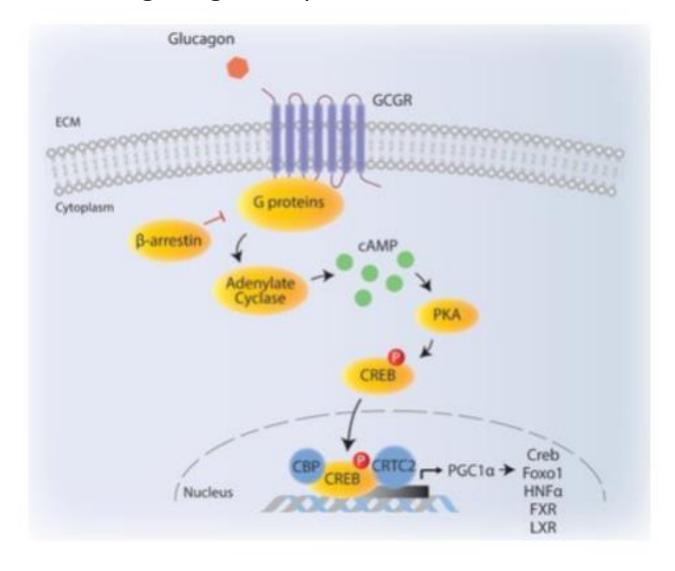
> Níveis de controle da expressão gênica

Exemplo – ação do hormônio glucagon e epinefrina



> Níveis de controle da expressão gênica

Exemplo – ação do hormônio glucagon e epinefrina

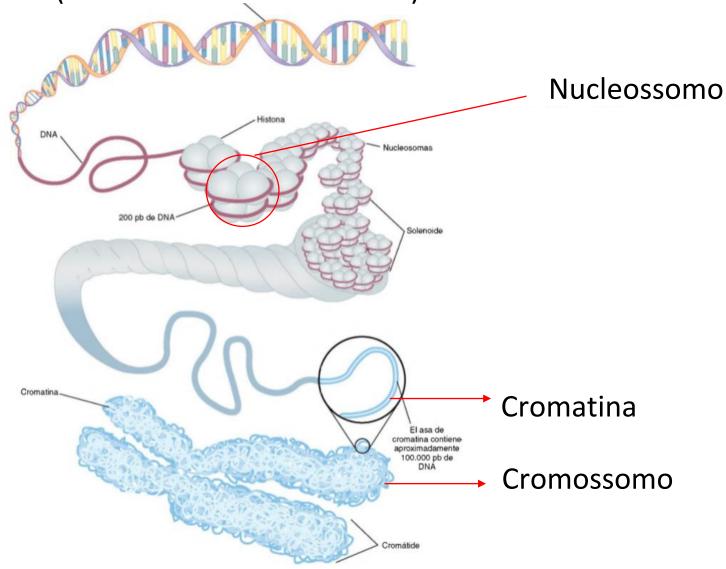


> Estrutura da cromatina

Cromatina = DNA + proteínas (histônicas e não histônicas)

Serve para adaptar o DNA ao núcleo e tb como substrato para alterações reversíveis no DNA (regulam a expressão gênica)

O DNA (cromatina) é 10.000 x mais compactado do que o DNA linear



> Estrutura da cromatina

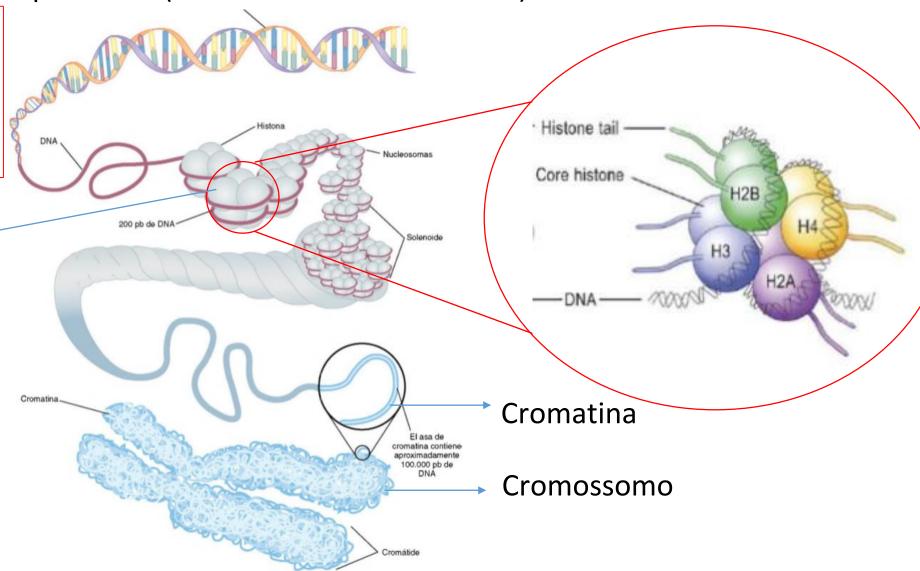
Cromatina = DNA + proteínas (histônicas e não histônicas)

Proteínas histonas – são básicas (aa lisina ou arginina) H1-H2A-H2B H3 e H4

Proteínas histonas centrais Octômero H2A-H2B H3 e H4



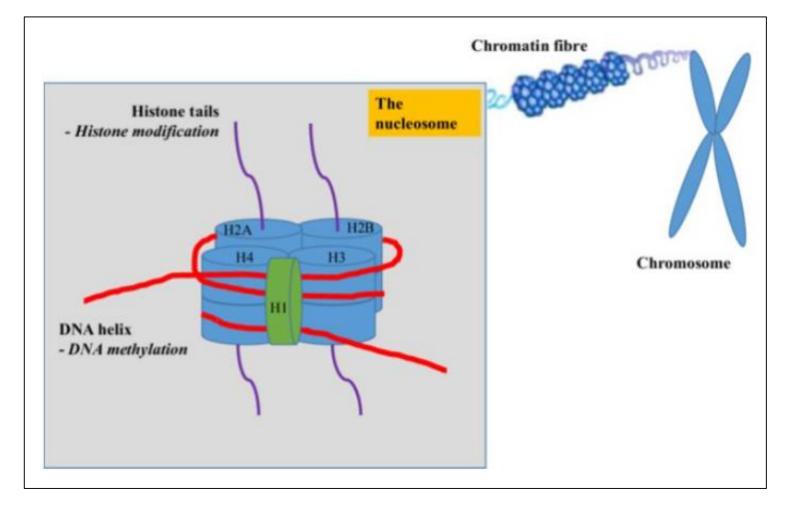
Nucleossomo

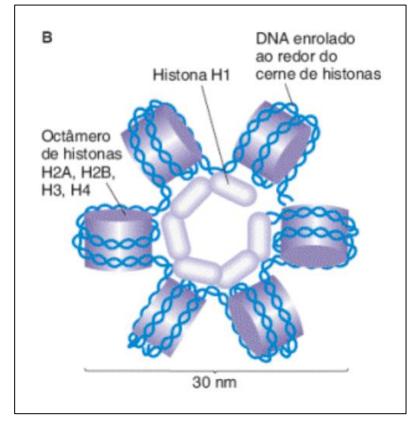


> Estrutura da cromatina

Cromatina = DNA + proteínas (histônicas e não histônicas)

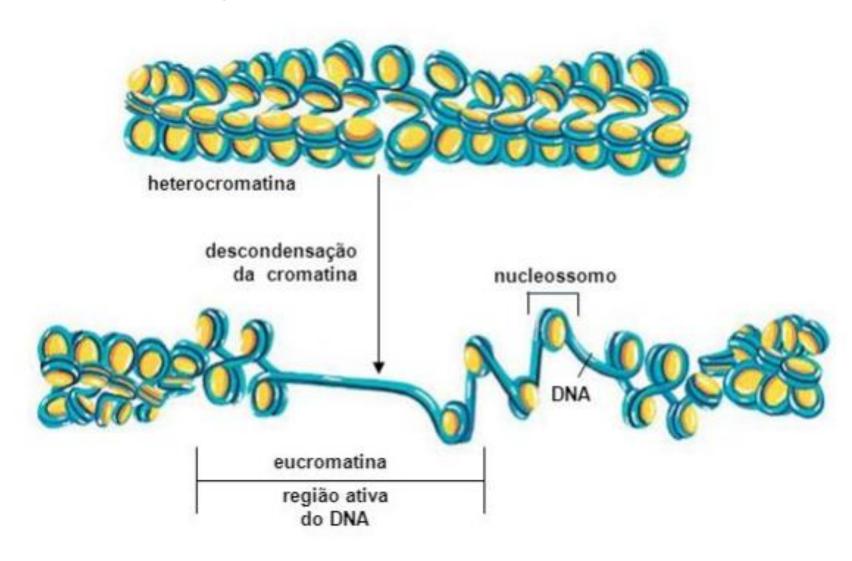
Proteínas histona H1 – histona de ligação, porque se liga ao DNA que liga ao nucleossomo adjacente





Vista final da cadeia enrolada de nucleossom

a) Transcricional - Modificação e remodelamento da cromatina

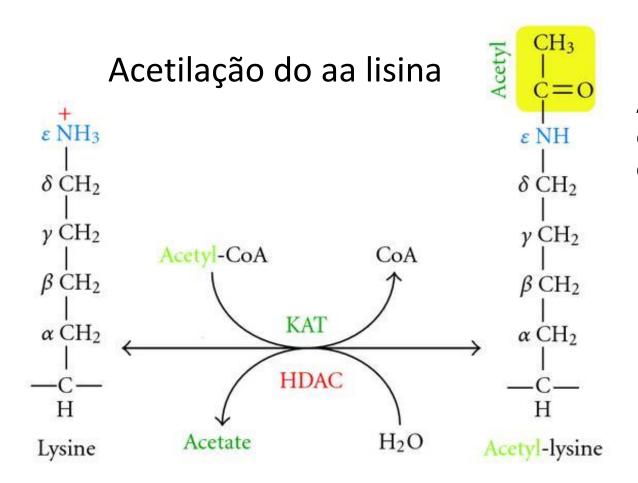


- > Regulação da cromatina
- a) Transcricional Modificação e remodelamento da cromatina

✓ Modificação da cromatina – enzimas alteram a estrutura química dos aminoácidos nas caudas das historias ou nos nucleotídeos do DNA para afetar o recrutamento da maquinaria transcricional

✓ Remodelamento da cromatina – enzimas reposicionam os octâmeros de historias ao longo do DNA

✓ Modificação da cromatina – enzimas alteram a estrutura química dos aminoácidos nas caudas das historias ou nos nucleotídeos do DNA para afetar o recrutamento da maquinaria transcricional



A acetilação da lisina neutraliza sua carga positiva e diminui a afinidade da lisina pela cadeia fosfato com carga negativa do DNA;

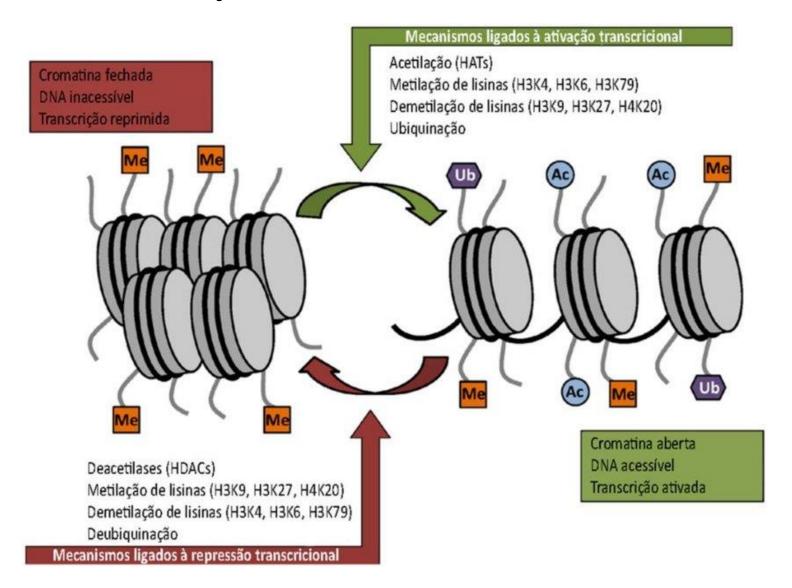


Reduz a compactação da cromatina

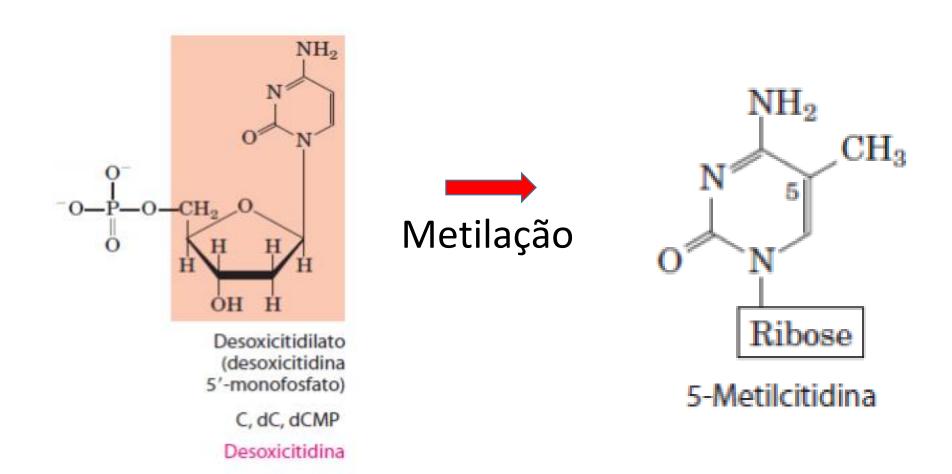
KAT - HISTONA ACETIL-TRANSFERASES

HDAC - HISTONA DESACETILASE

a) Transcricional - Modificação e remodelamento da cromatina

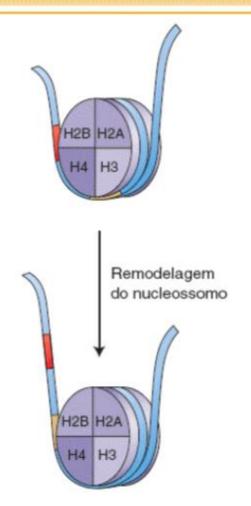


✓ Modificação da cromatina – enzimas alteram a estrutura química dos aminoácidos nas caudas das historias ou nos nucleotídeos do DNA para afetar o recrutamento da maquinaria transcricional



✓ Remodelamento da cromatina – enzimas reposicionam os octâmeros de historias ao longo do DNA

A remodelagem da cromatina expõe as sequências reguladoras



Octâmero de histonas desliza em resposta à atividade de remodelagem da cromatina, neste caso expondo o DNA marcado em *vermelho*.

> Herança epigenética

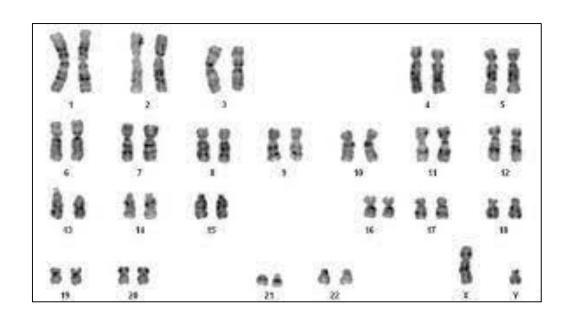
✓ São informações armazenadas na estrutura da cromatina herdadas por meio de divisões celulares.

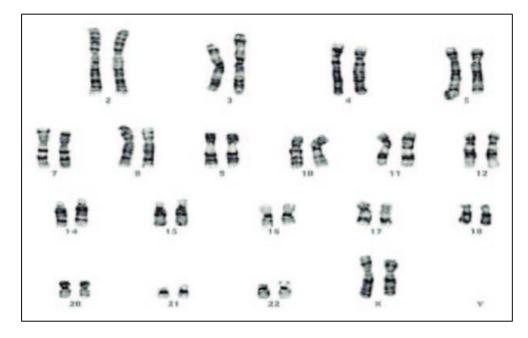
Epigenética - do grego, "epi", que significa sobre ou por cima da genética

Afeta as características das células filhas sem alterar a sequência do DNA

✓ Inativação do cromossomo X

Compensação de doses em animais





Sexo feminino \rightarrow XX; sexo masculino \rightarrow XY, isso cria um desequilíbrio em potencial transcricional dos genes no cromossomo X.

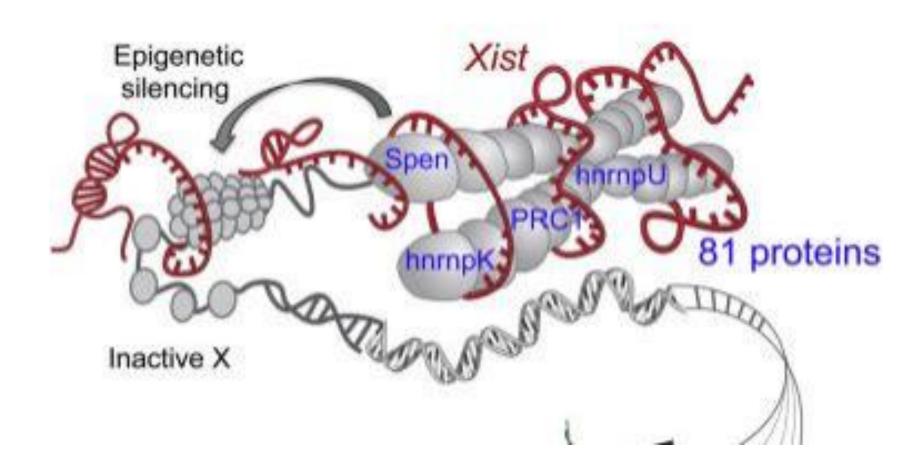
✓ Inativação do cromossomo X

Compreende no silenciamento transcricional de um dos cromossomos X nas mulheres

O cromossomo X inativado é chamado de corpúsculo de Barr

Em células humanas, a escolha de inativar o cromossomo X materno ou paterno é aleatória.

✓ Inativação do cromossomo X – RNA não codificador *Xist*







A Six Months Exercise Intervention Influences the Genome-wide DNA Methylation Pattern in Human Adipose Tissue

Tina Rönn¹*, Petr Volkov¹, Cajsa Davegårdh¹, Tasnim Dayeh¹, Elin Hall¹, Anders H. Olsson¹, Emma Nilsson¹, Åsa Tornberg², Marloes Dekker Nitert³, Karl-Fredrik Eriksson⁴, Helena A. Jones⁵, Leif Groop⁶, Charlotte Ling¹*

1 Department of Clinical Sciences, Epigenetics and Diabetes, Lund University Diabetes Centre, CRC, Malmö, Sweden, 2 Department of Health Sciences, Division of Physiotherapy, Lund University, Lund, Sweden, 3 School of Medicine, Royal Brisbane Clinical School, The University of Queensland, Herston, Queensland, Australia, 4 Department of Clinical Sciences, Vascular Diseases, Lund University, Malmö, Sweden, 5 Department of Experimental Medical Science, Division of Diabetes, Metabolism and Endocrinology, Lund University, BMC C11, Lund, Sweden, 6 Department of Clinical Sciences, Diabetes and Endocrinology, Lund University Diabetes Centre, CRC, Malmö, Sweden

Quando 23 indivíduos previamente sedentários completaram um protocolo de exercícios de 6 meses, foram encontradas alterações na metilação do DNA, um tipo de alteração epigenética, em 7.663 genes diferentes



Mudanças nos músculos: aumento de transportadores de glicose, aumento da quebra de gordura, aumento do armazenamento da glicose nos músculos.

Alcohol 60 (2017) 53-66



Contents lists available at ScienceDirect

Alcohol

journal homepage: http://www.alcoholjournal.org/



Alcohol effects on the epigenome in the germline: Role in the inheritance of alcohol-related pathology



Lucy G. Chastain, Dipak K. Sarkar*

The Endocrine Program, Department of Animal Sciences, Rutgers, The State University of New Jersey, 67 Poultry Lane, New Brunswick, NJ 08901, USA

Mudanças no epigenoma das células somáticas do cérebro → importante fator no desenvolvimento de patologias relacionadas ao álcool;

Alcohol 60 (2017) 53-66



Contents lists available at ScienceDirect

Alcohol

journal homepage: http://www.alcoholjournal.org/



Alcohol effects on the epigenome in the germline: Role in the inheritance of alcohol-related pathology



Lucy G. Chastain, Dipak K. Sarkar*

The Endocrine Program, Department of Animal Sciences, Rutgers, The State University of New Jersey, 67 Poultry Lane, New Brunswick, NJ 08901, USA

Exposição ao álcool induz alterações no epigenoma dos espermatozoides de animais machos expostos, e essas epimutações são herdadas na prole

- > Herança epigenética exemplo
- Fatores epigenéticos são também responsáveis pela transmissão de patologias relacionadas com o álcool através das gerações.

