#### PROJETO DE TCC

| Título:                 |                                             |
|-------------------------|---------------------------------------------|
| Aluno:                  | Josué Crispim Vitorino                      |
| Professora Orientadora: | Maria Angélica de Oliveira Camargo Brunetto |

# Sumário

| 1                          | RESUMO                             | p. 3 |
|----------------------------|------------------------------------|------|
| 2                          | FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICO-METODOLÓGICA | p. 4 |
| 3                          | JUSTIFICATIVA CIRCUNSTANCIADA      | p. 6 |
| Referências Bibliográficas |                                    | p. 7 |

#### 1 RESUMO

Nos últimos anos, alguns fatores de transcrição que regulam a expressão de vários genes relacionados com o estresse foram descobertos. Esses fatores de transcrição são subdivididos em várias classes como a DREB, que está relacionada com a seca e a desidratação da planta. O entendimento dos DREBs é importante para o desenvolvimento de plantas com tolerância a estresses abióticos como a seca, alta salinidade e baixa temperatura. Esse projeto apresenta abordagens computacionais que serão desenvolvidas no empenho de encontrar os elementos cis na soja, que são ativados pelos fatores de transcrição pertencentes à classe DREB.

# 2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICO-METODOLÓGICA

O primeiro passo na expressão de um gene é a transcrição. No processo de transcrição muitos fatores internos ou externos, na célula, podem influenciar induzindo ou reprimindo a expressão dos diversos genes codificados no genoma do organismo. Fatores externos desafiantes, como estresses bióticos e abióticos, até mecanismos moleculares intrínsecos podem desencadear, direta ou indiretamente, a ativação da expressão gênica espaço-temporal.

Um dos importantes elementos envolvidos na transcrição de um gene são os elementos cis, que geralmente são pequenos segmentos de DNA (5 a 20 nucleotídeos) encontrados na região promotora, que fica upstream do sitio de inicio da transcrição dos genes que regulam. Devido ao seu pequeno tamanho, a identificação de um elemento cis em um gene é uma tarefa difícil. A Figura 1 mostra a região promotora de um gene com sítios de ligação de fatores de transcrição, destacados em roxo, upstream do sitio de início da transcrição.

Na região promotora, determinadas proteínas, conhecidas como fatores de transcrição, reconhecem e ligam-se aos elementos cis, formando um complexo que interfere: no posicionamento correto da RNA-polimerase II no promotor, na separação das fitas de DNA para permitir o início da transcrição, e liberam a RNA-polimerase II do promotor quando a transcrição se inicia.

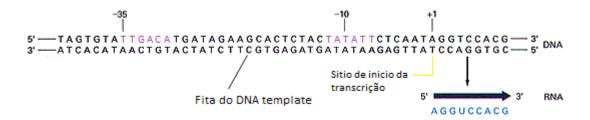


Figura 1. Região promotora, com dois elementos regulatórios.

Existem fatores de transcrição que estão relacionados, a resposta da célula a estresses

abióticos, como a seca, alta salinização e baixas temperaturas. Esses fatores de transcrição se ligam aos elementos cis que através da transcrição ira desencadear uma serie de eventos que resultara na proteção da célula e sua tolerância a estresses. Na Arabdopsis, uma planta modelo amplamente utilizada em pesquisas de genética molecular nas plantas, existem vários fatores de transcrição relacionados a fatores abióticos, eles são agrupados em classes (ou famílias), um dos principais são os fatores de transcrição pertencentes a classe DREB que por sua vez pertence a família Ethylene Responsive Element (ERF), uma importante família de fatores de transcrição de respostas a estresses. O DREB é subdividido em duas subclasses: DREB1/CBF e DREB2 que são induzidas pelo frio e desidratação, respectivamente [Agarwal et al. 2006] . O entendimento dos DREBs na regulação de um gene é de grande importância para o desenvolvimento de plantas tolerantes a estresses.

## 3 JUSTIFICATIVA CIRCUNSTANCIADA

A região promotora e seus elementos cis, presentes na estrutura de cada gene, são fundamentais para o processo de transcrição de um gene. Por isso, entre outros aspectos, o conhecimento dos elementos cis e dos fatores de transcrição é essencial para o entendimento da regulação de um determinado gene [Wang, Haberer e Mayer 2009] e um passo fundamental na construção da rede de regulação de um gene. Esse conhecimento é fundamental para interpretar e modelar as respostas de uma célula a diversos estímulos [Wasserman e Sandelin 2004].

A identificação experimental de elementos cis é cara, demorada e difícil. Isso faz dos métodos computacionais as ferramentas ideais para predizer elementos cis, antecipando os estudos experimentais de regulação da expressão gênica.

### Referências Bibliográficas

[Agarwal et al. 2006] AGARWAL, P. K. et al. Role of dreb transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants. *Plant Cell*, v. 25, p. 1263–1274, 2006.

[Wang, Haberer e Mayer 2009]WANG, X.; HABERER, G.; MAYER, K. Discovery of ciselements between sorghum and rice using co-expression and evolutionary conservation. *BMC Genomics*, v. 10, p. 1471–2164, 2009.

[Wasserman e Sandelin 2004]WASSERMAN, W. W.; SANDELIN, A. Applied bioinformatics for the identification of regulatory elements. *Natural Reviews Genetics*, v. 5, p. 276–287, 2004.