

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E

MELHORAMENTO DE PLANTAS

**TITULO**

Renato Gonçalves de Oliveira

Orientadora: Profa. Dra. Marcela Pedroso Mendes Resende

Co-orientadores: xxxxxxxxxxxx

xxxxxxxxxxxx

Revisão bibliográfica apresentada à Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como parte integrante da disciplina Seminários III.

Goiânia

2021

SUMÁRIO

[1 QUESTÃO 01 3](#_Toc71922807)

[1.1 Importância evolutiva das mutações; 3](#_Toc71922808)

[1.2 Mutação somática e germinativa 4](#_Toc71922809)

[1.3 Mutação espontânea e induzida; 4](#_Toc71922810)

[2 QUESTÃO 02 4](#_Toc71922811)

[2.1 Região promotora 4](#_Toc71922812)

[2.2 Fator de transcrição; 5](#_Toc71922813)

[3 QUESTÃO 03 5](#_Toc71922814)

[3.1 Unidade de transcrição; 5](#_Toc71922815)

[3.2 Sequência ou região promotora; 6](#_Toc71922816)

[3.3 Controle da iniciação da transcrição de diferentes genes pela RNA polimerase. 6](#_Toc71922817)

# QUESTÃO 01

Com relação às mutações que ocorrem no DNA, descreva sobre:

## Importância evolutiva das mutações;

Dois processos importantes são responsáveis pela variação genética: mutação e recombinação. A mutação é uma mudança na sequência de DNA de um gene. A mutação é especialmente significativa porque é fonte primária da mudança evolutiva; novos alelos surgem em todos os organismos, alguns espontaneamente e outros resultantes de exposição à radiação ou substâncias químicas no ambiente. Os novos alelos produzidos por mutação tornam-se a matéria-prima para um segundo nível de variação, efetuado por recombinação. Como o nome sugere, a recombinação é o resultado de processos celulares que fazem com que alelos de genes diferentes se tornem agrupados em novas combinações. Para usar uma analogia, a mutação ocasionalmente produz uma nova carta de baralho, mas é a recombinação que as embaralha e distribui de maneiras diferentes. Essas novas combinações geram alternativas que, em ambientes onde haja pressão de seleção, podem favorecer uma determinada que concentre os alelos favoráveis aos fatores de seleção. Essa variabilidade gerada pelas mutações possibilita a seleção de indivíduos/populações mais adaptados às condições de seleção. Caso ocorra um diferencial reprodutivo dos indivíduos favorecidos por esses alelos essa característica será transferida e predominará nessa população ao longo do tempo. Assim, a partir das opções geradas pelas mutações pode-se chegar a populações mais adaptadas às condições de seleção.



Figura 1. Exemplo de figura de molécula de DNA.

## Mutação somática e germinativa

A mutação somática ocorre durante a replicação do DNA que precede uma divisão mitótica. Todas as células descendentes são afetadas, mas podem localizar-se apenas numa pequena parte do corpo. Esse tipo de mutação pode causar cancros. Não são transmitidas à descendência.

A mutação nas células germinativas ocorre durante a replicação do DNA que precede a meiose. A mutação afeta os gametas e todas as células que deles descendem, após a fecundação é transmitida à descendência.

## Mutação espontânea e induzida;

As mutações espontâneas são aquelas que ocorrem ao acaso, sem uma causa definida, que ocorrem sem uma causa aparente. As mutações induzidas são aquelas que aparecem em decorrência da utilização de agentes mutagênicos. Hoje em dia sabemos que determinadas substâncias químicas e outros fatores físicos podem induzir mutações. Assim, se um cientista necessita estudar uma mutação determinada, não precisa esperar que o acaso crie essa mutação; ele se utiliza dos agentes mutagênicos para aumentar a probabilidade de ocorrer a mutação desejada.

# QUESTÃO 02

Com relação à transcrição do DNA, defina:

## Região promotora

A síntese de RNA começa em regiões do DNA chamadas de promotoras, sequências específicas reconhecidas pela subunidade σ da RNA polimerase, que direcionam a transcrição de genes. Essas sequências podem ser bastante variáveis, porém, mantêm conservadas regiões responsáveis pela função promotora. Em procariotos, duas dessas regiões, também conhecidas como sequências de consenso, estão presentes a cerca de 10 e 35 pares de bases acima do ponto de início da transcrição. São elas: 5’ TATATT 3’ e 5' TTGACA 3’, respectivamente. Nos eucariotos a principal região promotora é conhecida como TATA box. Em geral, promotores que possuem sequências iguais ou muito próximas às de consenso são promotores fortes, que causam um frequente início de transcrição. Já, promotores com várias substituições nessas regiões são promotores fracos, que têm a velocidade de iniciação da transcrição várias vezes diminuída.

## Fator de transcrição;

Para que a RNA polimerase consiga encontrar o ponto de início da transcrição ela necessita de proteínas conhecidas como Fatores de Transcrição. Essas proteínas são responsáveis por se ligar a sequências específicas de DNA (promotores) que caracterizem o local de início da transcrição e recrutar a RNA polimerase a esses sítios. Em eucariotos o fator que reconhece primeiramente o local de início é o TFIID (Transcription Factor IID), que se liga ao TATA box através de sua subunidade TBP. O TFIID recruta então o TFIIA, seguido pelo TFIIB. Então, a RNA polimerase ligada ao TFIIF e TFIIE junta-se ao TFIIH e aos outros fatores, formando o complexo de transcrição.

Para que a transcrição realmente se inicie é necessário que haja o reconhecimento do TATA box por uma proteína específica, conhecida como TBP – TATA Binding Protein. Essa enzima faz parte do fator de transcrição TFIID e tem uma alta afinidade pela sequência consenso desse elemento. Suas unidades C-terminais são altamente conservadas nos eucariotos.

A principal enzima para o início da transcrição nos procariotos é a TBP. Sua estrutura em forma de sela permite a ligação de diversos outros fatores de transcrição. Deve-se notar, entretanto, que existe também um grande número de outras enzimas estimuladoras da transcrição que permitem que diferentes sequências possam funcionar como promotores desse processo.

# QUESTÃO 03

Com relação à transcrição, descreva sobre:

## Unidade de transcrição;

A síntese de RNA é catalisada pela enzima RNA polimerase. A transcrição é iniciada quando a RNA polimerase se liga a região do promotor, no início do gene. O promotor compreende as adjacências do primeiro par de bases que é transcrito em RNA, o ponto de iniciação. A partir desse ponto a RNA polimerase move-se ao longo do molde, sintetizando RNA, até alcançar uma sequência terminadora. Essa atividade define uma unidade de transcrição que se estende do promotor ao terminador. A característica crítica da unidade de transcrição é que esta constitui um segmento de DNA expresso pela produção de uma molécula única de RNA. Uma unidade de transcrição pode incluir mais de um gene.

## Sequência ou região promotora;

Por ser uma sequência de DNA cuja função é ser reconhecida por proteínas, um promotor difere de sequências cujo papel é serem transcritas ou traduzidas. A informação para a função promotora é fornecida diretamente pela sequência de DNA: sua estrutura é o sinal. Um promotor poderia ser delineado como uma sequência particular de DNA que é reconhecida pela RNA polimerase. Uma característica significante dos promotores de cada enzima é o fato destes apresentarem o mesmo tamanho e localização em relação ao ponto de iniciação, além de possuírem sequências conservadas somente ao redor dos centros usuais -35 e -10.

## Controle da iniciação da transcrição de diferentes genes pela RNA polimerase.

O controle da iniciação da transcrição é feito pela substituição de fatores sigma. A divisão do trabalho entre uma enzima cerne que realiza a elongação e um fator sigma envolvido na seleção de sítios imediatamente levanta a questão da existência de mais de um tipo de fator sigma, cada um específico para uma classe diferente de promotores. Ou seja, o fator sigma associado RNA polimerase faz com que esta reconheça uma determinada sequência promotora, quando a sequência sigma é substituída o complexo RNA polimerase + sequência sigma passa a reconhecer outra sequência promotora. Cada fator sigma leva a RNA polimerase a iniciar em um conjunto particular de promotores. A análise das sequências desses promotores permite mostrar que cada conjunto é identificado por elementos de sequência únicos. De fato, a sequência de cada tipo de promotor garante que que este será reconhecido somente pela RNA polimerase dirigida pelo fator sigma apropriado.

# REFERÊNCIAS