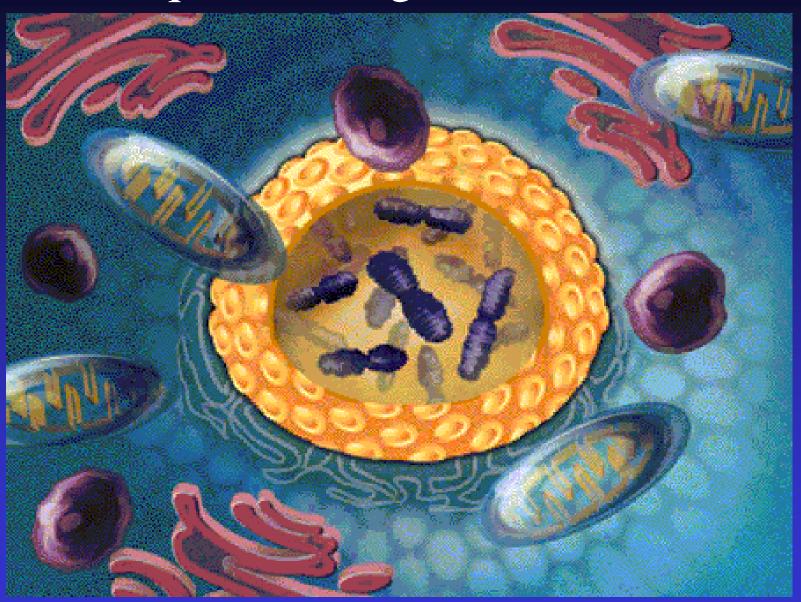
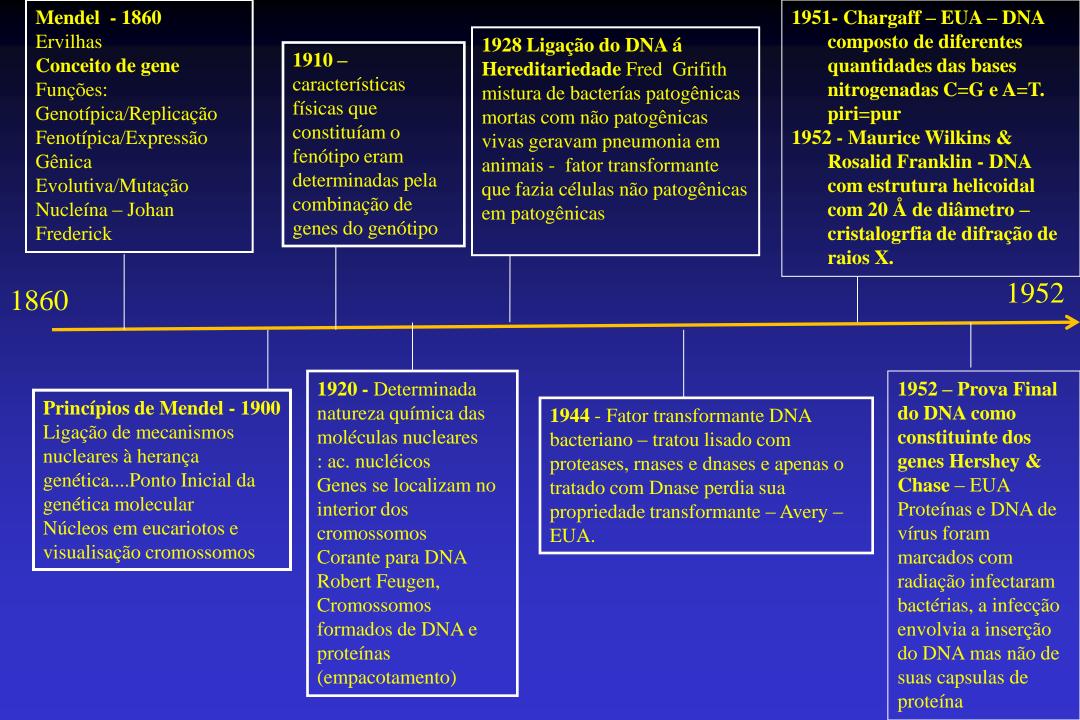
O Exercício Físico no contexto da Biologia Molecular

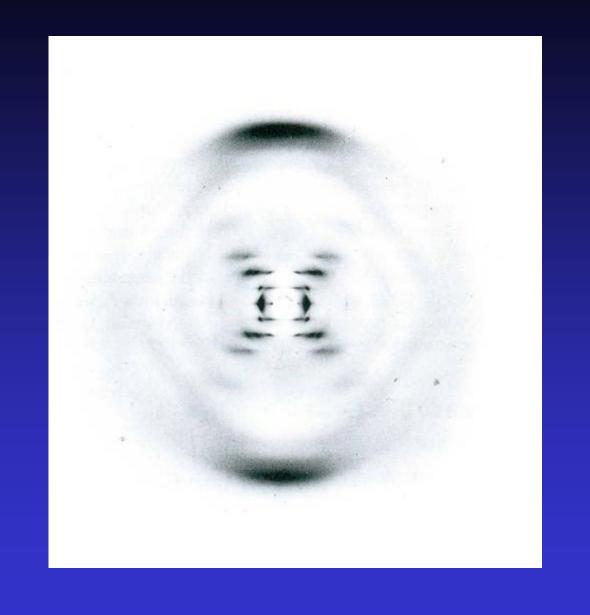
Edilamar Menezes de Oliveira Ursula Paula Renó Soci Cleber Rene Alves Rafael Gimenes

Laboratório de Bioquímica da EEFE/USP

O que é Biologia Molecular?

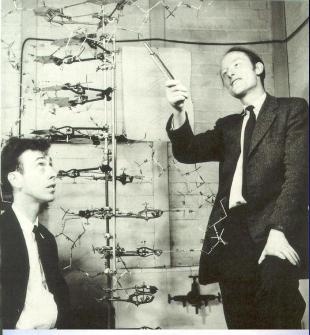






1953 - Dupla Hélice — Watson & Krick - A complementariedade dos dois filamentos - adenina em um filamento faz pontes de hidrogenio com timina no outro filamento e guanina em um filamento faz pontes de hidrogenio com citosina no outro filamento - sugeriu claramente um mecanisme pelo qual o material genetico podia ser duplicado e transferido de celulas parentais para células filhas. Prêmio nobel de medicina





No. 4356 April 25, 1953

NUCLEIC ACIDS

NATURE

MOLECULAR STRUCTURE OF

The structure is an open one, and its wases content is rather high. All lower water contents we would expect the bases to till so that the structure could repeat the bases to till so that the structure could repeat the property of the pro A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable

equipment, and to Dr. G. E. R. Deacon and the captain and officers of R.R.S. Discovery II for their part in making the observations, Phil. May. 6.1. 11.

Young, F. B. Gersei, H. and Jevon, W. Fall, May. 6.1. 11.

Longon-Hights, M. S. Mar. Not. Rep. Astr. Sec. Geologies, 1987.

E. B. 1893.

Woods Hole Papers in Phys. Oceacu, Meiser, 11

"Blunc, V. W., Arkis, Mat. Astra. Ppiil. (Stockholes), 2 (11) (1986)

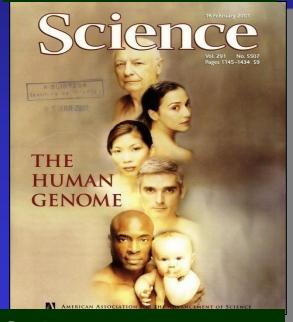
Blunc, V. W., Arkis, Mat. Astra. Ppiil. (Stockholes), 2 (11) (1986)

~ 1/2 SÉCULO





Nature, 15 / 02 /2001



Science, 16 / 02 /2001



Nature, 25 / 04 / 1953

- O termo biologia molecular foi proposto por Warren Weaver, da Fundação Rockefeller, em um artigo na revista *Science*, *de 1938*, *propondo a compreesão dos* fenômenos biológicos pelo conhecimento das estruturas das moléculas e das interações e alterações destas.

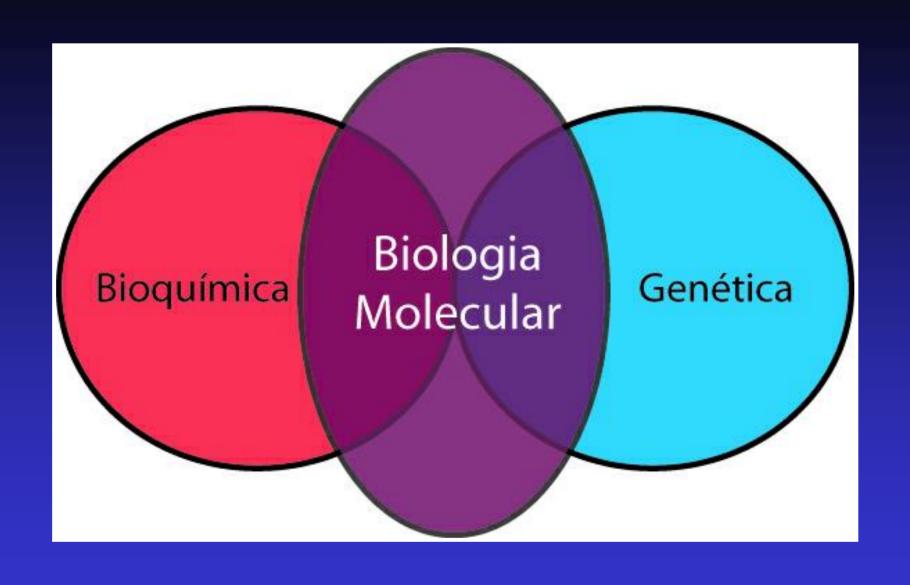
- Gradualmente foi sendo utilizado para designar mais especificamente as pesquisas relacionadas aos genes, mas apenas em 1953 é que se percebeu de forma dramática esta correlação estrutura-função, com a proposição da dupla hélice.

(WEAWER, 1970; NOUVEL, 2001; MENEGHINI, 2003)

Biologia Molecular

• É o estudo da Biologia com foco no estudo da estrutura e função do material genético e seus produtos de expressão, as proteínas

• Investiga as interações entre os diversos sistemas celulares, incluindo a relação entre DNA, RNA e síntese protéica.



Dogma central da Biologia Molecular

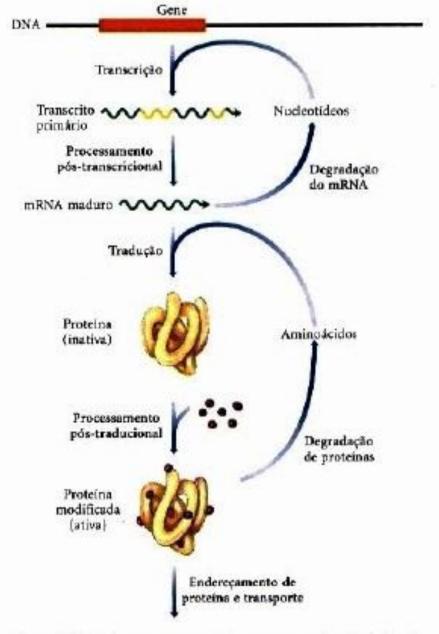
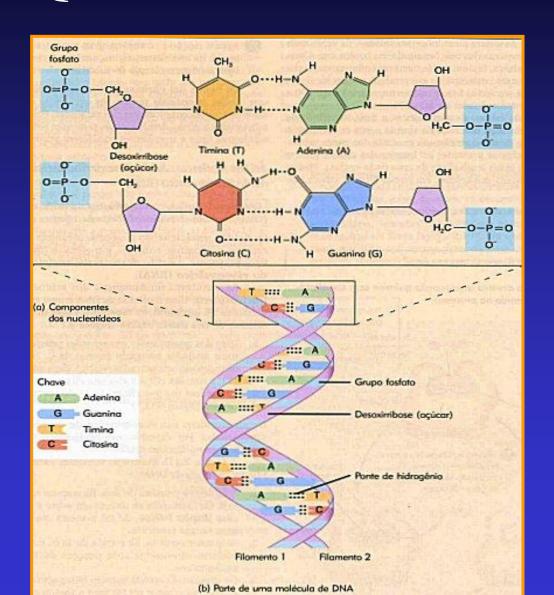


Figura 28-1 – Sete processos que afetam a concentração estacionária de uma proteína. Cada processo possul vários pontos de regulação potencial.

Moléculas de Informação

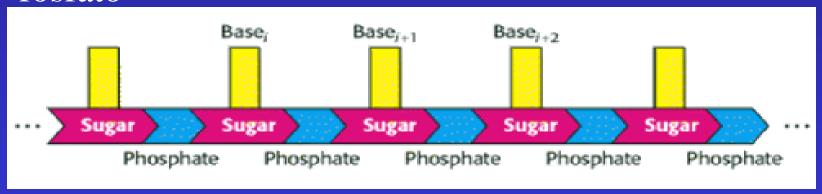


Estrutura Química dos Ácidos Nucléicos



Ácidos Nucleicos

- DNA e RNA
 - Portadores de informação genética
 - Polímeros lineares feitos de unidades monoméricas (nucleotídeos) compostas de: uma ose, uma base e um fosfato



Estrutura

Nucleosídeo →
 Uma base ligada
 a uma ose

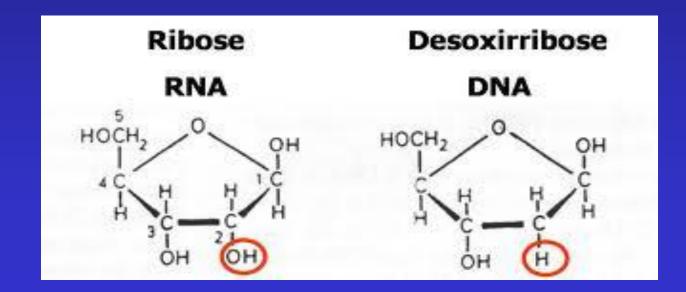


• Nucleotídeo

Um nucleosídeo unido a um ou mais grupamentos fosfato por uma ligação éster

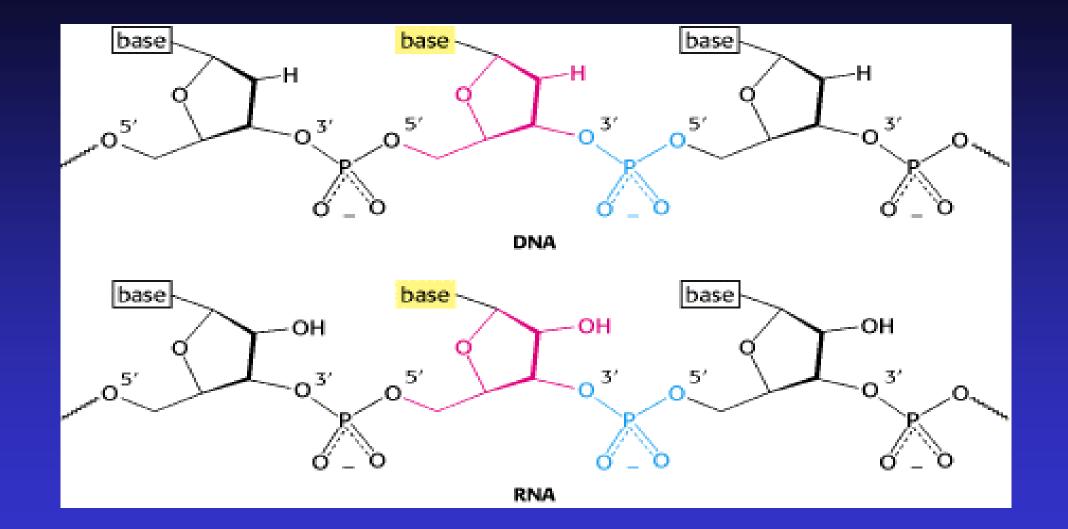
Diferença entre RNA e DNA

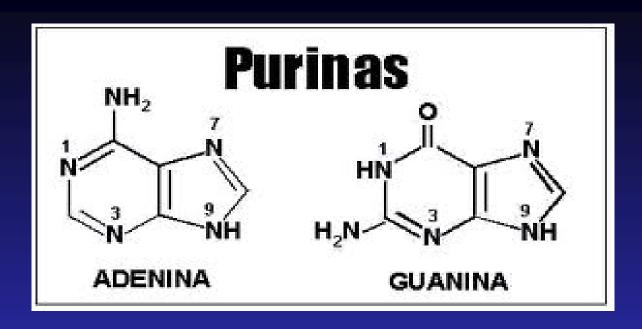
- Diferem no componente ose
 - Ose do DNA → Desoxirribose → O carbono 2' da ose não tem o oxigênio que está ligado ao carbono 2' da ribose
 - Ose do RNA → Ribose



• Diferem em uma das bases

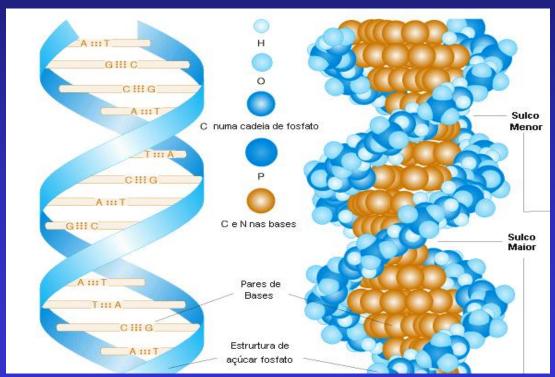
- As oses são ligadas umas às outras por pontes fosfodiéster
- A cadeia de oses ligadas é chamada de arcabouço, ou espinha dorsal do ácido nucleico
- O arcabouço é constante no DNA e RNA, mas as bases variam de um monômero para o seguinte
- Duas das bases são derivadas da purina: Adenina e Guanina
- Duas da pirimidina: Citosina e Timina ou Uracila
 só no DNA só no RNA



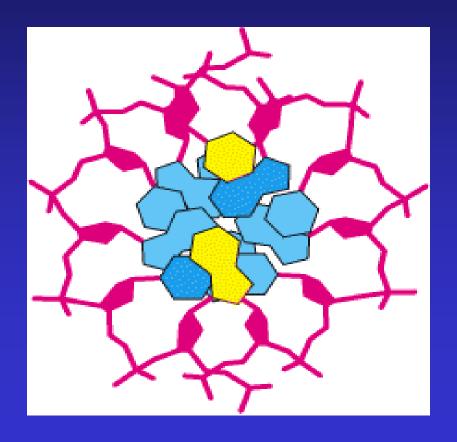


Dupla Hélice

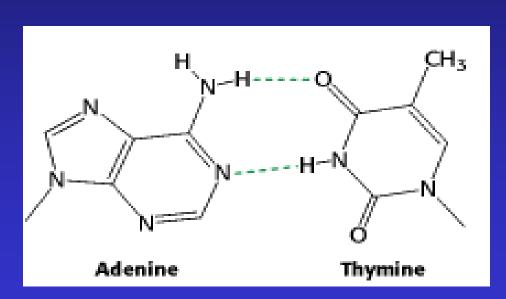
- Um par de cadeias de ácidos nucleicos com sequências complementares pode formar uma estrutura em dupla hélice
 - Duas cadeias polinucleotídicas helicoidais estão enroladas em torno de um eixo comum

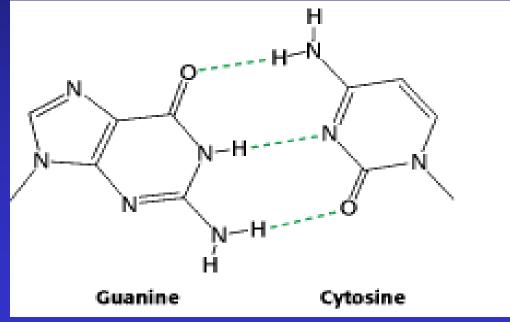


• As bases purínicas e pirimidínicas estão do lado de dentro da hélice, enquanto os arcabouços ose-fosfato estão do lado de fora



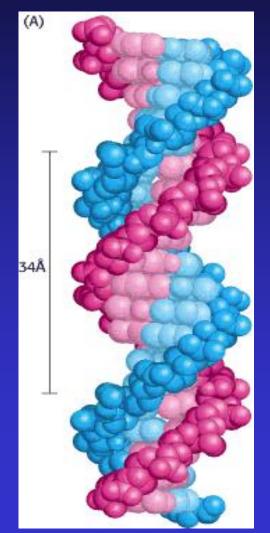
- As duas cadeias são mantidas juntas por pontes de hidrogênio entre os pares de bases.
- A Adenina está sempre pareada com a Timina; A Guanina está sempre pareada com a Citosina





• O aspecto mais importante da dupla hélice de DNA é a especificidade do pareamento das bases.

A adenina deve se parear
com a timina e a guanina com
a citosina, devido a fatores
estéricos e de pontes de hidrogênio



Fatores Estéricos

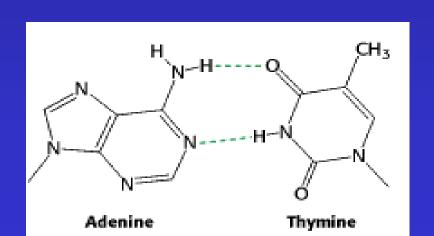
- A restrição estérica é imposta pela natureza helicoidal do arcabouço ose-fosfato
 - Ligações glicosídicas que estão associadas a um par de bases estão sempre separadas em 10,8Å
 - Um par de bases purina-pirimidina se ajusta perfeitamente nesse espaço
 - Duas purinas: falta espaço
 - Duas pirimidinas: sobra espaço, impossibilitando a formação de pontes de hidrogênio

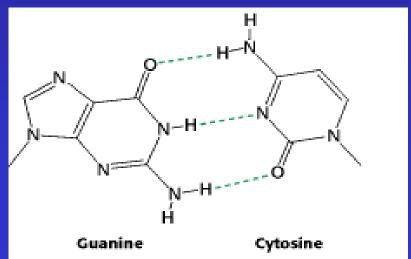
Fatores das Pontes de Hidrogênio

- O pareamento de bases é ainda mais restrito pelas exigências das pontes de hidrogênio.
 - Os átomos de hidrogênio nas bases purínicas e pirimidínicas têm posições bem definidas
 - A adenina não pode se parear com a citosina: haveria
 2 hidrogênios próximos em uma das posições de ponte, e nenhum na outra
 - Mesmo caso para a guanina e timina

Fatores das Pontes de Hidrogênio

- Entretanto, a adenina forma 2 pontes de hidrogênio com a timina e a guanina forma 3 pontes com a citosina
- As orientações e distâncias dessas pontes são ideais para se obter uma forte atração entre as bases





Conceitos básicos de genética e biologia molecular

Genética: Conceitos Básicos

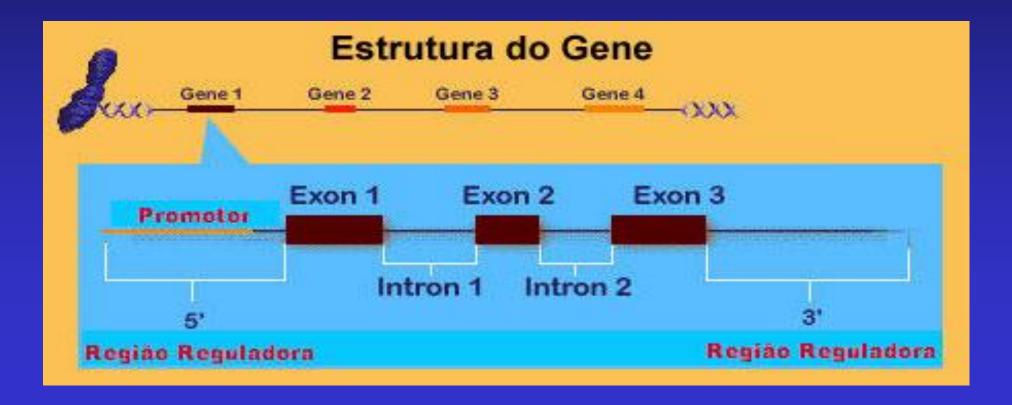
• Genótipo: combinação total dos milhares de genes do corpo. Determinam o potencial genético de cada pessoa.

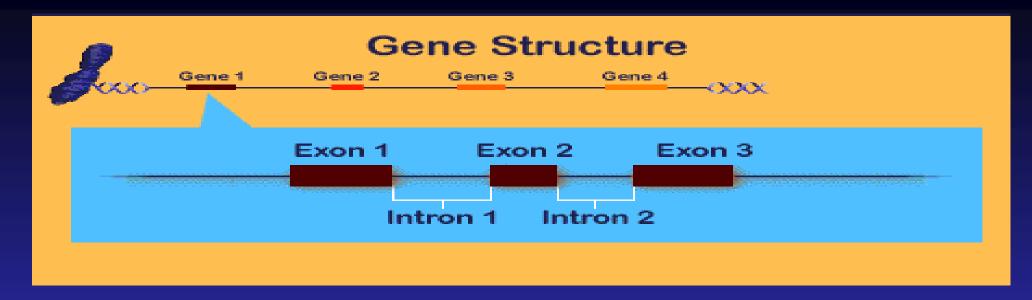
• Fenótipo: é qualquer característica detectável de um <u>organismo</u> (i.e. estrutural, bioquímica, fisiológica e comportamental) determinada pela interação entre o seu <u>genótipo</u> e o meio.

genótipo + ambiente → fenótipo

Genética: Conceitos Básicos

• Gene: é a unidade fundamental da <u>hereditariedade</u>. Cada gene é formado por uma sequência específica de <u>ácidos nucléicos</u> (DNA) que pode codifica r uma cadeia polipeptídica.





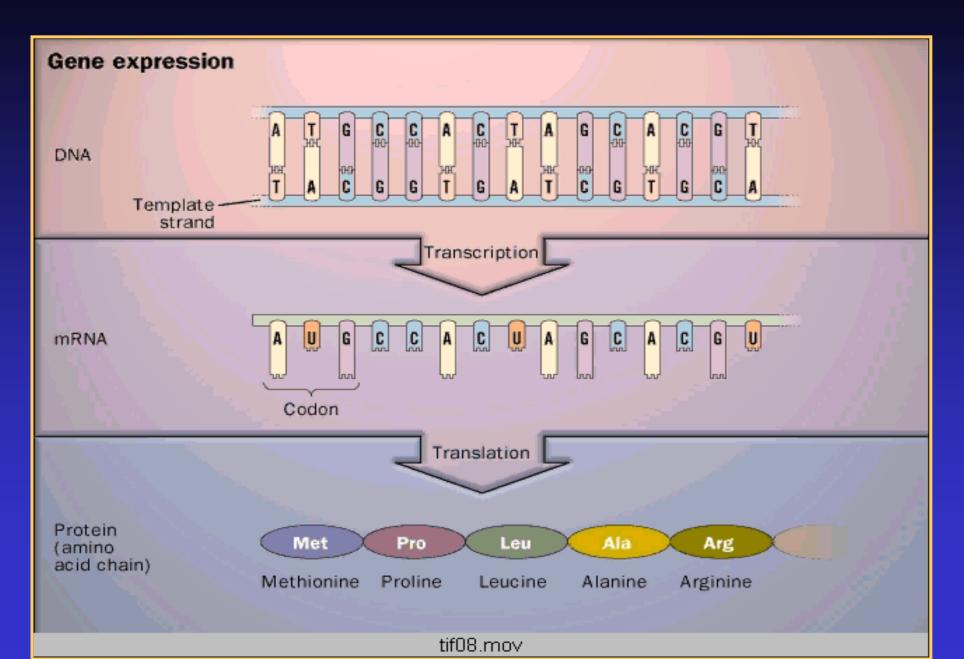
ÍNTRON (retirado)

Região não codificante de um gene eucarioto que é transcrito na molécula de RNA, mas é removido no processamento ou "splicing" quando o mRNA é editado ou sofre maturação.

ÉXON (não retirado)

Região codificante de um gene eucarioto que é transcrito na molécula de RNA, mas não removido no processamento ou "splicing" quando o mRNA é editado ou sofre maturação – codifica a sequência de aa da cadeia a ser traduzida.

Dogma da Biologia Molecular



Transcrição

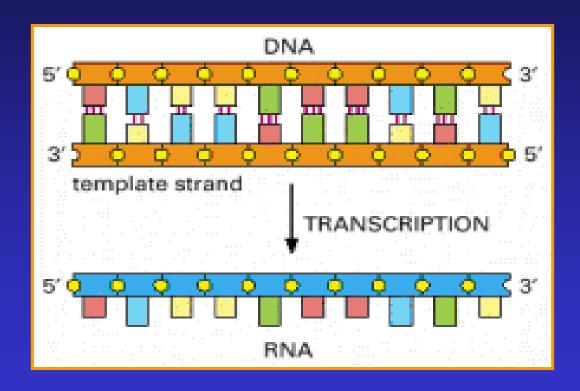
É a produção, a partir de uma molécula de DNA, de um segmento fita única de RNA com uma sequência de bases complementar a uma das fitas do DNA.

Genética: Conceitos Básicos

• RNA (ácido ribonucléico): é um polímero de <u>nucleotídeos</u>, geralmente em cadeia simples. O RNA é constituído por uma <u>pentose</u> (<u>Ribose</u>), por um grupo <u>fosfato</u> e uma base nitrogenada que pode ser <u>adenina</u> (A), <u>guanina</u> (G), <u>citosina</u> (C) e <u>uracila</u> (U).

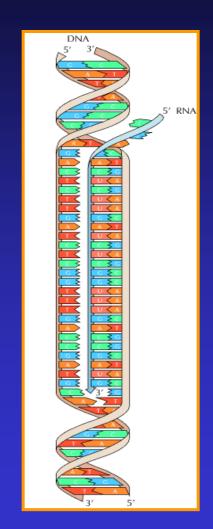
- •DNA
- •RNAPolimerase
- Nucleotídeos

A transcrição produz um RNA complementar a uma das fitas do DNA



Transcrição

- ✓ Qdo uma proteína em particular é necessária, a seqüência nucleotídica será inicialmente copiada em RNA
- ✓ Cópias do RNA serão-molde para conduzir a síntese protéica
- ✓ Catalizada pela RNA polimerase II

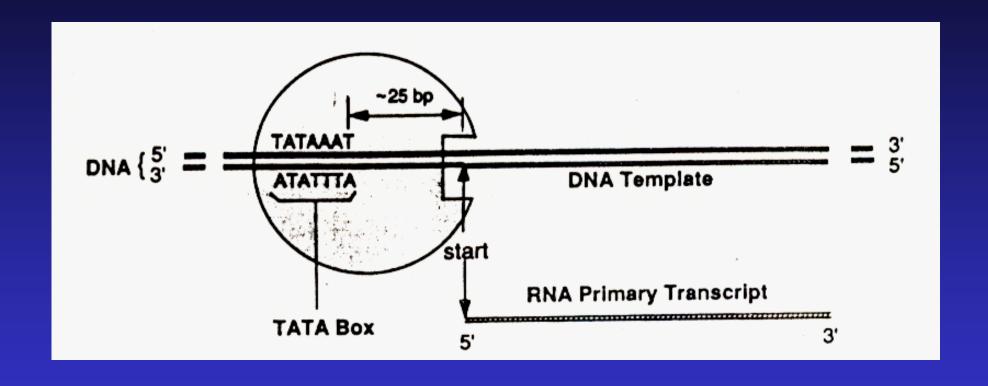


RNA Polimerase II

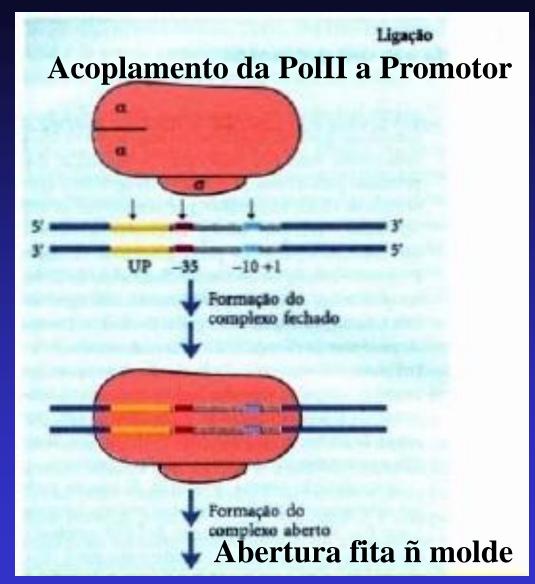
- Polimerase II
- Fita não molde do DNA perde seu formato helicoidal e se desenrola
- Ribonucleotídeos A,
 G, U e C e Mg2+ como cofator
- Subunidade sigma

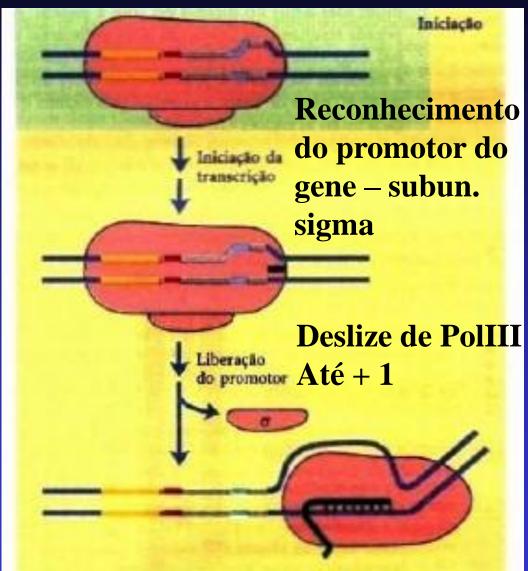


Figura 26-4 – A estrutura da RNA polimerase da £. coli e suas funções na transcrição. A polimerase possui seis subunidades. As subunidades α (duas cópias), β , β ' e α possuem pesos moleculares de 36.500, 151.000, 155.000 e 11.000, respectivamente. A subunidade α não è requerida para a atividade α vitro, e sua função não è conhecida. A subunidade α funciona apenas no reconhecimento do promotor e não está presente durante a fase de alongamento da transcrição. Os vários tipos de subunidades α reconhecem seqüências reguladoras diferentes. O principal tipo è o α^{70} , refletindo seu Δ , de 70.000. Acredita-se que o sitio ativo para a sintese do RNA seja formado pelas subunidades β e β '.



Iniciação da Transcrição





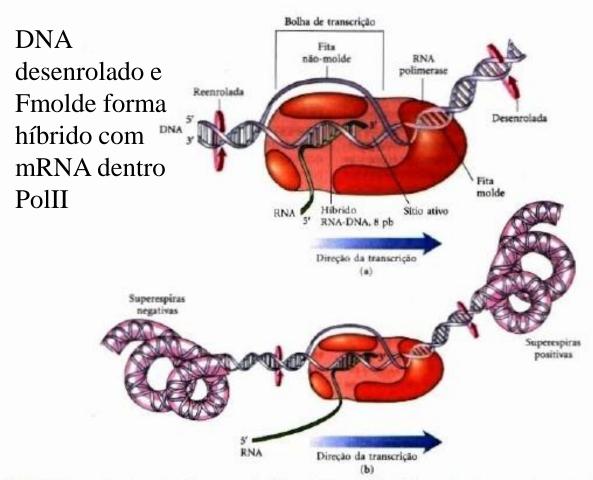
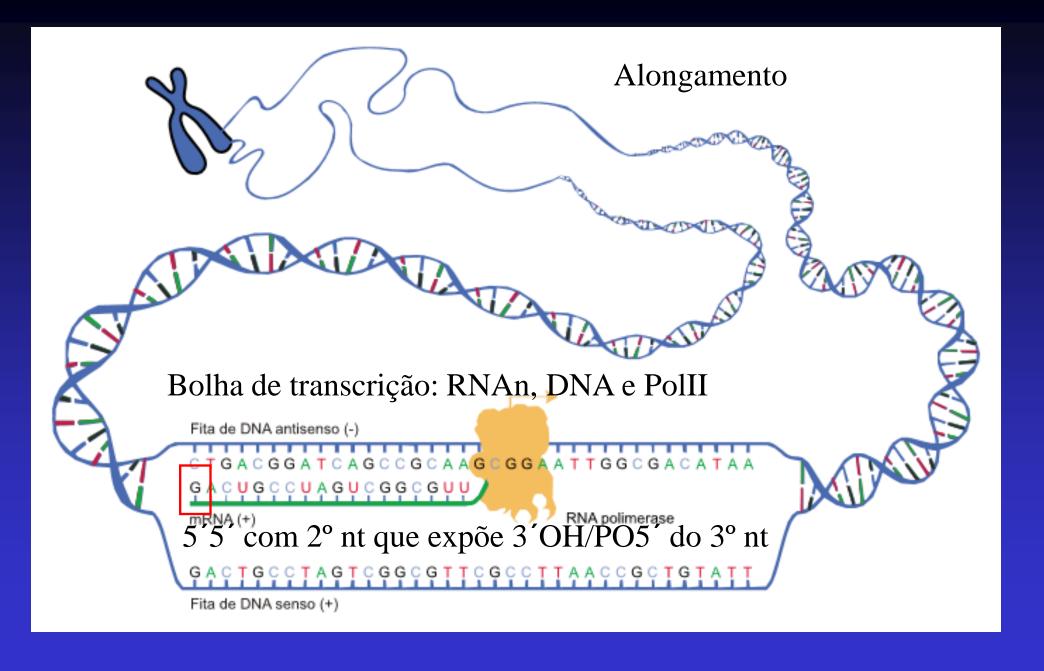
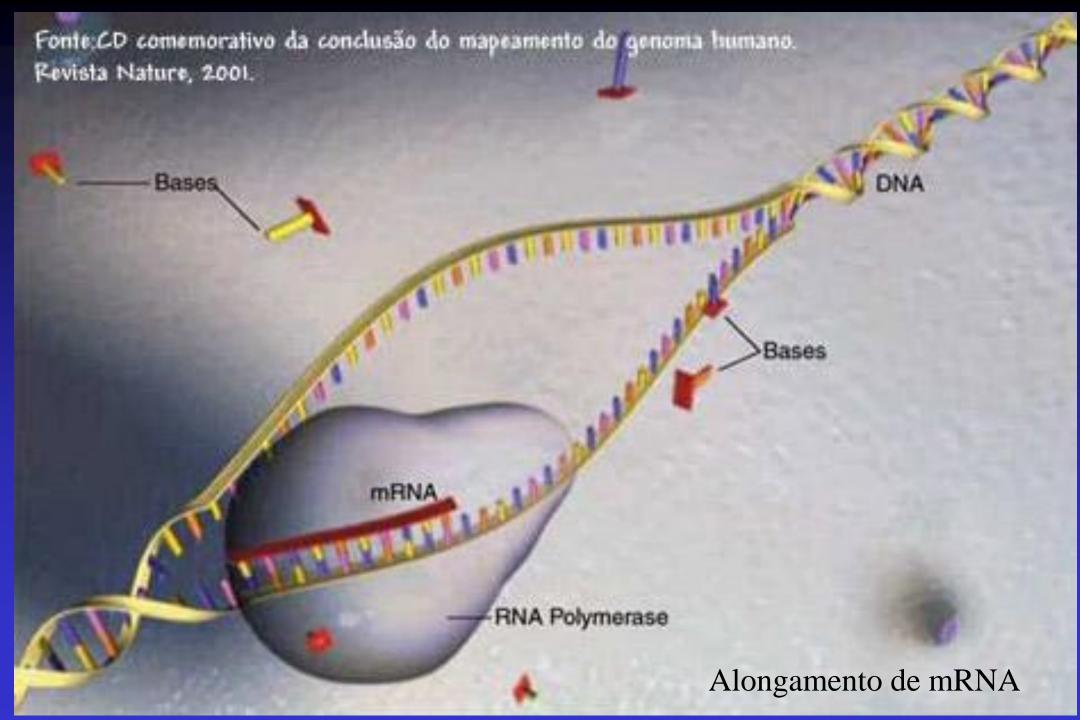


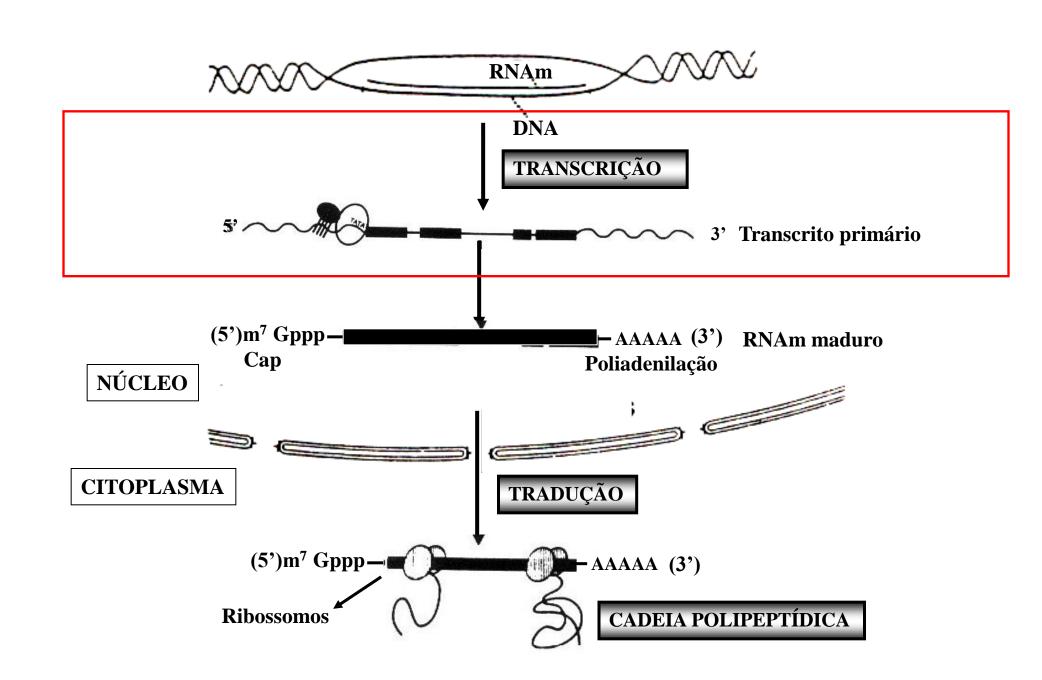
Figura 26-1 – Transcrição pela RNA polimerase na E. coli. Para sintetizar uma fita de RNA complementar a uma das duas fitas de DNA em uma dupla hélice, o DNA é transitoriamente desenrolado. (a) Cerca de 17 pares de bases são desenrolados em um determinado momento. A bolha de transcrição se move da esquerda para a direita, como mostrado, mantendo passo com a sintese do RNA. O DNA é desenrolado na frente e reenrolado atrãs, à medida que o RNA é transcrito. As setas vermelhas indicam a direção na qual o DNA e o híbrido curto RNA-DNA devem rodar para permitir esse processo. A medida que o DNA é desenrolado o híbrido RNA-DNA é deslocado e a fita de RNA é expelida. A RNA polimerase está em íntimo contato com o DNA à frente da bolha de transcrição, bem como com as fitas de DNA separadas e o RNA dentro e imediatamente atrãs da bolha. A pegada da polimerase abarca cerca de 35 pares de bases do DNA durante o alongamento. (b) Superespiralamento do DNA provocado pela transcrição. Superespiras positivas formam-se na frente da bolha de transcrição e superespiras negativas formam-se atrãs.

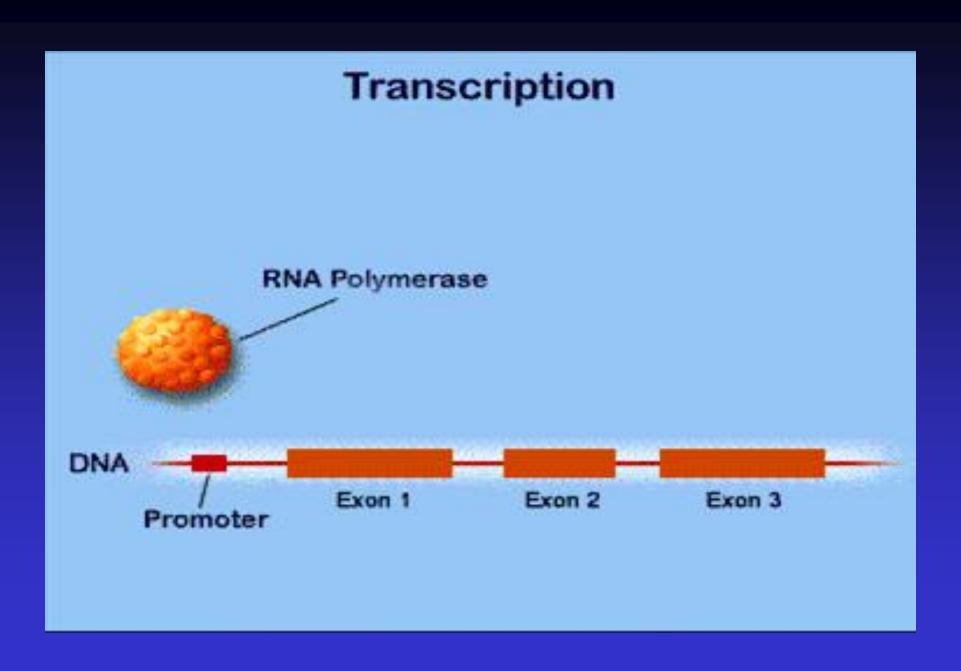
RNA Polimerases
em Eucariotos
I – RNA pré
ribossômico
II – mRNAs e
especiais
III- tRNA, rRNA 5S
e especiais

Regiões promotoras/enhancers Fatores de crescimento (diferença)





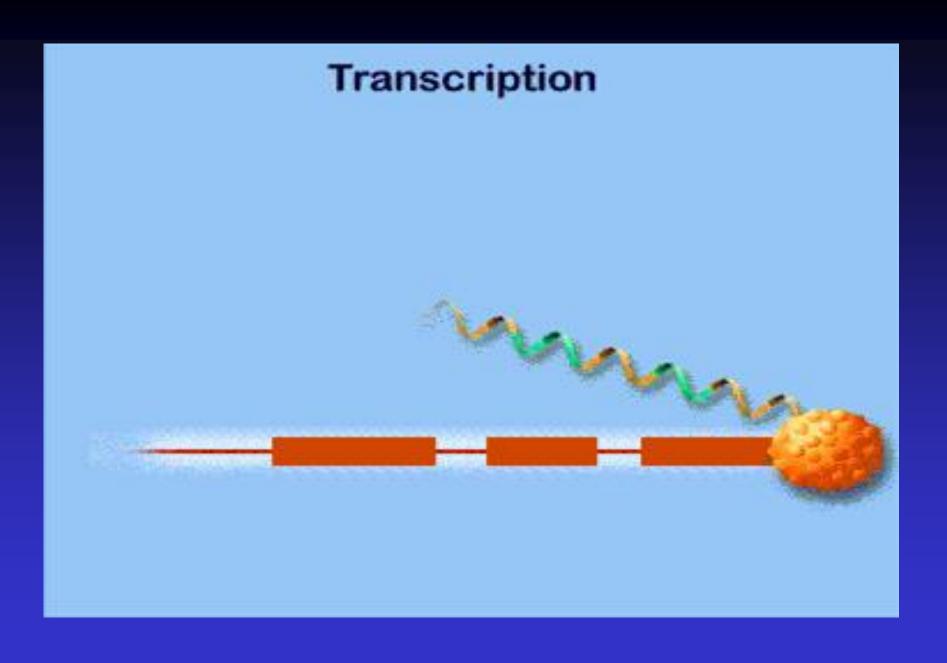




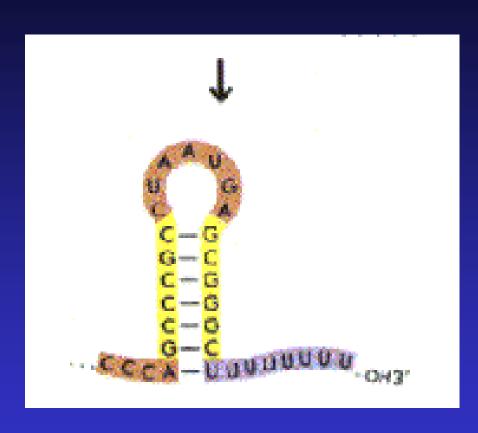
Transcription







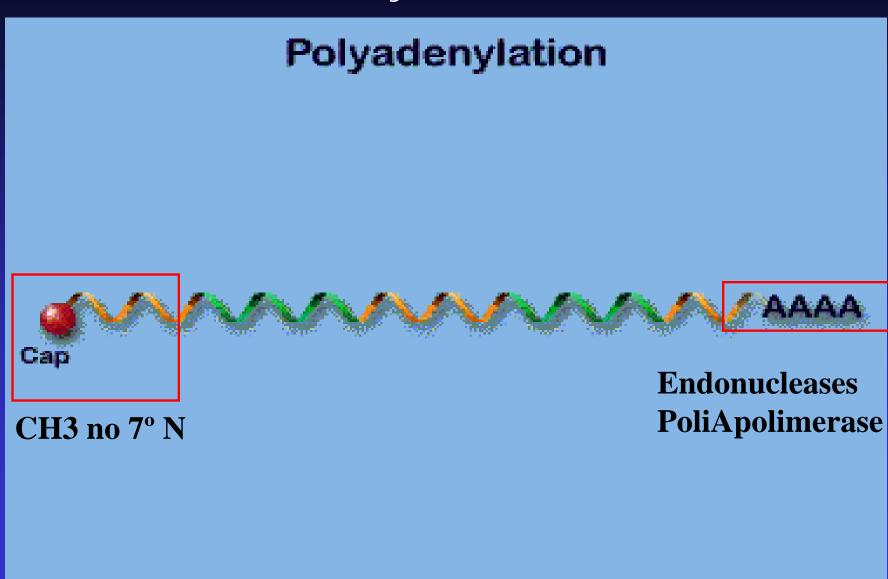
Fim da Transcrição



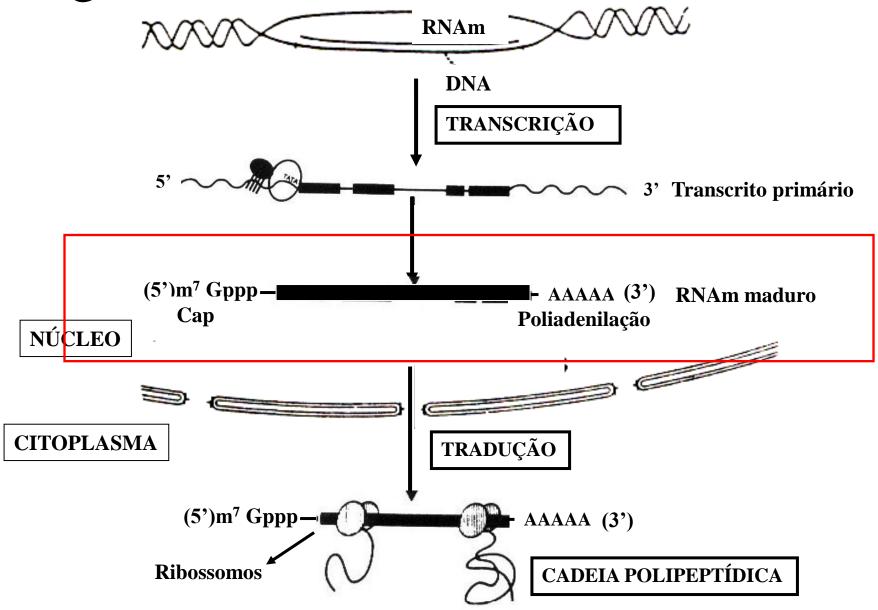
Sinal

- -Rho rompe hélice híbrida entre mRNA e DNA
- Ligações fosfodiester cessam
- Hibrido DNA/RNA se separa
- Re-enovelamento DNA
- Liberação Polimerase II

Maturação do mRNA



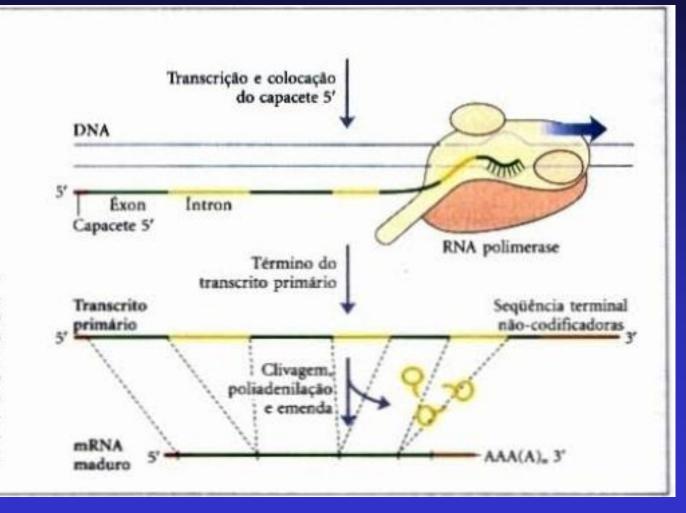
Splicing - núcleo

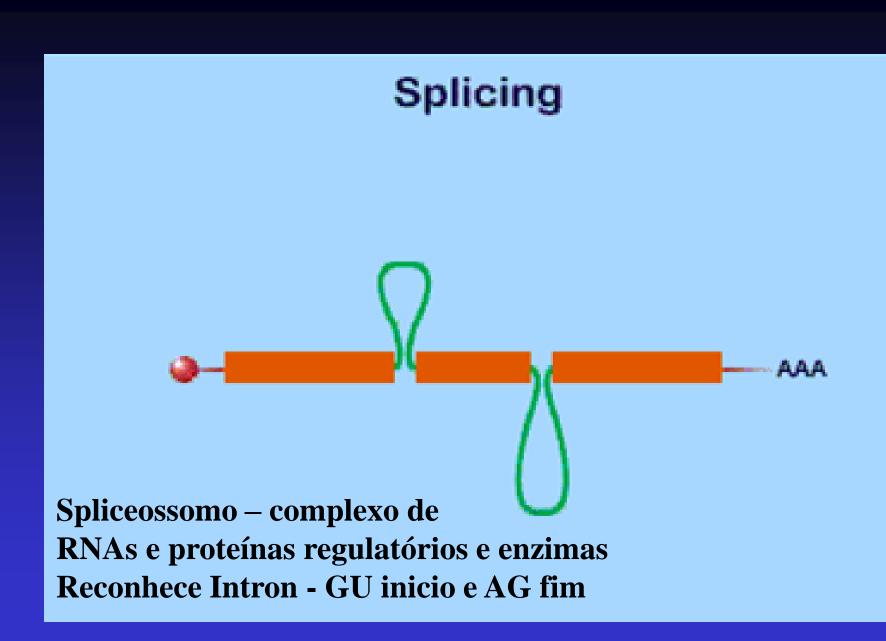


Processamento do RNA - Splicing

Retirada Introns Emenda dos Exons Spliceossomo - Núcleo

Figura 26-11 – Formação do transcrito primário e seu processamento durante a maturação do mRNA em uma célula eucariótica. O capacete 5' (em vermelho) é adicionado antes que a síntese do transcrito primário esteja completa. Uma seqüência não-codificadora, que se segue ao último éxon, é mostrada em laranja. A emenda pode ocorrer antes ou depois das etapas de clivagem e poliadenilação. Todos os processos representados aqui estão localizados dentro do núcleo.



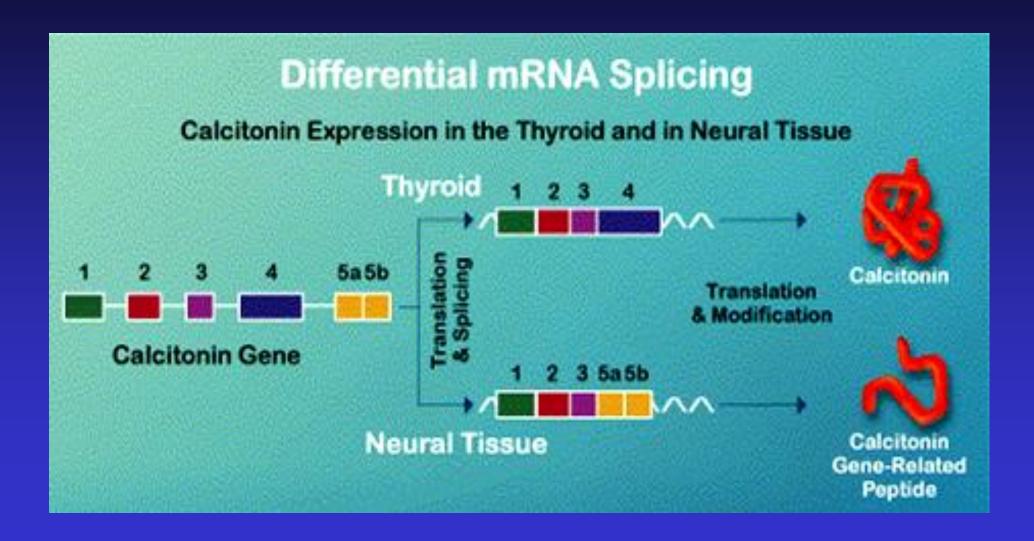


Splicing ----AAA

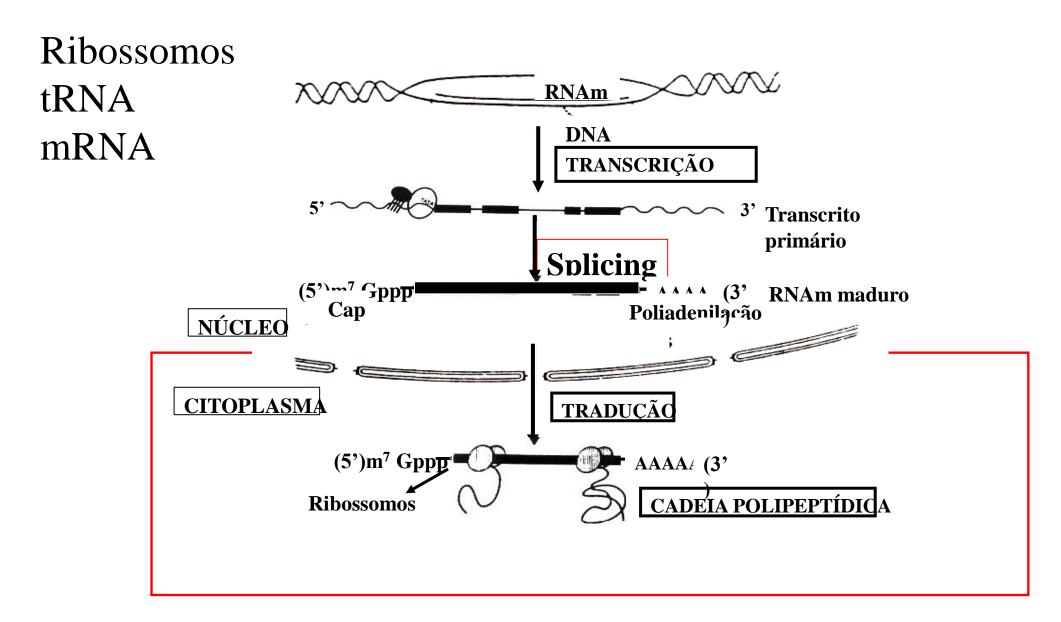
Splicing ----AAA

Splicing ---- AAA

Splicing alternativo - mRNA = Isoformas



Tradução – Síntese Protéica

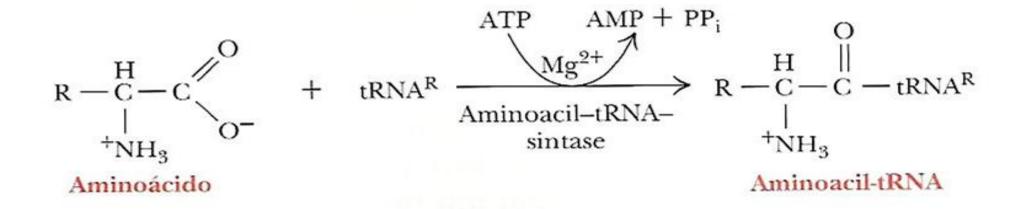


Tradução

mRNA e tRNA – ordem dos aa na cadeia nascente

Ribossomo – estrutura onde ocorre a síntese

Ativação dos aa - Reação da aminoacil-tRNA-sintase

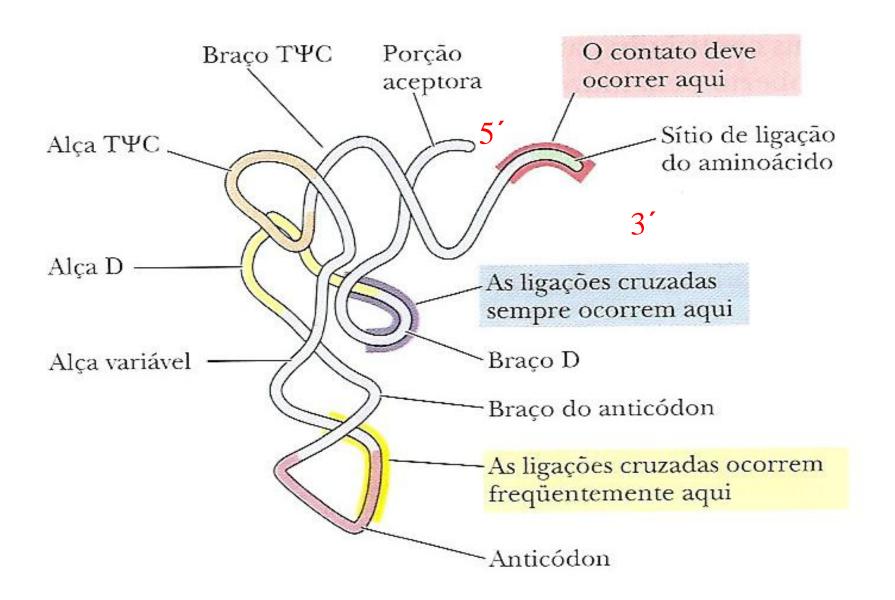


(a)
$$R - C - C \qquad + \quad tRNA^{R} \xrightarrow{ATP} \xrightarrow{AMP + PP_{i}} \qquad O \qquad H \qquad H \qquad \parallel R - C - C - tRNA^{R}$$

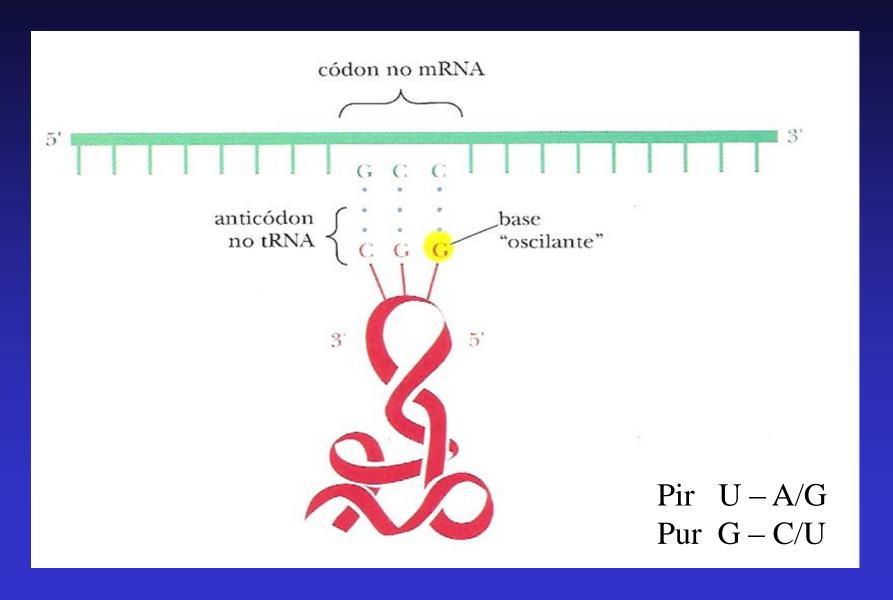
$$\xrightarrow{+NH_{3}} \qquad Aminoácido \qquad Aminoácido \qquad 2-Aminoacil-tRNA$$

(b)

1 - Aminoacil-adenilato ligado à enzima



Tradução – Síntese Protéica

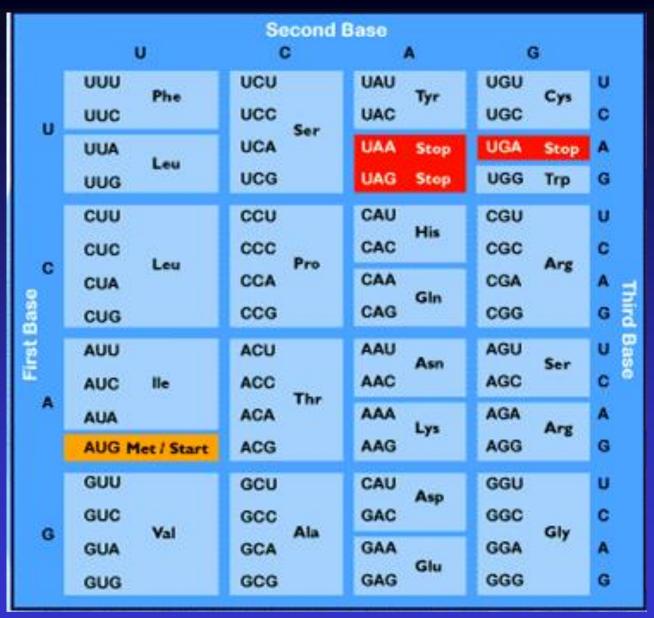


O código genético é degenerado

4³= 64 combinações

20 aminoácidos

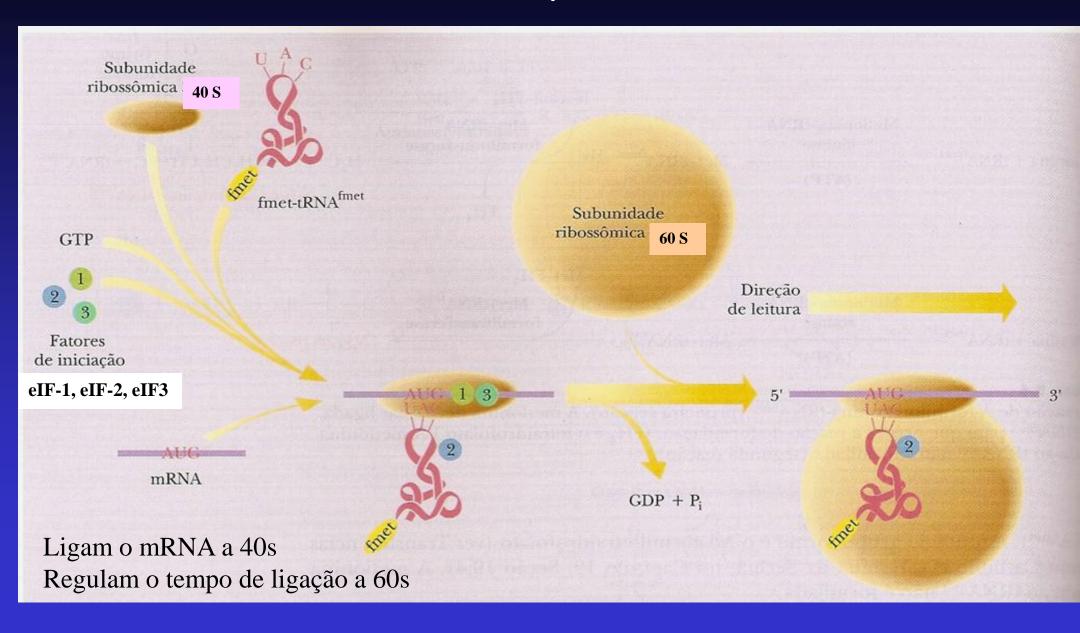
A	R	D	N	C	E	Ω.				L				P		Т		Υ	v	
Ala	<u> </u>	Asp	1000	Cys	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				: "					777	Ser			Tyr		stop
GCG	CGG	GAC	AAC	UGC		CAA	GGG	CAC	AUC		AAA	AUG	UUC	CCG	UCU	ACG	UGG	UAC	GUG	UAG
GCC	CGC						GGC		AUA	CUC				CCC	UCC	ACC			GUC	UAA
GCA	CGA						GGA			CUA				CCA	UCA	ACA			GUA	
	AGA									UUA					AGC					



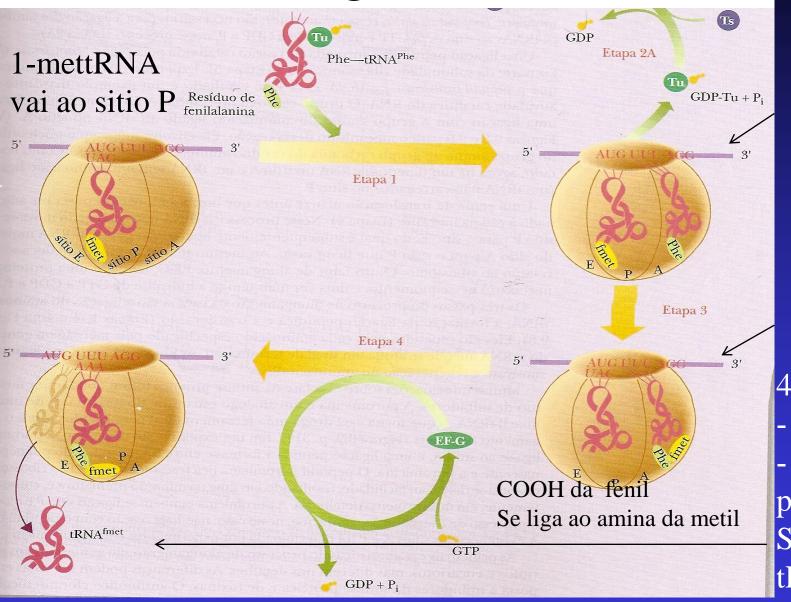
20 aminoácidos e códons possíveis: 61 codificantes e 3 de terminação

DNA – deslizes em zonas de repetição dentro do gene, pulam base ao replicar e aí formam mRNA na transcrição que forma um stop codon, indevido parando a sintese daquele mRNA

Formação de um complexo de iniciação



Alongamento



2- No sitio A se liga o 2° aaciltRNA

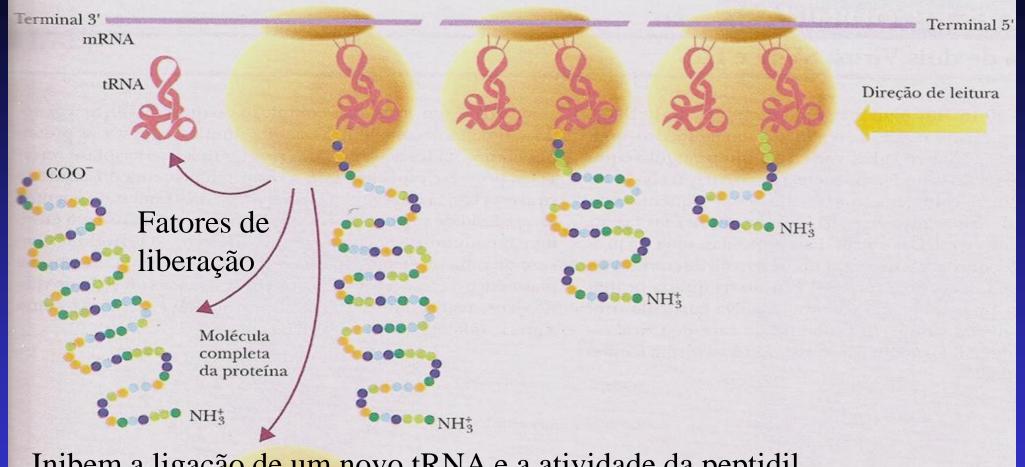
3- 1ª ligação peptídica é formada sit A – peptidiltransferase (baixo p/ cima)

- 4 -Translocação
- tRNAvazio vai p/ E
- 2° aaciltRNA vai

p/sitio P

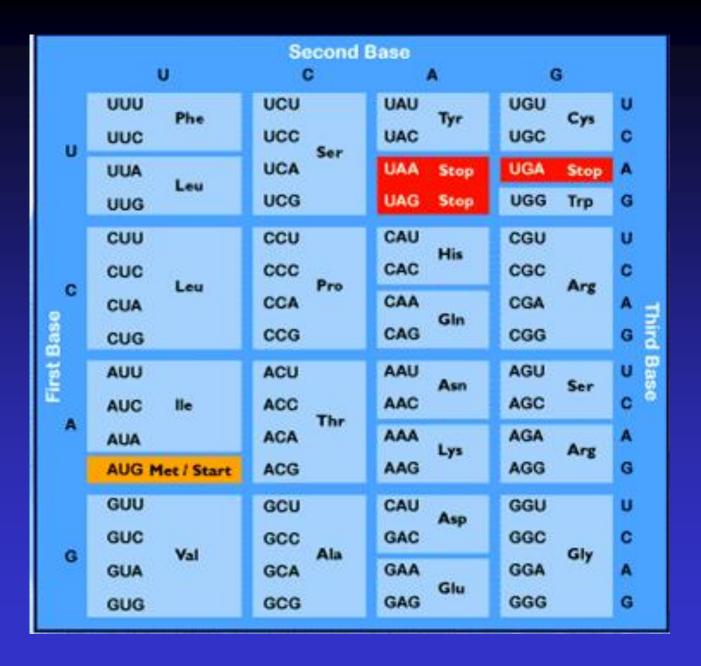
Síto A recebe um novo tRNAaaacil

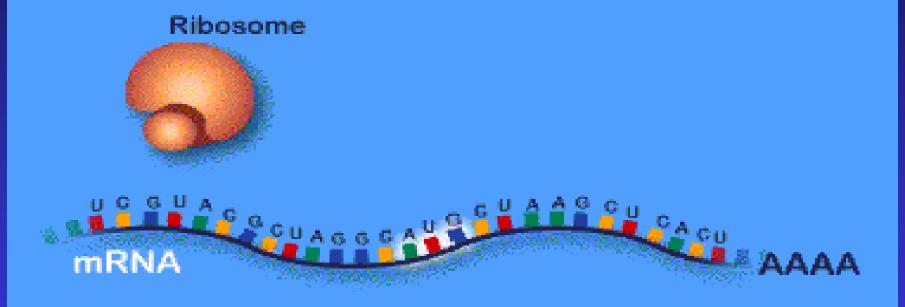
Síntese de proteína



Inibem a ligação de um novo tRNA e a atividade da peptidil

Subunidade ribossômica liberada









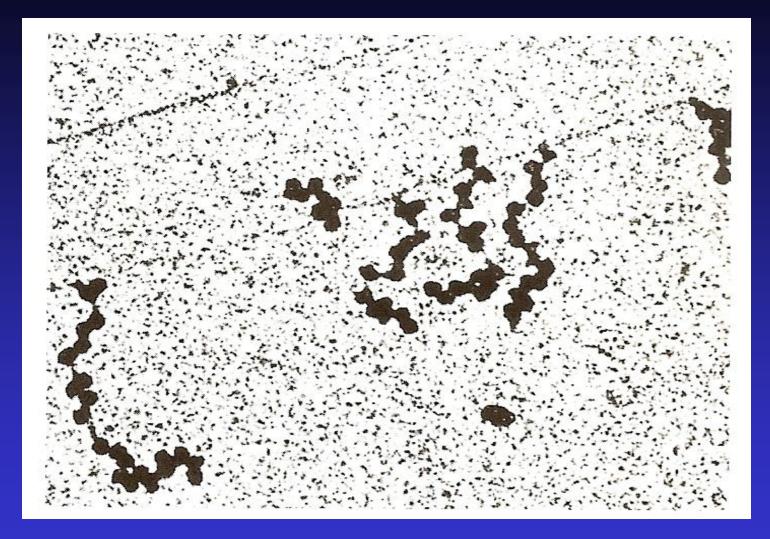
Protein



Ribosome

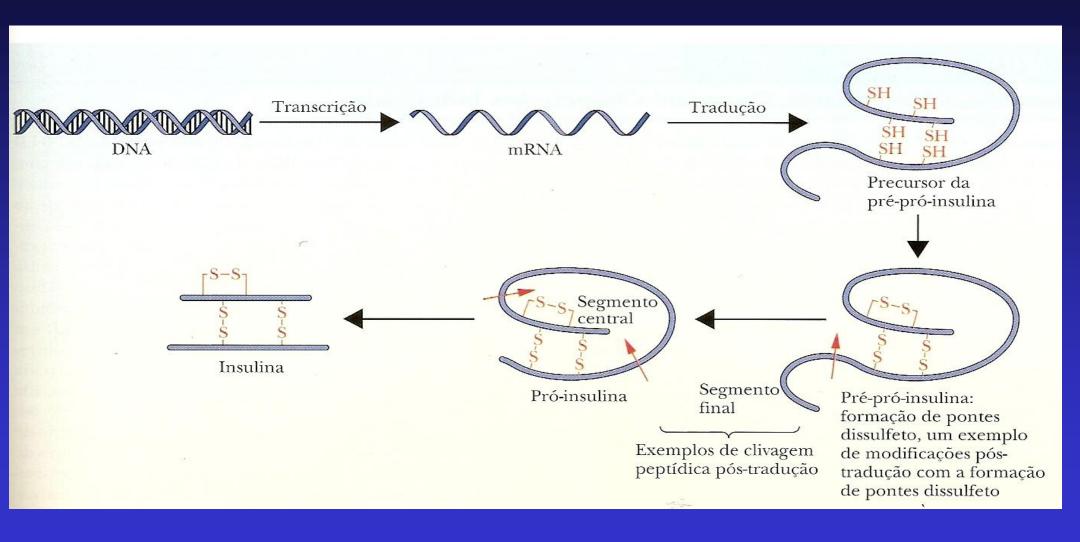


Micrografia eletrônica mostrando o acoplamento transcrição-tradução



Pontos escuros são ribossomos, arranjados em grupos sobre uma fita de mRNA. Várias moléculas de mRNA foram transcritas de uma fita de DNA (linha diagonal do centro para o canto superior direito da figura)

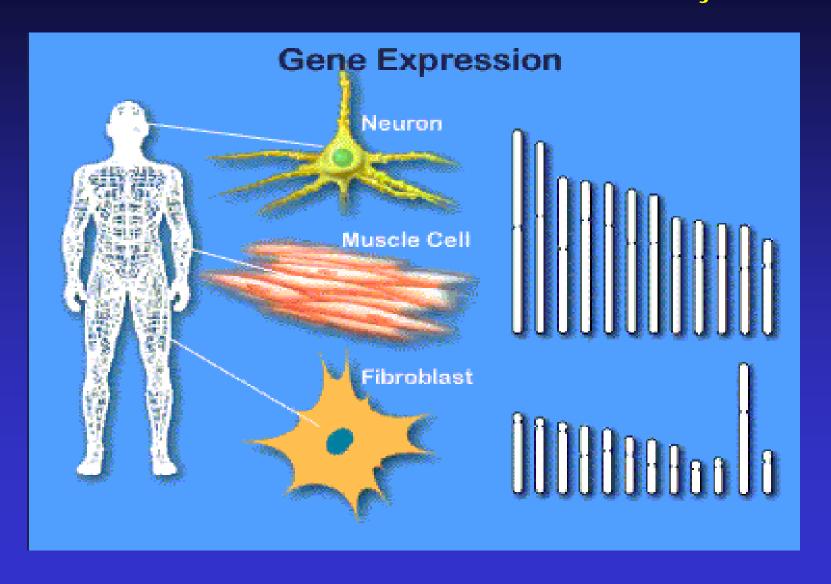
Modificação pós tradução - Síntese da Insulina



Aminoácidos

```
Ácido Aspártico (Asp)
Ácido Glutâmico (Glu)
    Alanina (Ala)
    Arginina (Arg)
  Asparagina (Asn)
    Cisteína (Cys)
  Fenilalanina (Phe)
     Glicina (Gly)
   Glutamina (Gln)
    <u>Histidina</u> (His)
    <u>Isoleucina</u> (Ile)
    Leucina (Leu)
     Lisina (Lys)
   Metionina (Met)
     Prolina (Pro)
     Serina (Ser)
    <u>Tirosina</u> (Tyr)
    Treonina (Thr)
   <u>Triptofano</u> (Trp)
     Valina (Val)
```

Diferentes proteínas são expressas em diferentes células de acordo com suas funções

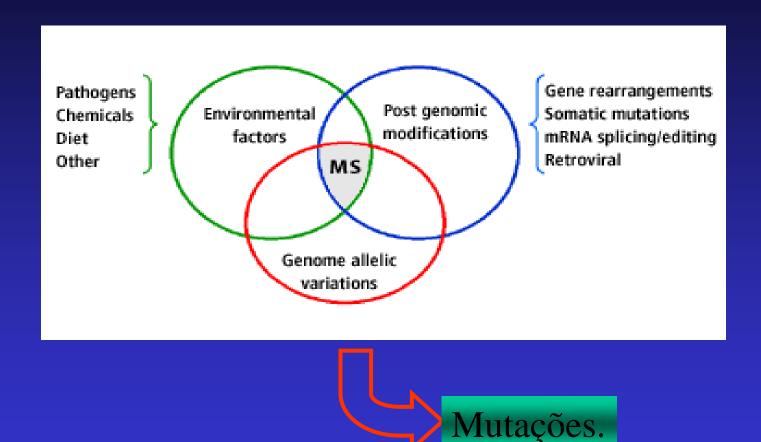


A sequência do DNA nuclear é quase 99,9% idêntica entre quaisquer 2 seres humanos. A pequena fração de sequências de DNA restante é responsável pela variação genética entre os humanos.

Todos os indivíduos de uma espécie têm os mesmos genes, mas com variações.



Estas variações podem ser devida a fatores genéticos e/ou fatores ambientais.



Treinamento - expressão de genes - adaptação

Genótipo do Indivíduo – favorecimento do desempenho

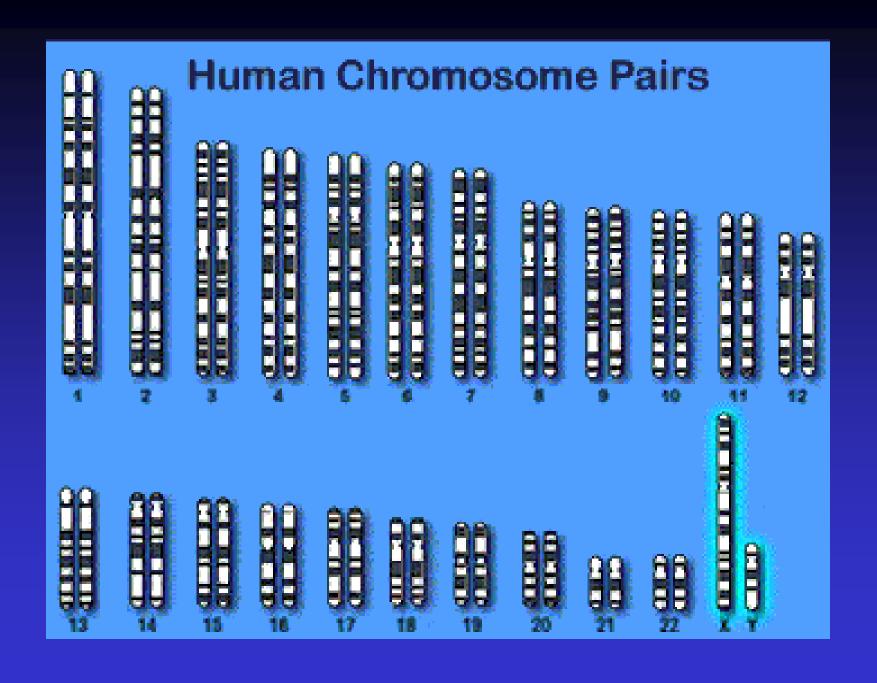
O GENÓTIPO É CAPAZ DE INFLUÊNCIAR O CONDICIONAMENTO FÍSICO E A RESPOSTA O TREINAMENTO

O TREINAMENTO BEM ADMINISTRADO É CAPAZ DE MODULAR A EXPRESSÃO DE PROTEÍNAS PRODUZINDO SÍNTESE E REGULANDO SUA EXPRESSÃO NO SENTIDO DE UM FENÓTIPO MAIS ADAPTADO



Slides extra





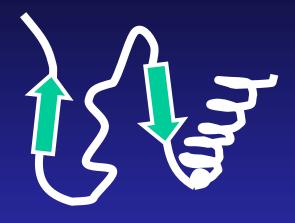
Estrutura primária

Estrutura secundária

Estrutura terciária

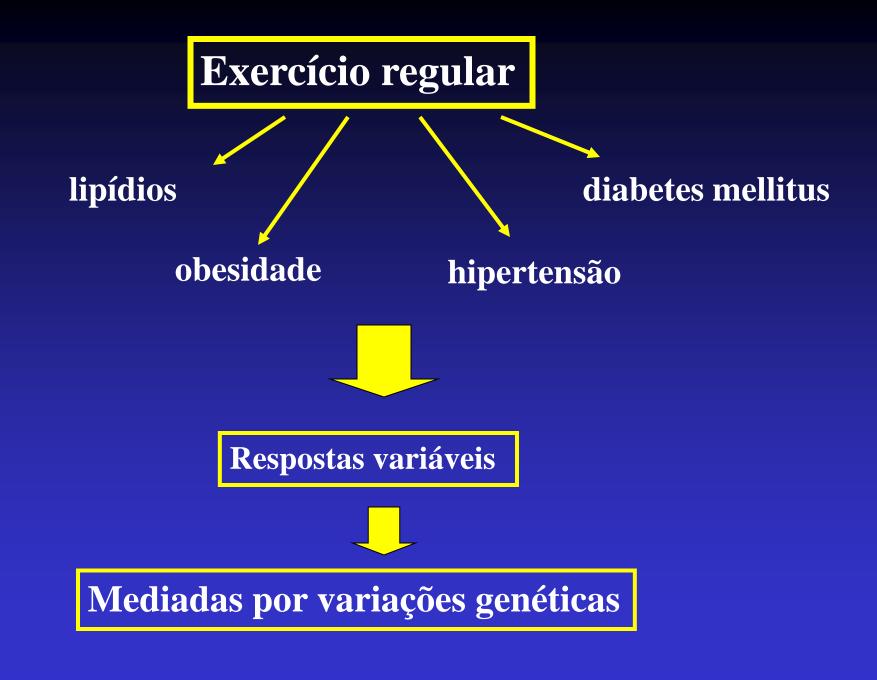
Estrutura quartenária











Pesquisas com exercício X Genes: Hoje



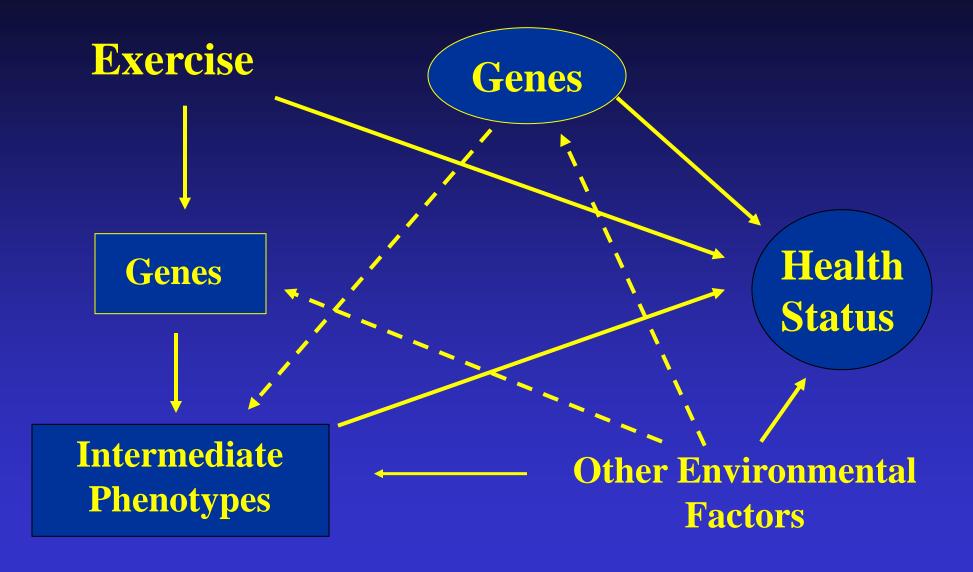
- Investigações de genes que podem ser influenciados diretamente pelo exercício

Ex.: massa muscular; densidade óssea, etc

- Investigações sobre doenças que são influenciadas por efeitos genéticos ou exercício

Ex.: hipertensão (indivíduos sedentários e exercício)

Model of gene-exercise interaction



Bray; J Appl Physiol 2000.

Intervenções gene-exercício

•

Um mesmo ambiente (exercício)

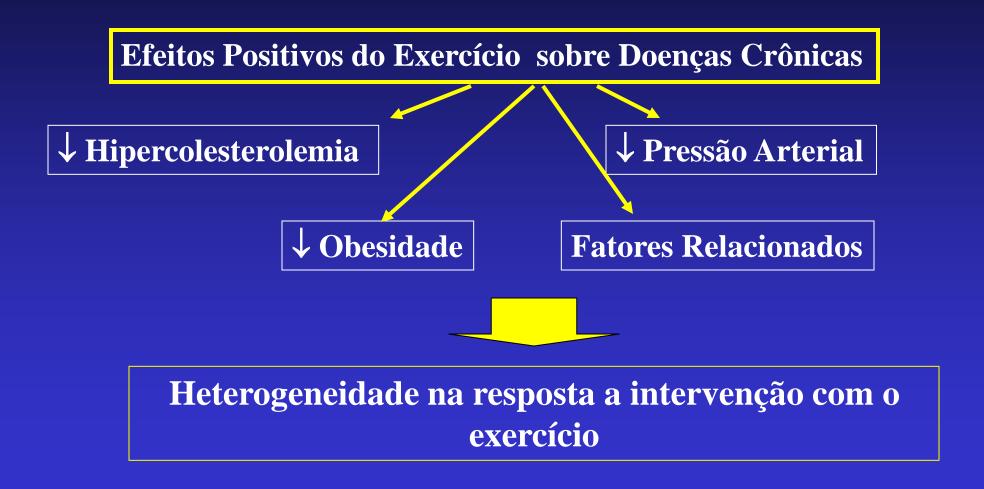
+

Produz efeitos diferenciais em indivíduos geneticamente diferentes

- Efeitos do exercício agudo levando a morte súbita em indivíduos com defeitos genéticos que levam cardiomiopatia hipertrófica ou anormalidades da artéria coronária.

Sports Med26: 335-50, 1998.

Várias estratégias são usadas para detectar genes nos quais seus efeitos podem ser alterados pelo exercício



Limitado número de trabalhos investigam

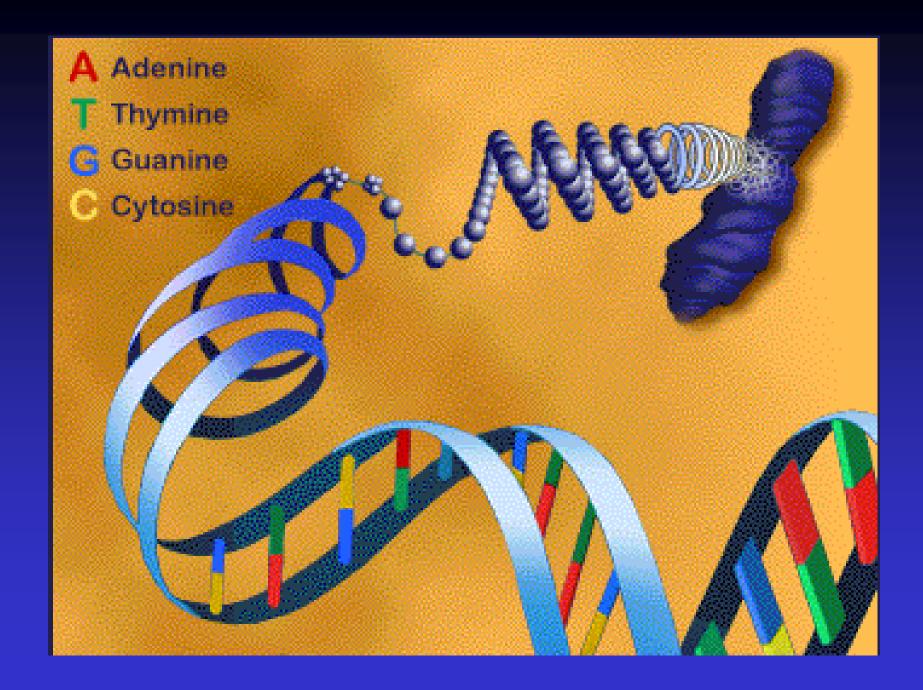


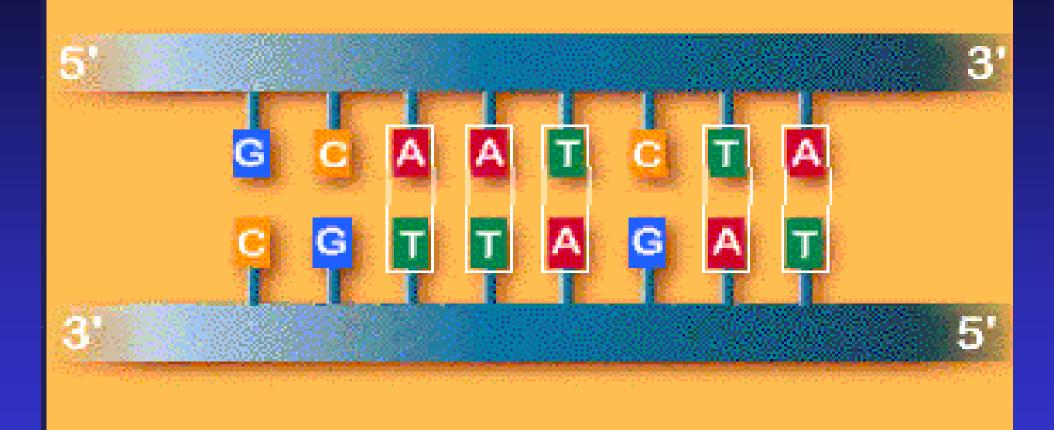
Bases genéticas do exercício

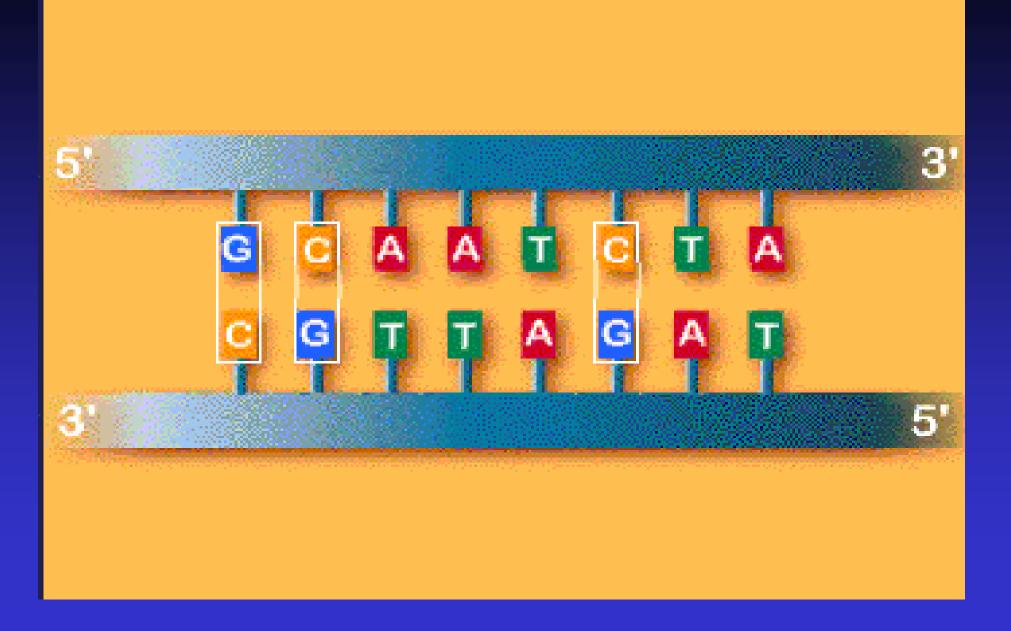
ou

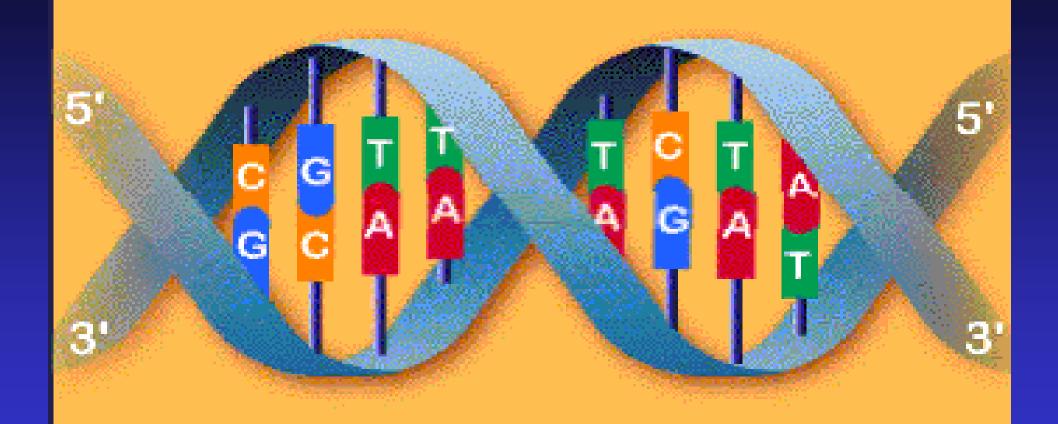
Níveis de atividade física como um fenótipo por si só

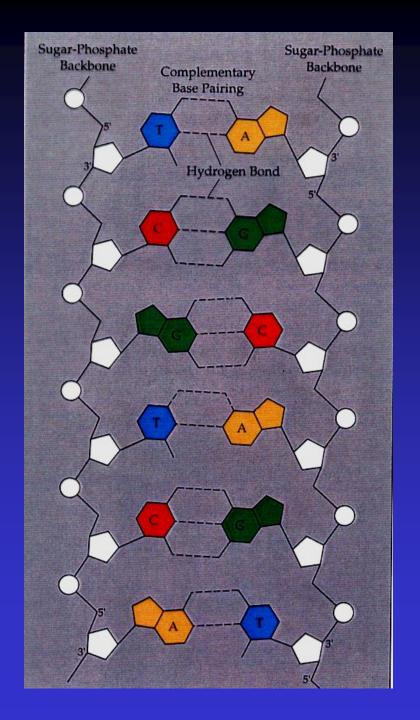
Nenhum gene foi descrito para níveis de atividade física, porém genes relacionados com metabolismo podem predispor o indivíduo a ser mais ou menos ativo

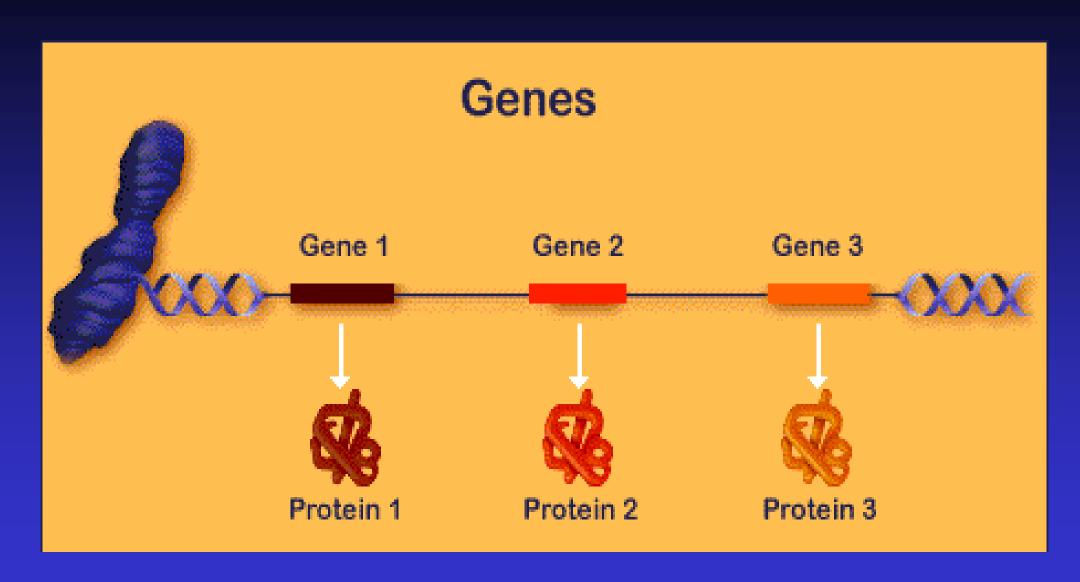


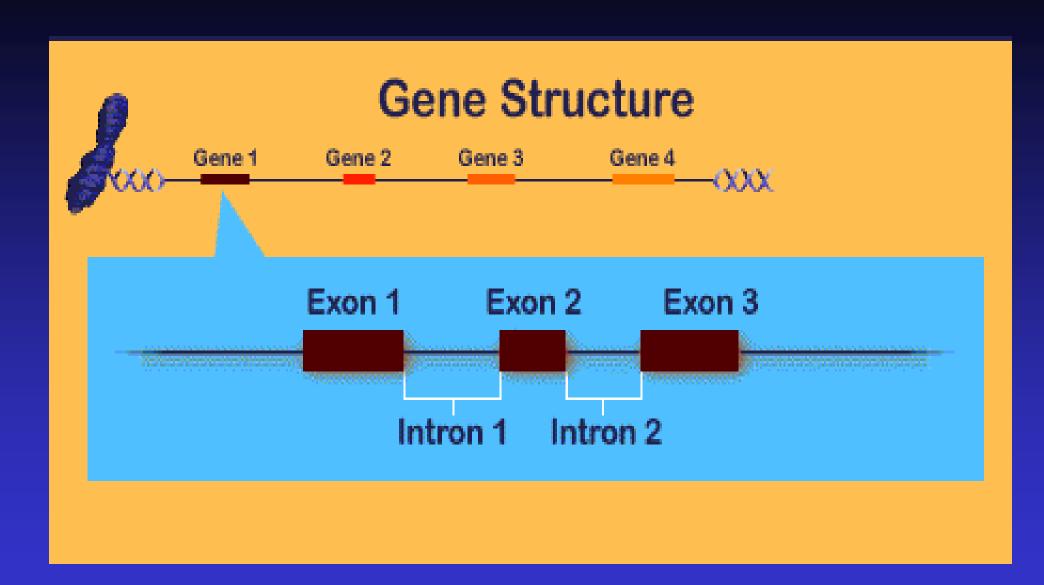


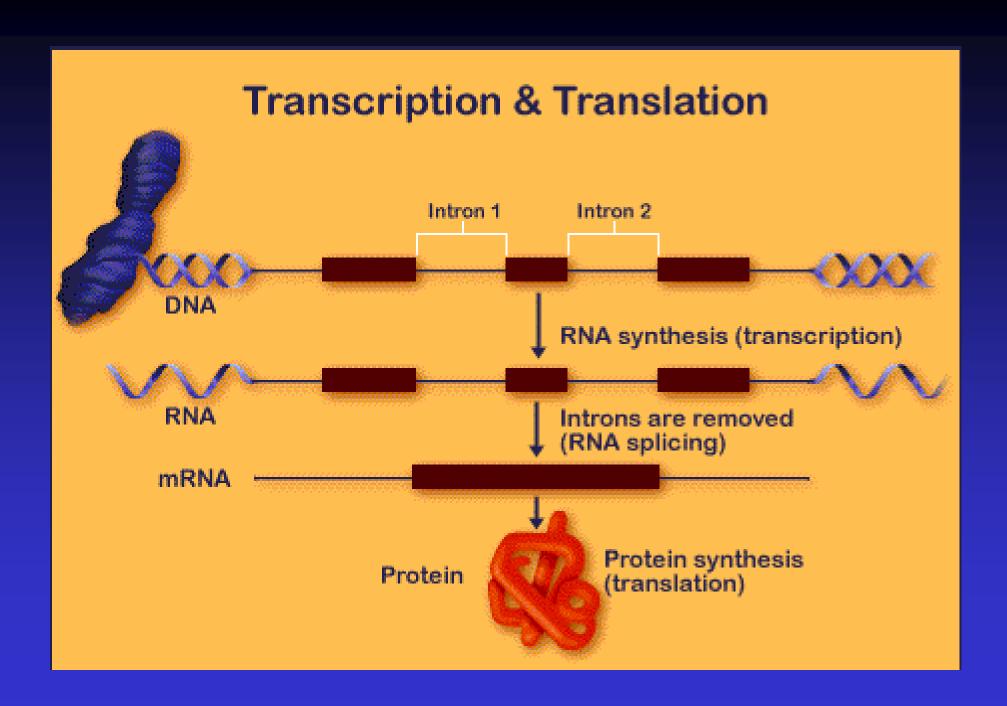


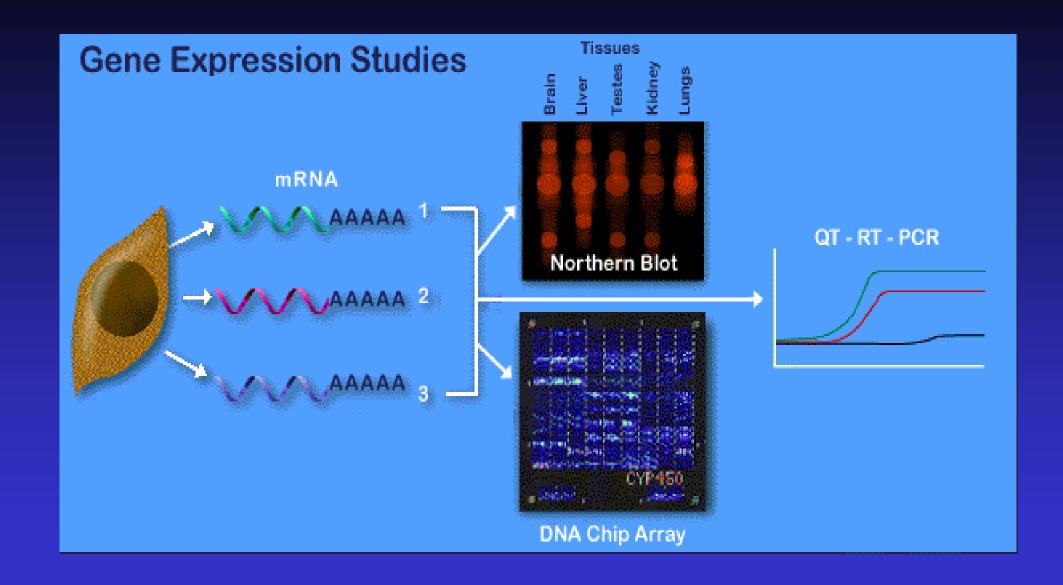


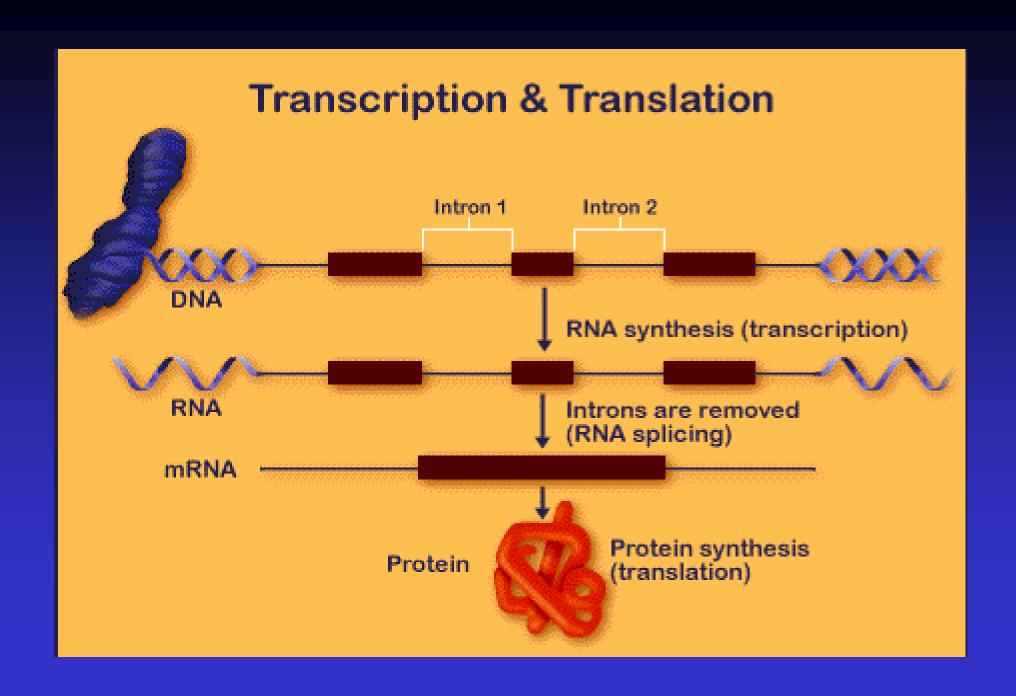


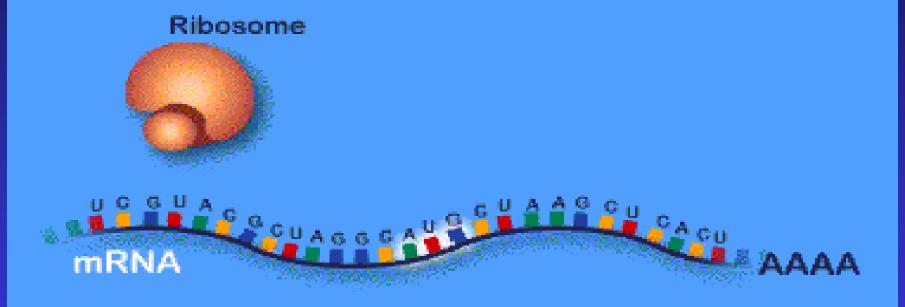




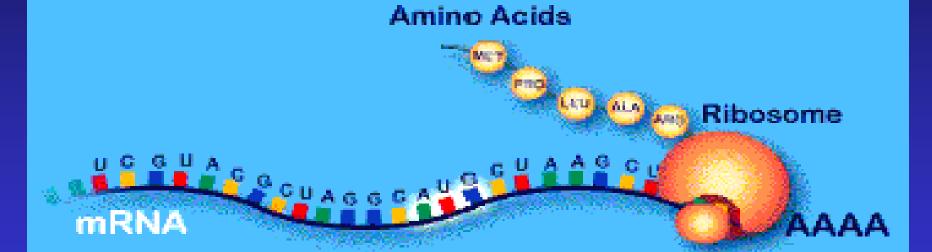












Protein



Ribosome

