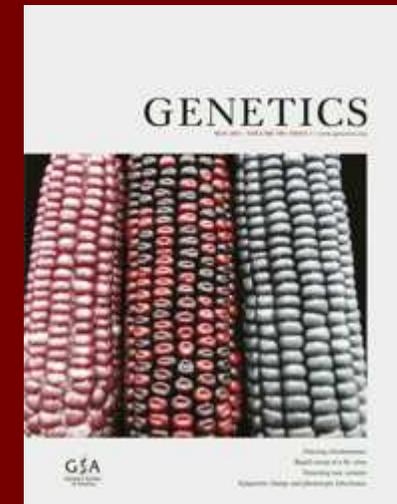
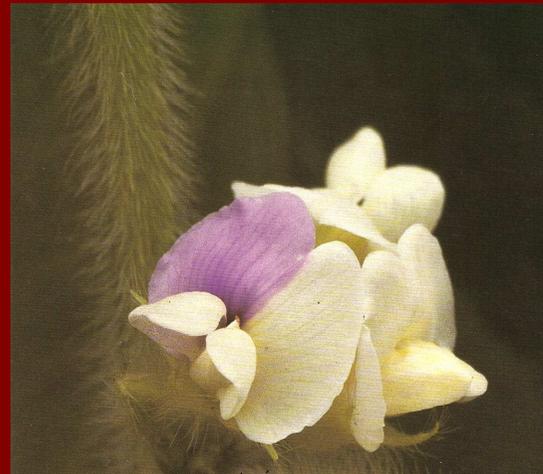


Elementos de Transposição (ET)



Características dos ET

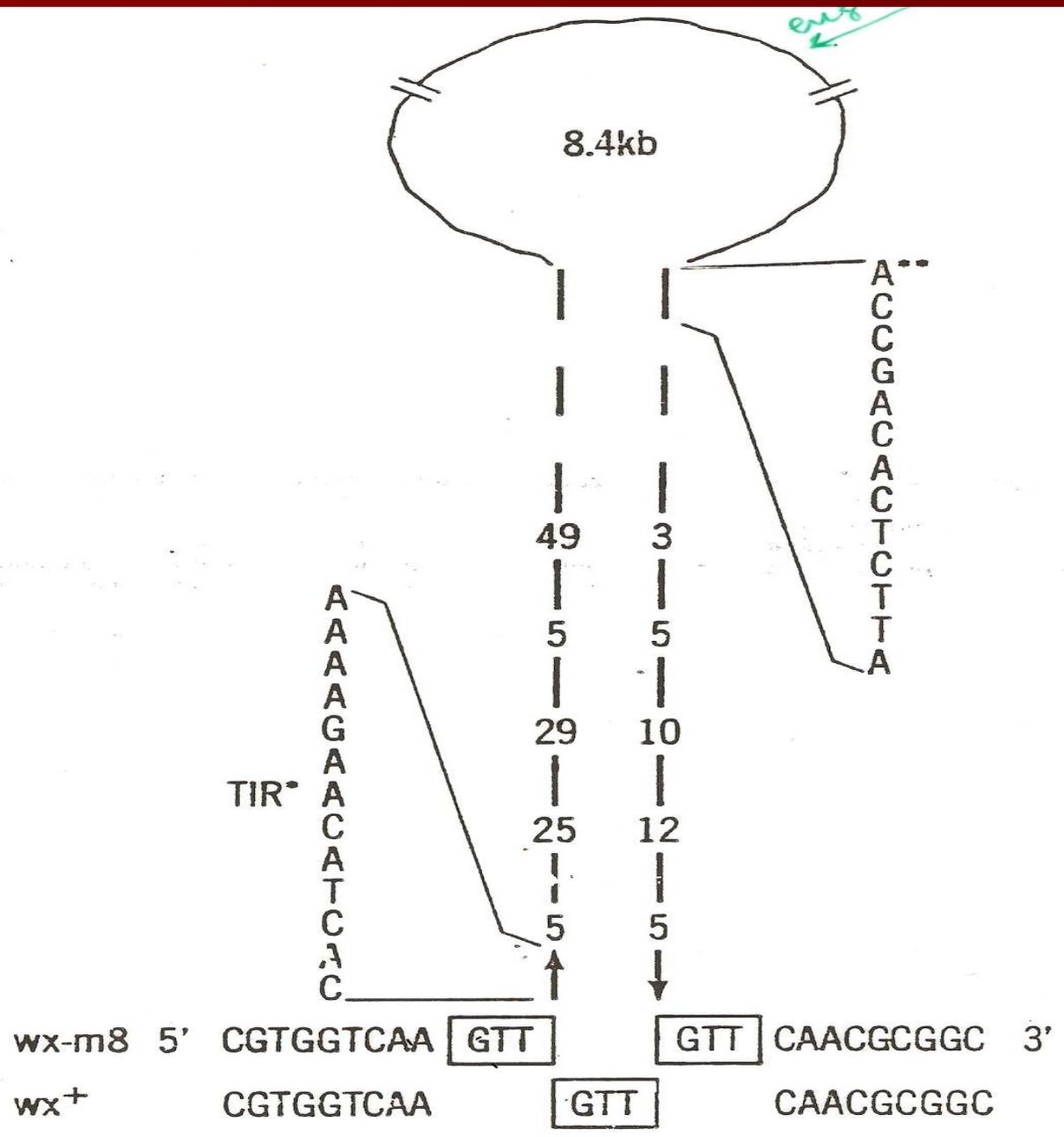
- **Sequências móveis de DNA**
- **Promovem a expansão e mudanças na estrutura do genoma**
- **Compreende 50-80% do genoma de algumas plantas**
- **Autônomo x Não Autônomo**
- **Autônomo**
 - **Contém genes necessários para a transposição**
- **Não-autônomo**
 - **Usa o gene do autônomo**
 - **Derivado do autônomo através de deleções internas**
- **Características**
 - **Target Site Duplications (TSDs)**
 - **Terminal Inversed Repeat (TIR)**
- **Tipos**
 - **Classe 1 – RNA-mediate (. Retrotransposons)**
 - **Classe 2 – DNA-mediate;**
 - **Classe 3 (?) - MITEs**

Classe I: Retroelementos

- São abundantes em eucariotos;
- LTR e Non LTR- Long Terminal Repeats (1000bp)
- Esses ET fazem cópias de si mesmo que são então integradas em qualquer lugar do genoma: transposição copiar/colar(inserir).
- Autônomo
 - LTR
 - Gag gene – proteína similar a *capsid*
 - *Pol gene* (Poliproteína)- protease-transcriptase reversa-integrase;
 - Non LTR (LINES)
 - ORF1 GENE – proteína similar a gag
 - EM gene – endonuclease
 - RT gene – transcriptase reversa

Classe II: Elementos de Transposição DNA

- Foram os primeiros ET identificados em plantas;
- São encontrados em todos os organismos;
- Apresentam as regiões terminais invertidas (Terminal Inverted Repeats – TIR) que variam de 11 bp (AC/DS) a algumas centenas de bases (Mutator);
- Famílias são identificadas pelas TIRS, TSD, e regiões genicas conservadas;
- Transposição do tipo excisão(CUT)/colar (PASTE)
- Autônomos
 - Sequencia codificadora para a transposição
 - Transposase



Classe III: MITES

- Miniature/Minuscule Inverted Repeats Element
- Comprimento: 10s a 100s bp
- Tamanho é conservado nas famílias de MITES
- Método de amplificação é desconhecido
- Recentemente mostrou uma relação ao elemento autônomo de transposição
 - Mariner like (camundongos) e PIF (milho – DNA ET)
 - TSD e TIRS idênticos
 - Alguma similaridades nas sequências terminais.

Elementos de Transposição

Classes	Sub-classes	Superfamília	Exemplos	Tamanho (bp)
Classe I Retroelementos	LTR	Ty-copia BEL DIRS-1 Ty3-gypsy	Opie-1 – milho Cer7 – C. elegans DIRS1- Dictyostelium Gypsy – Drosophila	3.000-12.000 3.000-20.000 ~5.000 5.000-14.000
	Non-LTR	LINES SINES	LINE-1 – Humanos; I Elemento– Drosophila Alu - Humanos	1.000-7.000 100-500
Classe II Transposons	Cut and paste, DDE signature presente.	Mariner-Tc-1	Tc1- C.elegans; mariner- Drosophila	1.000-2.000
		Mu	Mu – milho; MULES –Arabidopsis	400-20.000
		MITEs	Tourist - milho	100-500
	Cut and paste, DDE signature ausente.	HAT	hobo – Drosophila Ac – milho Tam 3-Anthirinhum	500-4.600
Rolling cicle (RC)	P Helitrons	P-Drosophila Helitrons-Arabidopsis, arroz e C. elegans	5.500-17.500	

Table 2. Genome sizes and transposable element (TE) proportions for 12 species

Species	Genome	No. coding	% TE	References
<i>S. cerevisiae</i>	12		3	(Kim et al., 1998)
<i>D. discoideum</i>	34		10	(Glockner et al., 2001)
<i>C. elegans</i>	100	18,400	6	(Waterston & Sulston, 1995; International Human Genome Sequencing Consortium 2001)
<i>A. thaliana</i>	125	25,498	14	(The Arabidopsis Genome Initiative, 2000)
<i>D. melanogaster</i>	180	13,600	15	(Vieira et al., 1999; Adams et al., 2000)
<i>A. quadrimaculatus</i>	245		16	(Rai & Black, 1999)
<i>F. rubripes</i>	400		2	(Elgar et al., 1999)
<i>O. sativa</i>	430		14	(Turcotte et al., 2001)
<i>Z. mays</i>	2500	50,000	60	(SanMiguel et al., 1996)
<i>H. sapiens</i>	3000	30,000	44	(International Human Genome Sequencing Consortium, 2001).
<i>M. musculus</i>	3250		40	(Henikoff et al., 1997; Smit, 1999)
<i>H. vulgare</i>	5000		55	(Kumar & Bennetzen, 1999; Vicient et al., 1999)

Table 3. Transposable element copy numbers in five small genomes compared with that of humans

	Yeast	Slime mold	Worm	Mustard weed	Fly	Human
Genome size (Mb)	12	34	100	125	180	3400
LTR						
No. copies	331	325	24	1594	317	443 × 10 ³
No. families	5	6	1	70 ^a	22	104
Mean copy no. (SE)	66.2 (± 38.1)	54.2 (± 36.8)	24.0	22.8	14.5 (± 8.0)	4259
% of genome	3.1	4.4	0.1	6.4		8.3
Non-LTR retroelements						
No. copies	0	235	611	515	87	2426 × 10 ³
No. families	0	7	12	10 ^a	5	6
Mean copy no. (SE)	0	33.6 (± 10.1)	50.9 (± 8.7)	51.5	17.3 (± 6.4)	4043 × 10 ²
% of genome	0	3.7	0.4 ^a	0.7		33.6
DNA elements						
No. copies	0	235	3083	2203	82	294 × 10 ³
No. families	0	7	12	80 ^a	4	63
Mean copy no. (SE)	0	33.6 (± 16.6)	256.9 (± 89)	27.5	20.5 (± 10.1)	4667
% of genome	0	1.5	5.3 ^a	6.8		2.8
Total elements						
No. copies	331	795	3718	5602	486	3163 × 10 ³
No. families	5	20	25	180 ^a	31	263
Mean copy no. (SE)	66.2 (± 38.1)	39.8 (± 12.4)	148.7 (± 47.0)	31.1	15.7 (± 2.7)	12,049.4
% of genome	3.1	9.6	6.5 ^a	14	10–12	44.8
References	(Kim et al., 1998)	(Glockner et al., 2001)	(Duret et al. 2000; ^a International Human Genome Sequencing Consortium, 2001)	(The Arabidopsis Genome Initiative, 2000; ^a International Human Genome Sequencing Consortium, 2001)	(Vieira et al., 1999)	(International Human Genome Sequencing Consortium, 2001)

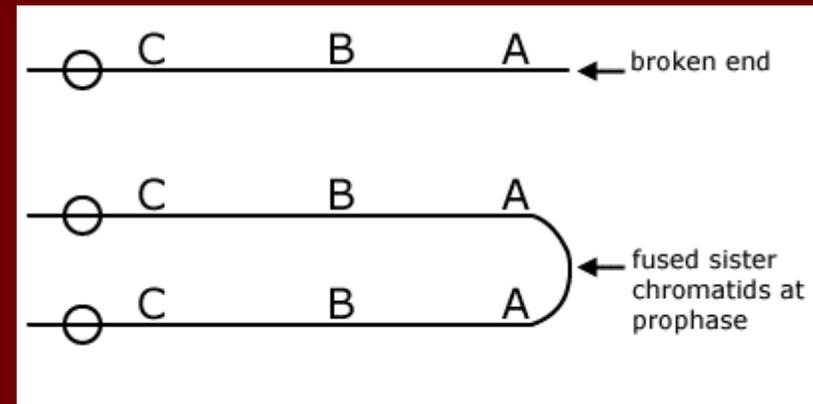
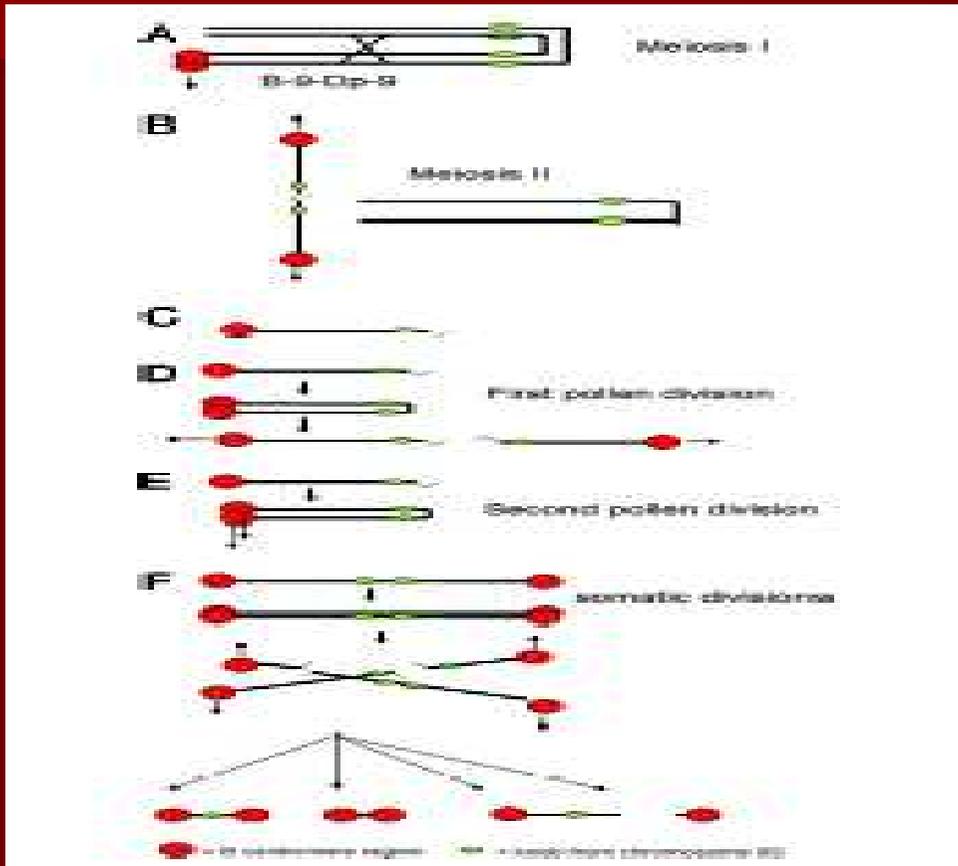
Fonte: Kidwell, J.L. PMB, 42: 251-269. 2002

Elementos de Transposição

■ Histórico

- Barbara McClintock, 1940-1945
- BFB ciclo (Breakage-Fusion-Bridge)
- Cromossomo 9
- Inversão
 - Wx/wx: endosperma ceroso
 - Sh/sh: endosperma com amido
 - Bz/bz: aleurona cor bronze
 - C/c: aleurona colorida
- Ciclo cromatídico
- Ciclo cromossômico
- Mitose meiótica
- Ponte: fusão que ocorre entre cromátides irmãs no ponto de quebra que ocorreu na anáfase
- Esta seqüência de BFB continua em mitoses sucessivamente
- Não ocorre no tecido esporofítico.
- Apenas no gametofítico.

BFB cycle



Evidências Genéticas de um ET

- Variação
 - Não Herdável
 - Herdável
 - Núcleo
 - Mitocôndria
 - Plastídio
- Herança nuclear
- Mutabilidade
- Reversão para o tipo selvagem
- Ocorrência de tipos derivativos
- Reversão germinal
- Reversão somática
- Ocorrência de novos mutantes

Sistema Ac/Ds

■ Milho

■ Ac

- Autônomo
- Tem capacidade para transpor
- Atua CIS-TRANS

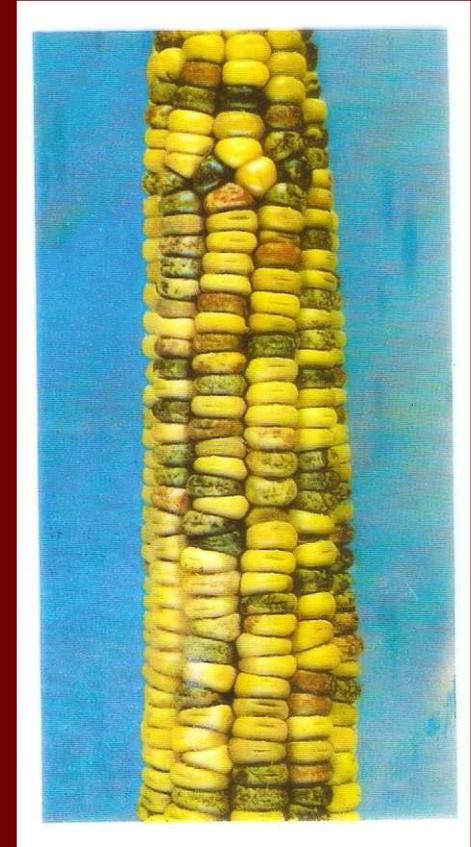
■ Ds

- Dissociador
- Não autônomo
- Só transpõem na presença de AC
- Uma deleção no AC
- Originalmente está próximo do Wx
- Pode ser observado próximo de C e Sh
 - Primeira evidência de transposição

Origem dos Elementos de Transposição

- Ocorrência
 - Ds: 40 cópias ou mais
 - I: muitas cópias
 - Mu-1: 10-80 cópias
 - BS1: 1-5 cópias
 - Os elementos são distribuídas repetidamente no genoma do milho
- A origem desses elementos está relacionada com condições de choque ou estresse do genoma
- Rearranjos das seqüências de elementos inativos pode causar a sua ativação.

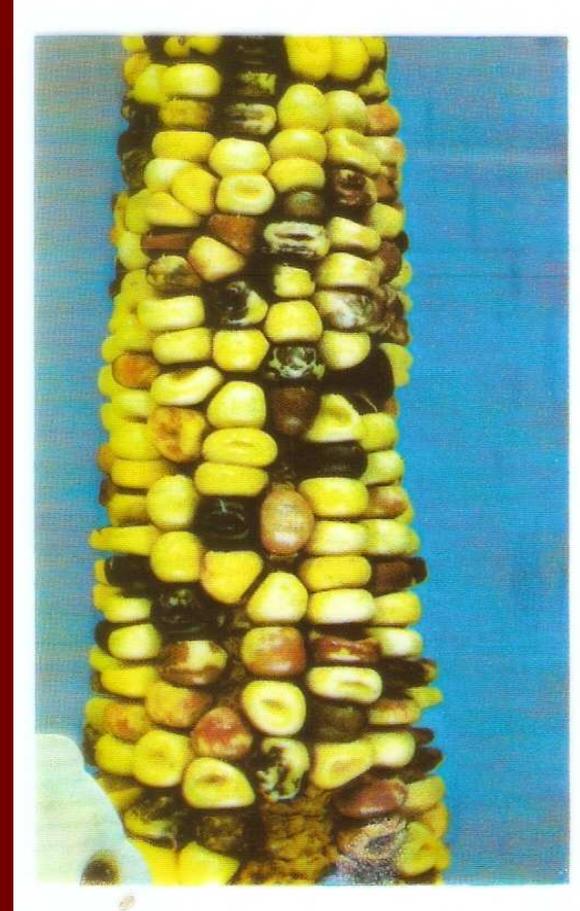
Sistema Ac/Ds



Outros sistemas em milho

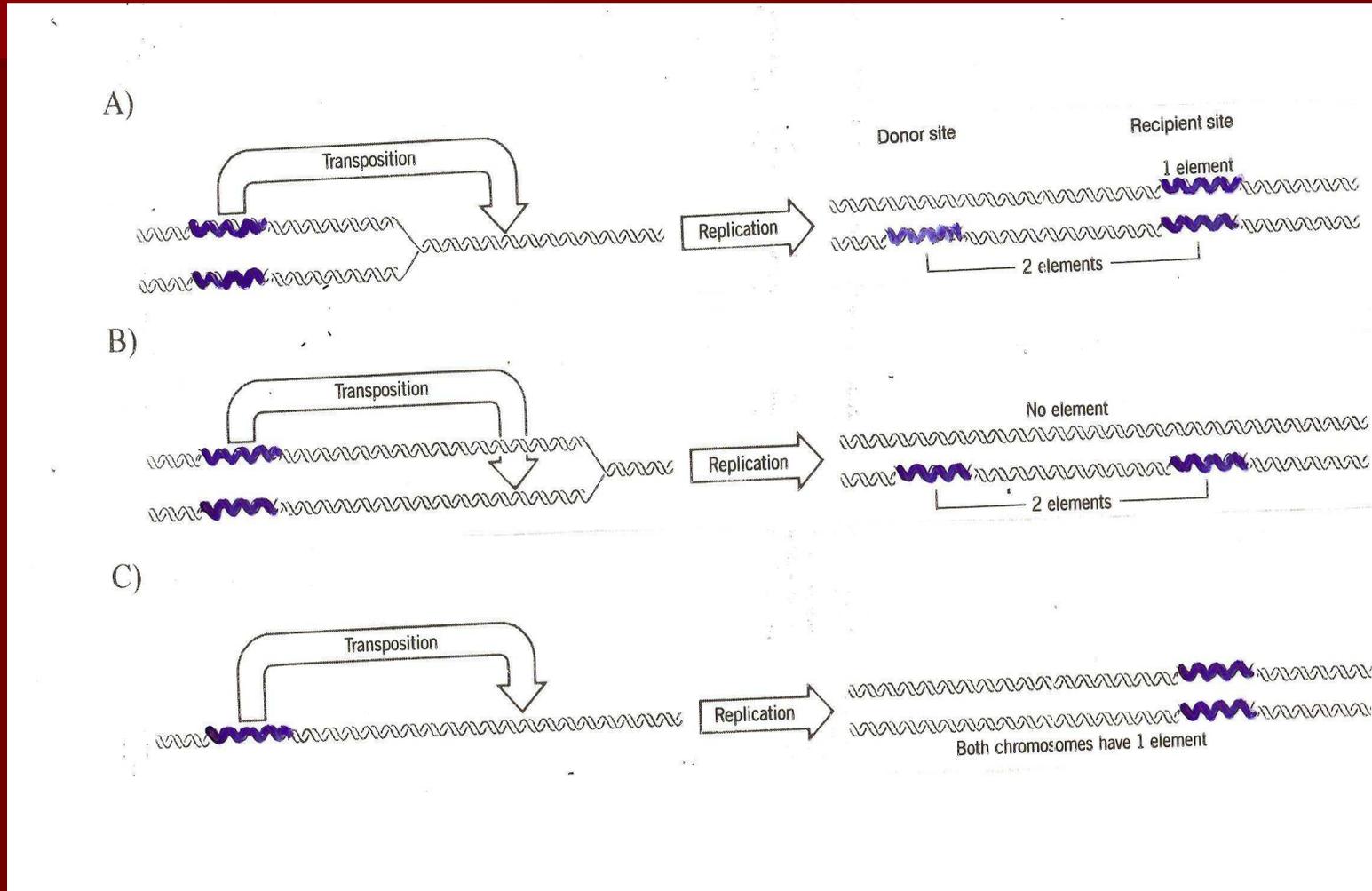


**Sistema Spm
(1961)**



**Mutator
(1959)**

Transposição em milho





Loco Nívea: *A. majus*

541 a 529: Redução na pigmentação

528-530: fenótipos estáveis

539-540: fenótipos instáveis

Soja: elemento similar a ET



Ativação dos Elementos de Transposição

- Condições de choque gera sinais de alarme no genoma causando a ativação dos elementos que causará o movimento dos mesmos.
- Quebra de cromossomos
 - BFB ciclo
- Cruzamentos Interespecíficos
- Infecção Virótica
 - BSMV (Barley stripe mosaic virus)
 - WSMV(Wheat stipe mosaic virus)
 - Plantas tratadas geravam progênes sadias e instáveis nas gerações subsequentes.
- Cultura de Tecido

Elementos de Transposição, Evolução, e Melhoramento das culturas

- Os elementos adicionam nucleotídeos ao genoma por uma série de eventos, mobilidade, inserção de seqüência de DNA, saída do genoma, e repetição do ciclo
- Duplicação de um grande número de segmentos de genes os quais criam uma diversidade genética .
- Seleção atuando pode concorrer para evolução criando novos tipos mais adaptados ou mesmo materiais com potencial para o melhoramento da cultura.