



UNIVERSIDADE
DE SÃO PAULO
85 ANOS
1934 · 2019



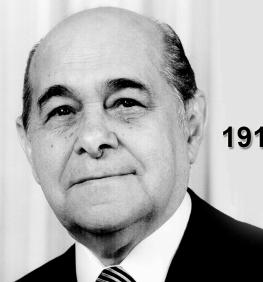
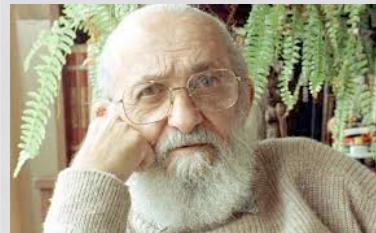
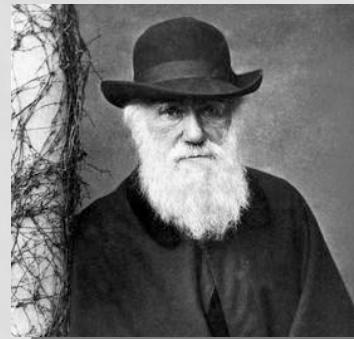
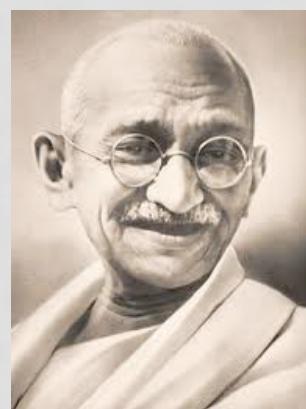
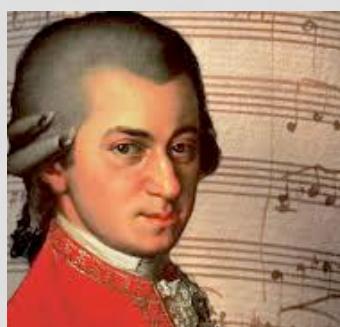
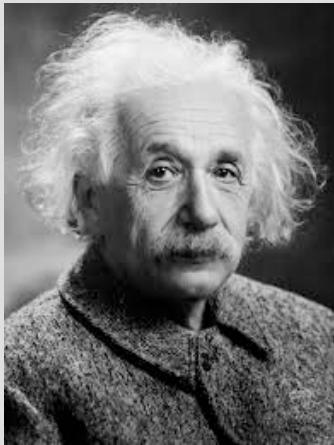
Departamento de Genética
USP Ribeirão Preto-FMRP

T5 – MUTAÇÃO: ORIGEM E VARIABILIDADE GENÉTICA

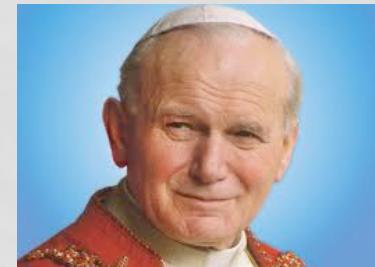
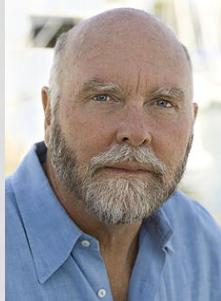
APARECIDA MARIA FONTES

P
A
R
T
E
1

12 de Setembro de 2019



1910 - 1985



POR QUE ESTUDAR MUTAÇÃO?

- Processo absolutamente fundamental na biologia
- Fonte de variabilidade genética e em organismos mais complexos responsável por doenças genéticas
- Em humanos é responsável pelas variação entre indivíduos (variação polimórfica)
- O sequenciamento do genoma humano mostrou-nos o pouco que conhecemos sobre da diversidade genética entre indivíduos, entre populações e entre espécies
- A nível populacional é essencial para interpretar padrões de prevalência/incidência observada para doenças genéticas

Genoma Humano

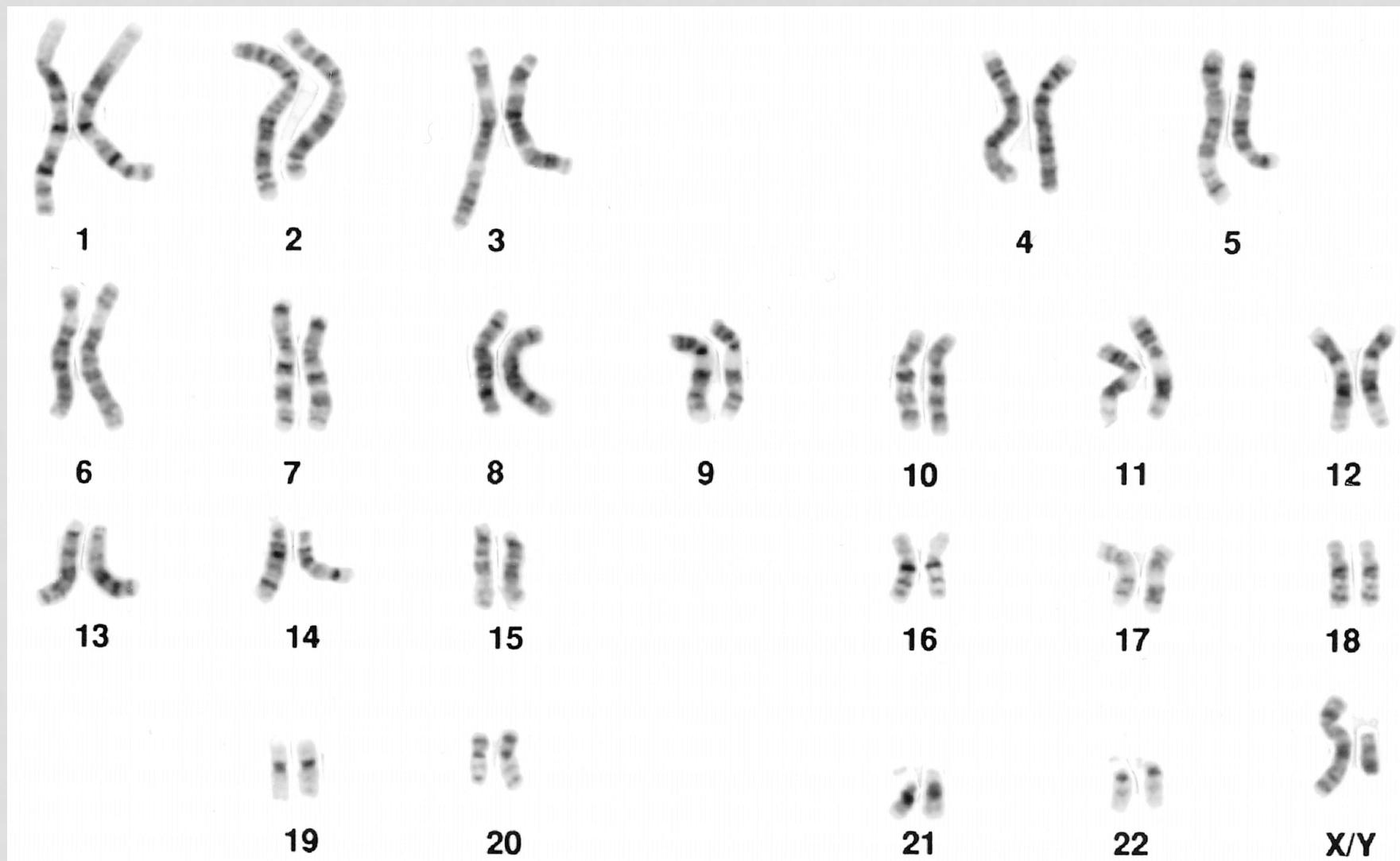
46 cromossomos, 22 pares cromossomos autossômicos e 1 par de cromossomos sexuais

Genoma haplóide: 3×10^9 bp de DNA

Exoma: 1-2% do genoma humano, o que corresponde a ~35 Mb

Cada célula humana: 2 m DNA, equivalente a 6×10^9 bp DNA

Cariótipo Humano Normal (bandeamento G)



Variantes Genômicas no Genoma Humano individual

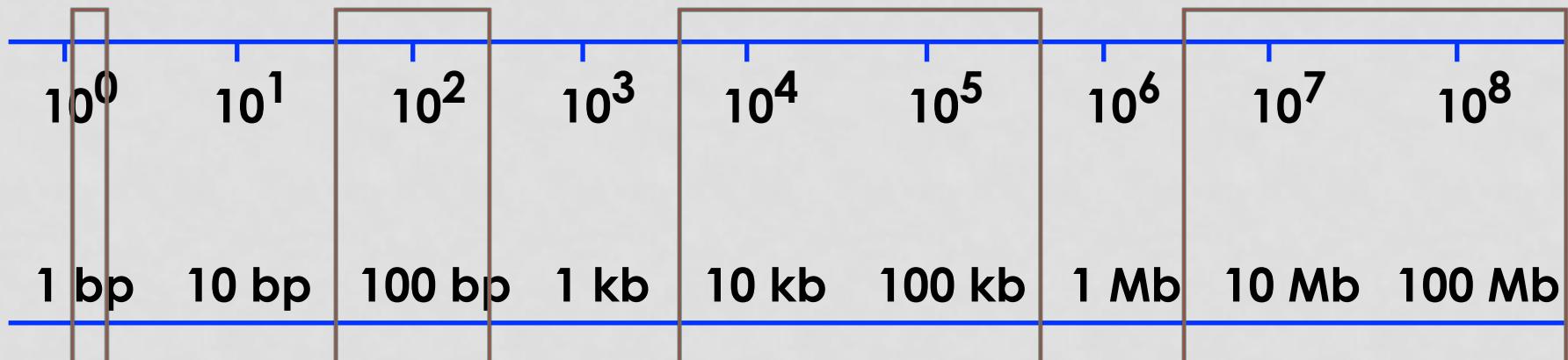
4 a 5 x 10⁶ variantes

Destes 20.000 variantes estão no exoma (inclui 400 variantes raras potencialmente patogênicas)

99% das variantes incluem SNPs e curtos indels

2.100 a 2.500 variantes estruturais (CNV, Alu (SINE), inserções L1 (LINE), STR (microsatélite) e VNTRs (minisatélite) afetando 20 x 10⁶ bp.

Variação Genômica



Mutation SNV/ SNP

Single
Nucleotide
Variants

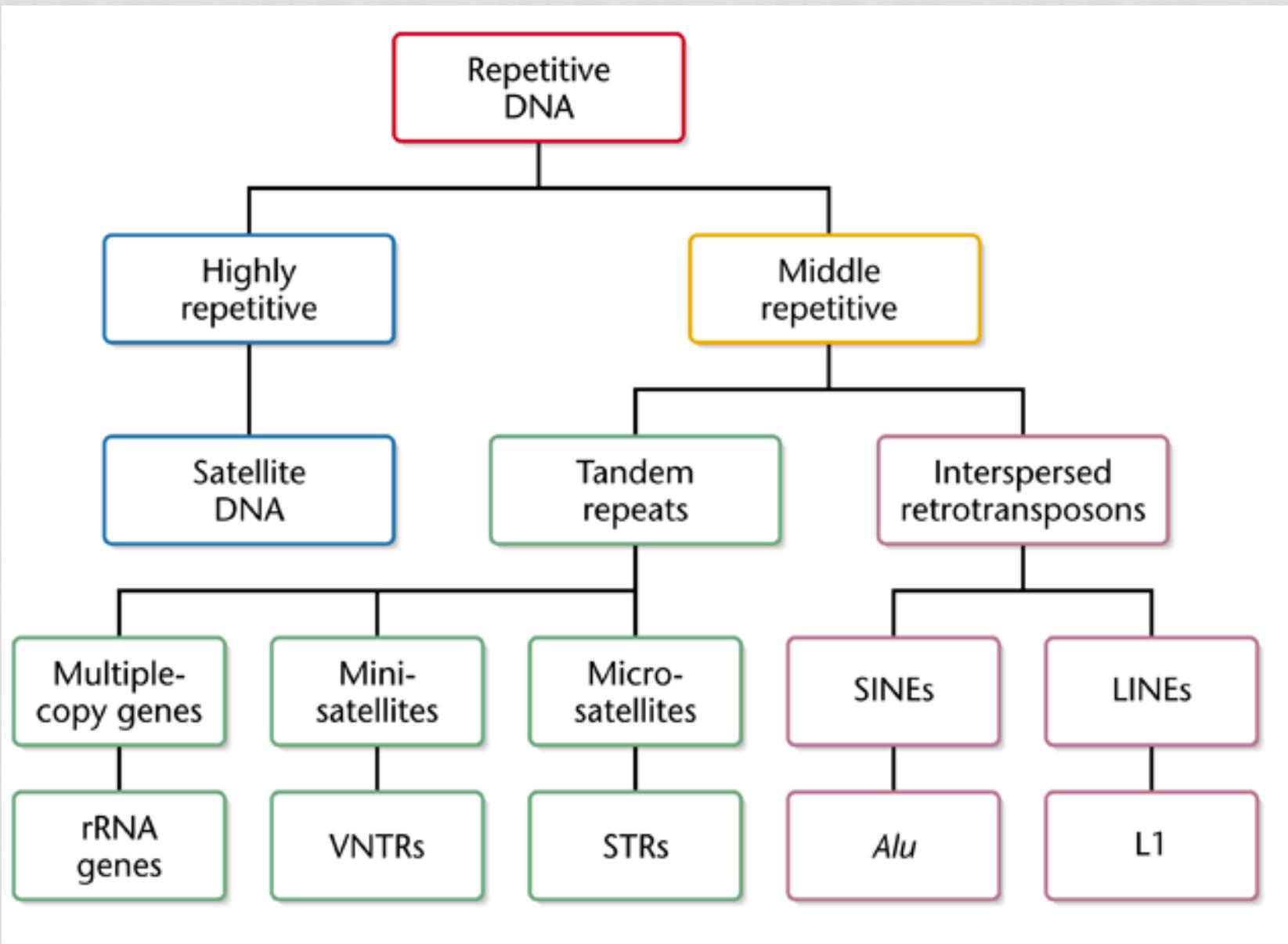
Microsatélite [2 a 5 bp]
Minisatélite [15 a 100 bp]

CNV

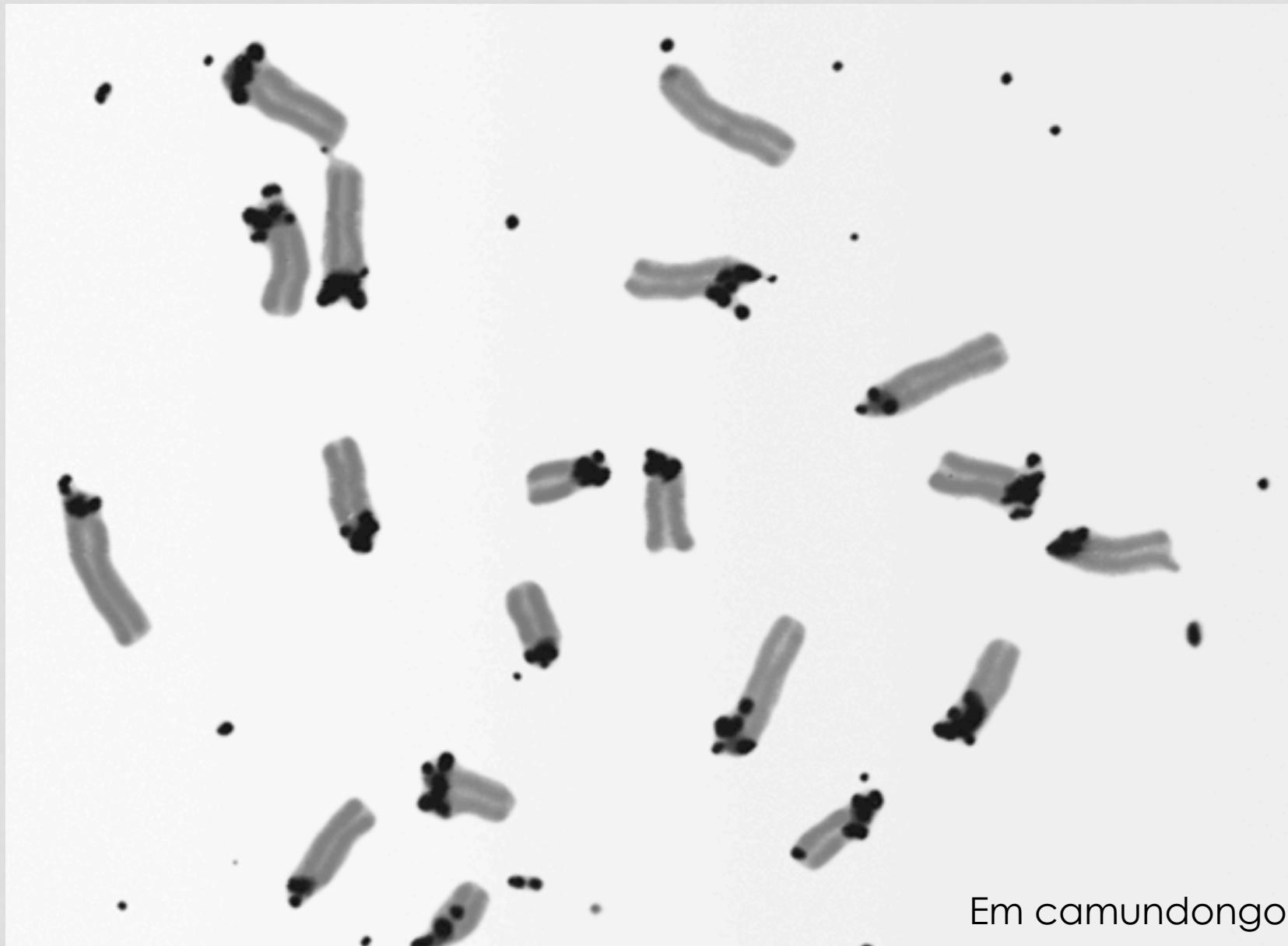
Copy
Number
Variation

Chromosomal

CATEGORIAS DE DNA REPETITIVO



Região centromero: rico em DNA satélite



Em camundongo

MUTAÇÃO: CONCEITOS ASSOCIADOS



DEFINIÇÕES

O que é Mutação?

- Uma alteração na sequência genômica que provoca alteração fenotípica da sequência “normal” ou “selvagem”.

O que é o polimorfismo?

- A existência de múltiplas formas de um gene. Em genética de populações, esse termo refere-se quando o alelo mais comum tem uma frequência < 99% em um *locus* na população.

DEFINIÇÕES

O que é Variante?

- Uma mutação que não produz uma alteração fenotípica.

conceito adotado até 2015
- Em 2015, a ACMG (American College Medical Genetics and Genomics) recomendou o uso do termo **variante** ao invés de *mutação* ou *polimorfismo*.

A PARTIR DE 2015: CLASSIFICAÇÃO DAS VARIANTES

- Variantes devem ser classificada em:
 - Patogênica
 - Provavelmente patogênica (>90% de ser causal)
 - Variante de Significado Incerto
 - Provavelmente benigna (>90% de ser benigna)
 - Benigna
- Critérios para definição em categorias de evidências:

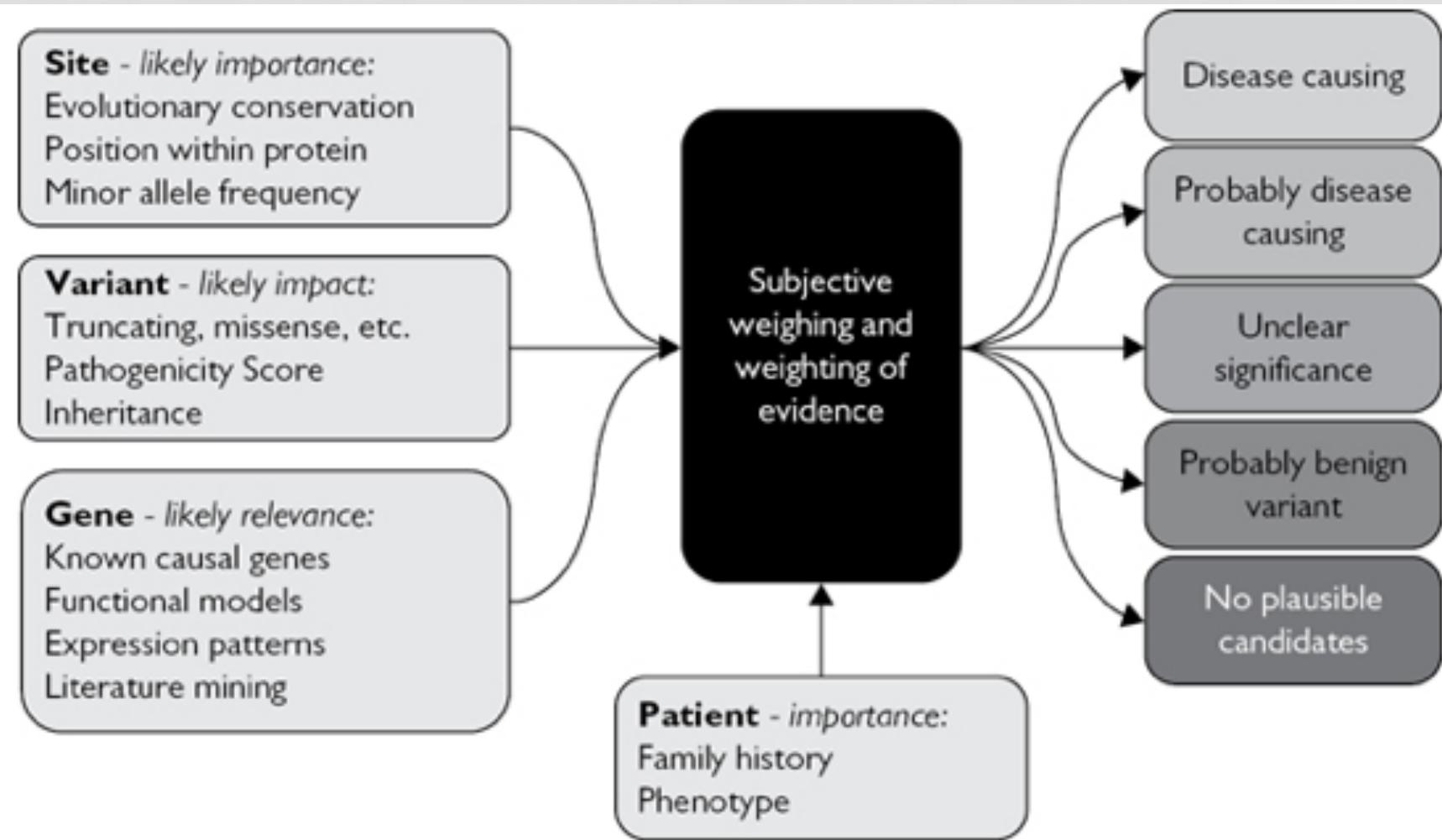


Como definir se uma mudança na sequência de DNA é uma variante patogênica ou uma variante benigna?

- 1. A mudança é na região codificadora?**
- 2. A mudança é no sítio de splicing?**
- 3. A mudança é na região intrônica?**
- 4. A mudança é na região promotora?**

Obrigatoriamente, mutação na região codificadora é uma variante patogênica?

Fatores que devem ser considerados para avaliar se uma sequência variante causa uma doença



Como definir se uma mudança na sequência de DNA é variante patogênica ou variante benigna?



COMO CLASSIFICAR AS MUTAÇÕES?

**As mutações podem ser
classificadas com base na
mudança estrutural que ocorre
no gene**

MUTAÇÕES HEREDITÁRIAS: qual seu papel?

Fonte de
Variabilidade
Genética

Efeitos
Prejudiciais

Efeitos
Protetores

Matéria-
prima da
Evolução

Causa de
muitas
doenças
genéticas e
distúrbios

Efeitos
protetores
contra
doenças

CLASSIFICAÇÃO ESTRUTURAL DAS MUTAÇÕES

Mutações de Ponto

Uma única substituição de nucleotídeo

INDELS:
Deleções e Inserções

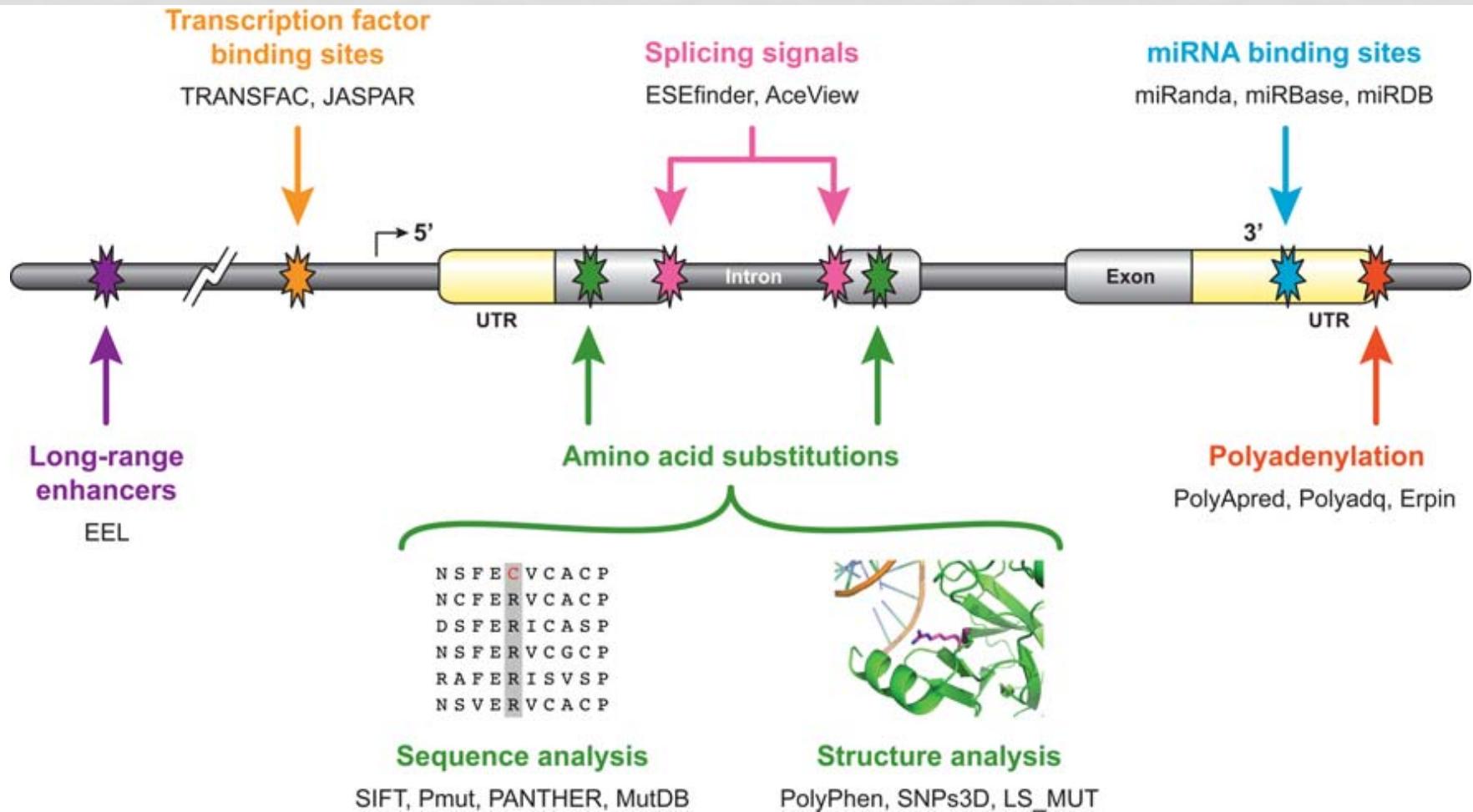
Inserção ou deleção nas sequências de DNA

Repetições expandidas de trinucleotídeos

Amplificação de uma sequência de repetição de nucleotídeos simples

VARIANTES TIPO SNPs PATOGÊNCIAS

Regiões gênicas sujeitas a substituições de nucleotídeos



MUTAÇÕES DE PONTO

- ✧ 1. Transição:
Uma purina é substituída por outra purina (A-G) ou uma pirimidina por outra piriminida (T-C)
- ✧ 2. Transversão
Uma purina é substituída por uma pirimidina ou vice-versa
- ✧ 3. Silenciosa ou sinônima:
Não altera o aminoácido que é incorporado na proteína por conta do código genético degenerado
- ✧ 4. Mutação de sentido trocado, ou missense ou não sinônima
Alteração de base que se traduz em uma alteração de aminoácido

MUTAÇÕES DE PONTO

✧ 5. Mutação neutra:

Uma mutação de base que resulta em uma mudança de um aminoácido hidrofílico pequeno por outro em uma região inativa da proteína e é improvável que tenha impacto.

✧ 6. Mutação sem sentido ou nonsense:

Uma mutação de base que resulta em códon de parada: UAA, UAG ou UGA

✧ 7. Mutação regulatória:

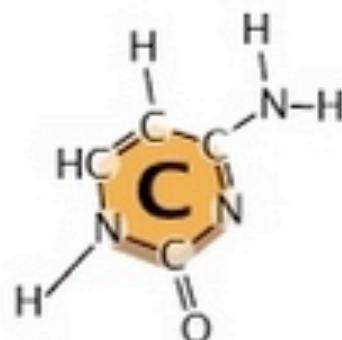
Mutação na região promotora do gene

✧ 8. Mutação de alteração de quadro de leitura ou *frameshift*:

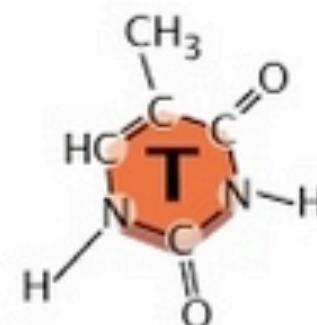
Uma mutação de base que altera o quadro de leitura e será alterado para o restante do gene

TRANSIÇÃO OU TRANSVERSÃO

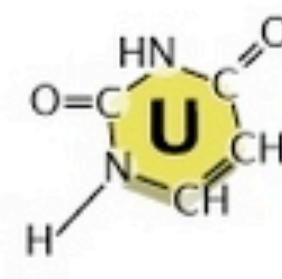
Pyrimidines



Cytosine

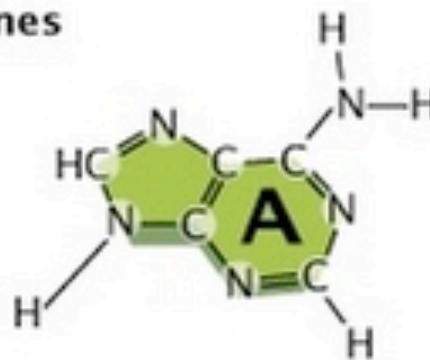


Thymine

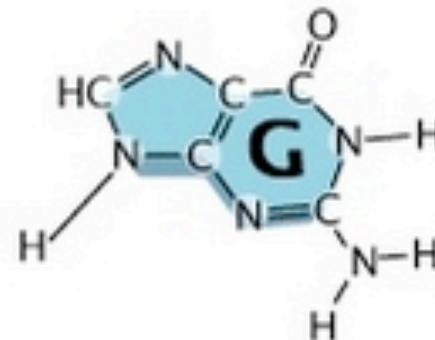


Uracil

Purines



Adenine

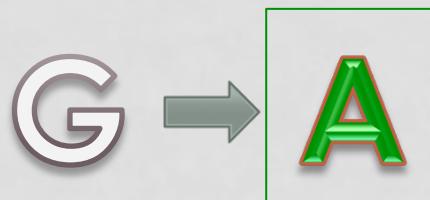


Guanine

CÓDIGO GENÉTICO

Second nucleotide						
		U	C	A	G	
First nucleotide	U	UUU Phe UUC UUA Leu UUG	UCU UCC UCA Ser UCG	UAU Tyr UAC UAA STOP UAG STOP	UGU Cys UGC UGA STOP UGG Trp	U C A G
	C	CUU CUC Leu CUA CUG	CCU CCC CCA Pro CCG	CAU His CAC CAA Gln CAG	CGU CGC CGA Arg CGG	U C A G
	A	AUU AUC Ile AUA AUG Met	ACU ACC ACA Thr ACG	AAU Asn AAC AAA AAG Lys	AGU Ser AGC AGA Arg AGG	U C A G
	G	GUU GUC Val GUA GUG	GCU GCC GCA Ala GCG	GAU Asp GAC GAA GAG Glu	GGU GGC GGA Gly GGG	U C A G
Third nucleotide						

Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?



Sequence for Wild-Type Hemoglobin

ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr

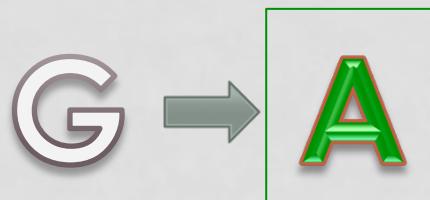


ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAA	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro		Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr

CÓDIGO GENÉTICO

Second nucleotide						
		U	C	A	G	
First nucleotide	U	UUU Phe UUC UUA Leu UUG	UCU UCC UCA Ser UCG	UAU Tyr UAC UAA STOP UAG STOP	UGU Cys UGC UGA STOP UGG Trp	U C A G
	C	CUU CUC Leu CUA CUG	CCU CCC CCA Pro CCG	CAU His CAC CAA Gln CAG	CGU CGC CGA Arg CGG	U C A G
	A	AUU AUC Ile AUA AUG Met	ACU ACC ACA Thr ACG	AAU Asn AAC AAA AAG Lys	AGU Ser AGC AGA Arg AGG	U C A G
	G	GUU GUC Val GUA GUG	GCU GCC GCA Ala GCG	GAU Asp GAC GAA GAG Glu	GGU GGC GGA Gly GGG	U C A G
Third nucleotide						

Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?



Sequence for Wild-Type Hemoglobin

ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr



ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAA	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	GLU	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr



Transição, Silenciosa ou Sinônima e Benigna

QUAL O GENÓTIPO

Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?

A → T

Sequence for Wild-Type Hemoglobin

ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr

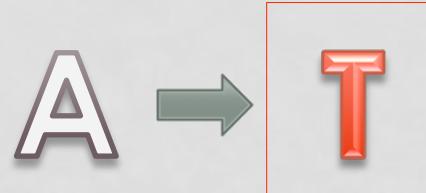


ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GTG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro		Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr

CÓDIGO GENÉTICO

Second nucleotide						
		U	C	A	G	
First nucleotide	U	UUU Phe UUC UUA Leu UUG	UCU UCC UCA Ser UCG	UAU Tyr UAC UAA STOP UAG STOP	UGU Cys UGC UGA STOP UGG Trp	U C A G
	C	CUU CUC Leu CUA CUG	CCU CCC CCA Pro CCG	CAU His CAC CAA Gln CAG	CGU CGC CGA Arg CGG	U C A G
	A	AUU AUC Ile AUA AUG Met	ACU ACC ACA Thr ACG	AAU Asn AAC AAA AAG Lys	AGU Ser AGC AGA Arg AGG	U C A G
	G	GUU GUC Val GUA GUG	GCU GCC GCA Ala GCG	GAU Asp GAC GAA GAG Glu	GGU GGC GGA Gly GGG	U C A G
Third nucleotide						

Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?



Sequence for Wild-Type Hemoglobin

ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr



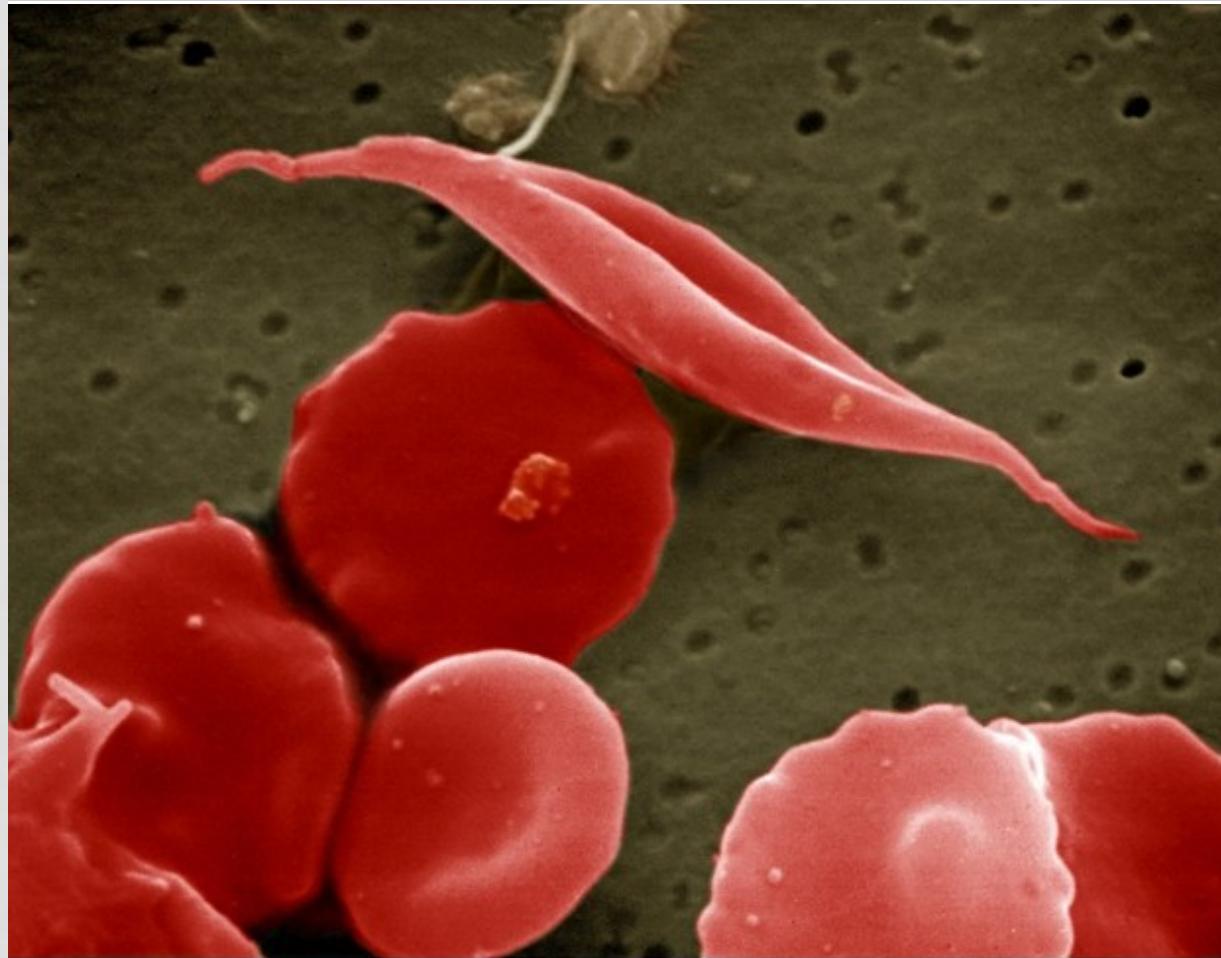
ATG	GTG	CAC	CTG	ACT	CCT	GTG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT
Start	Val	His	Leu	Thr	Pro	VAL	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr



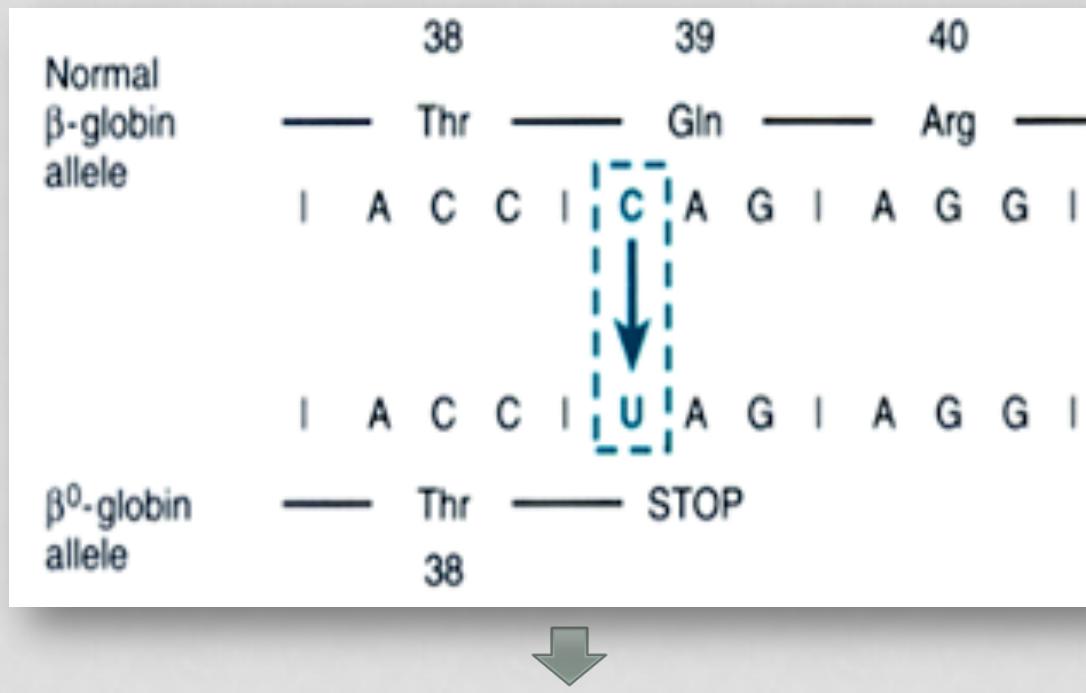
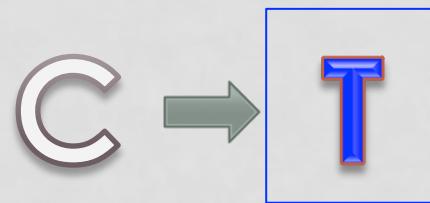
Transversão, missense ou de sentido trocado ou não sinônima e patogênica

QUAL O GENÓTIPO

Qual é o tipo de doença responsável por essa mutação ou variante?



Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?

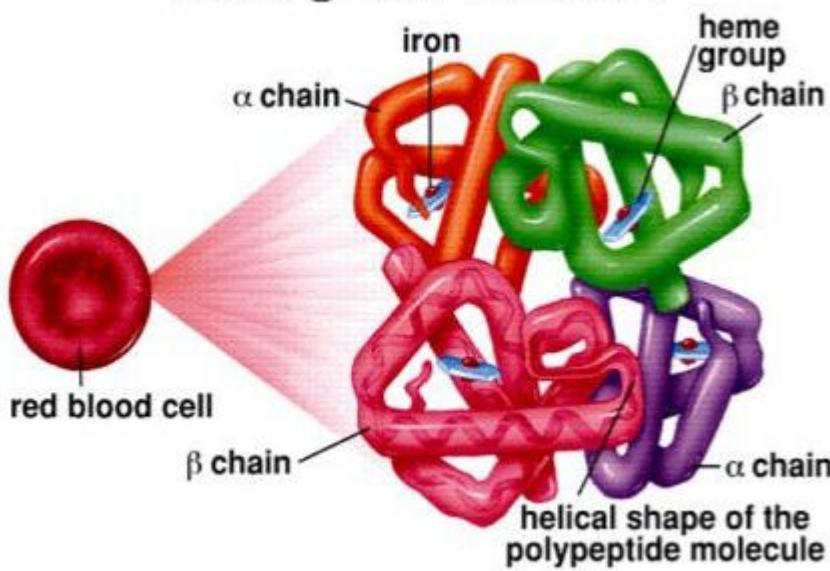


Transição, Nonsense e Patogênica

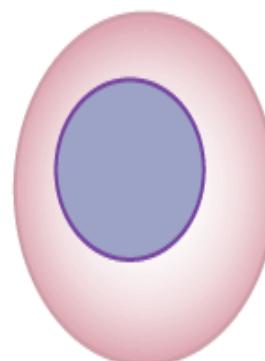
QUAL O GENÓTIPO

Qual é o tipo de doença responsável por essa mutação ou variante?

Hemoglobin Molecule

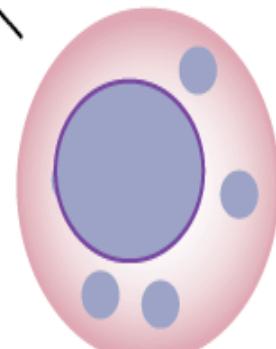


Erythroblast



β thalassemia

Excess α chains

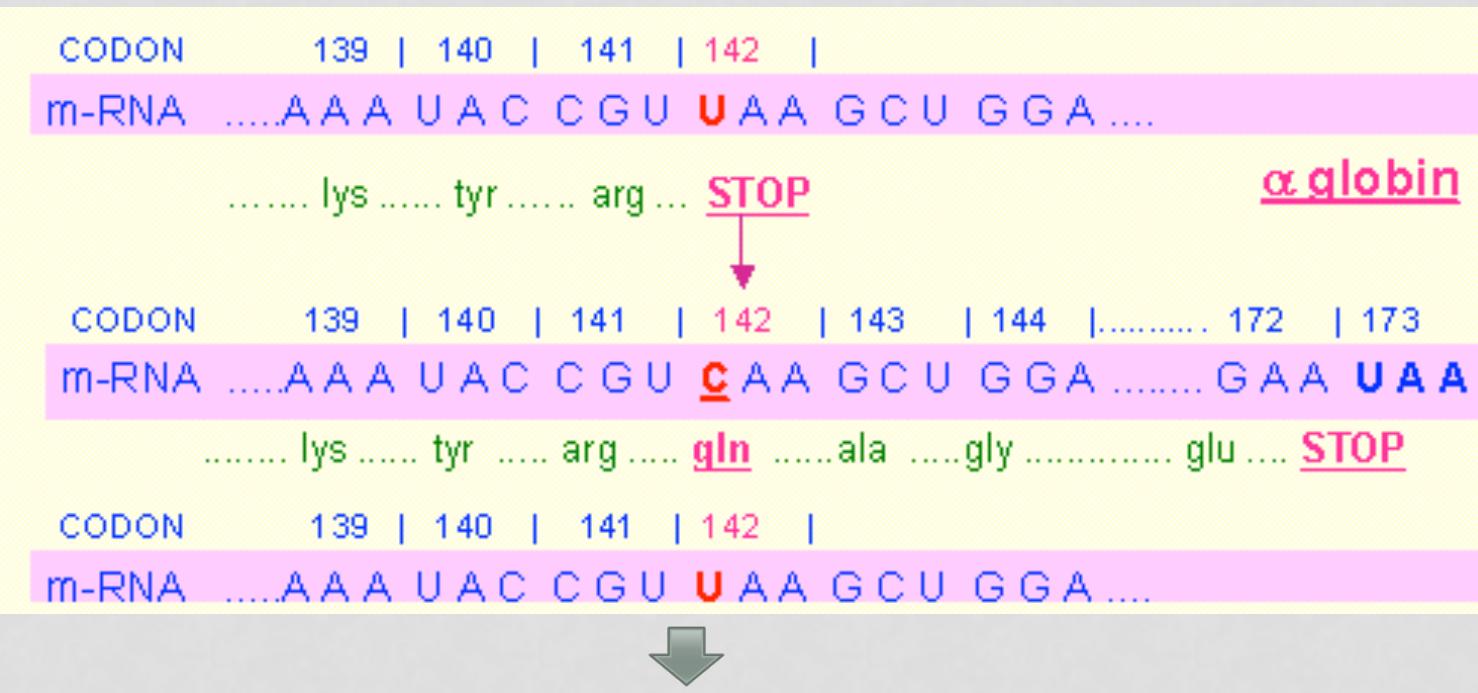
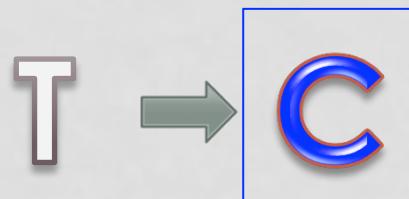


Thalassemia Chromosome Genetic error

Alpha	16	Deletions
Beta	11	Mutations

α hemichromes

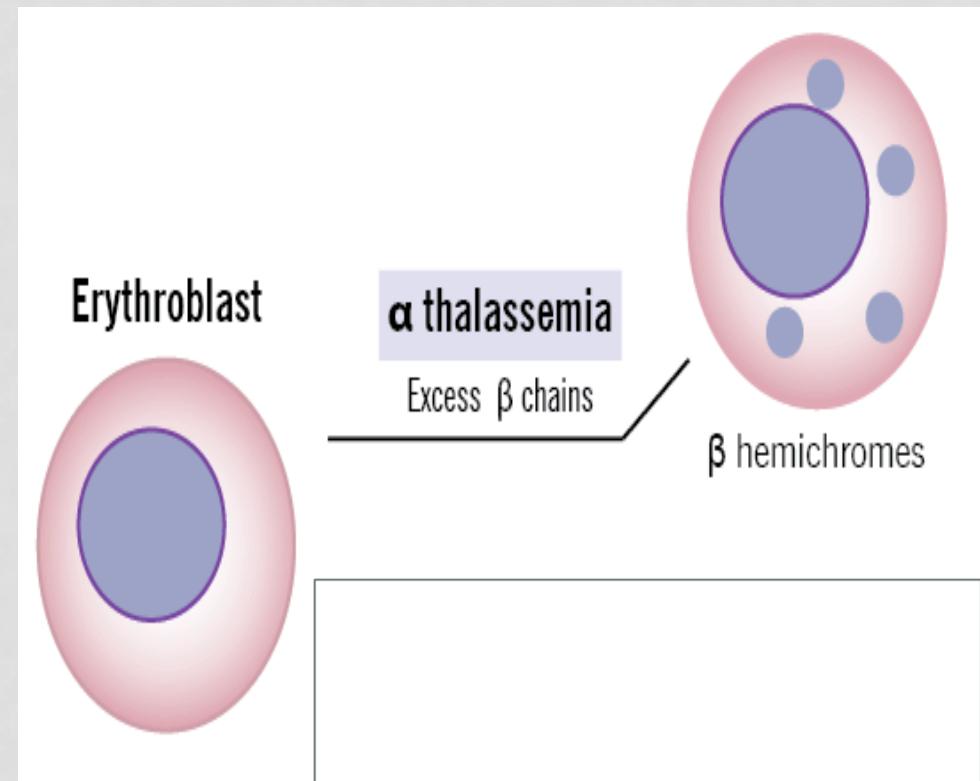
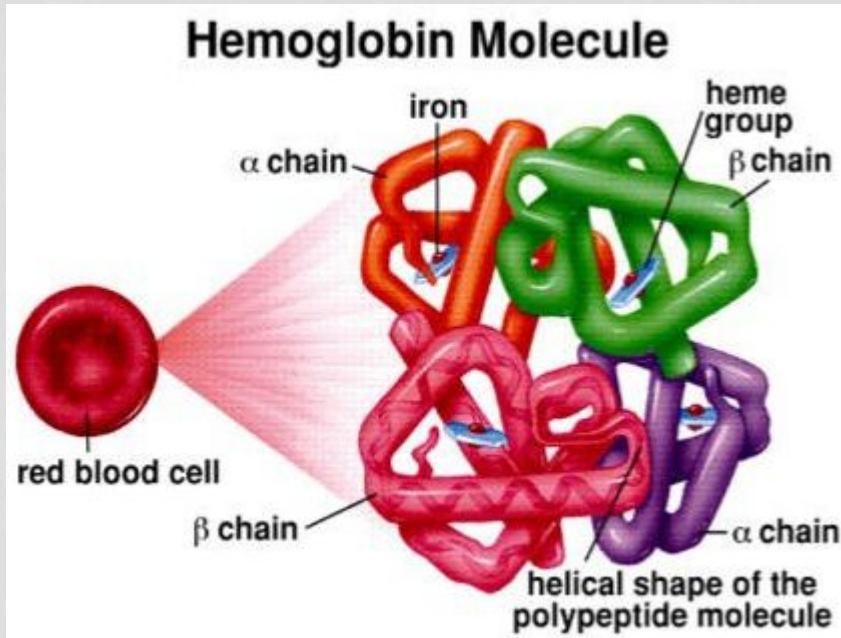
Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?



Transição, Frameshift e patogênica

QUAL O GENÓTIPO

Qual é o tipo de doença responsável por essa mutação ou variante?



INDELS

DELEÇÕES E INSERÇÕES

- ✧ **Deleção ou inserção de base única**
- ✧ **Pequenas deleções e inserções**
- ✧ **Grandes deleções e inserções**
- ✧ ***Crossing-over desigual***
- ✧ **Retrotransposição**

DELEÇÕES E INSERÇÕES

5 10 15 20
| | | |

Sequência de referência ...GGATTTCAGGTAACTCAGTCGA...

SNP

Alelo 1 ...GGATTTCAGGTAACTCAGTCGA...

Alelo 2 ...GGATTTC**C**AGGTAACTCAGTCGA...

Indel A

Alelo 1 ...GGATTTCAGGTAACTCAGTCGA...

Alelo 2 ...GGATTTCAGG**G**TAACTCAGTCGA...

Indel B

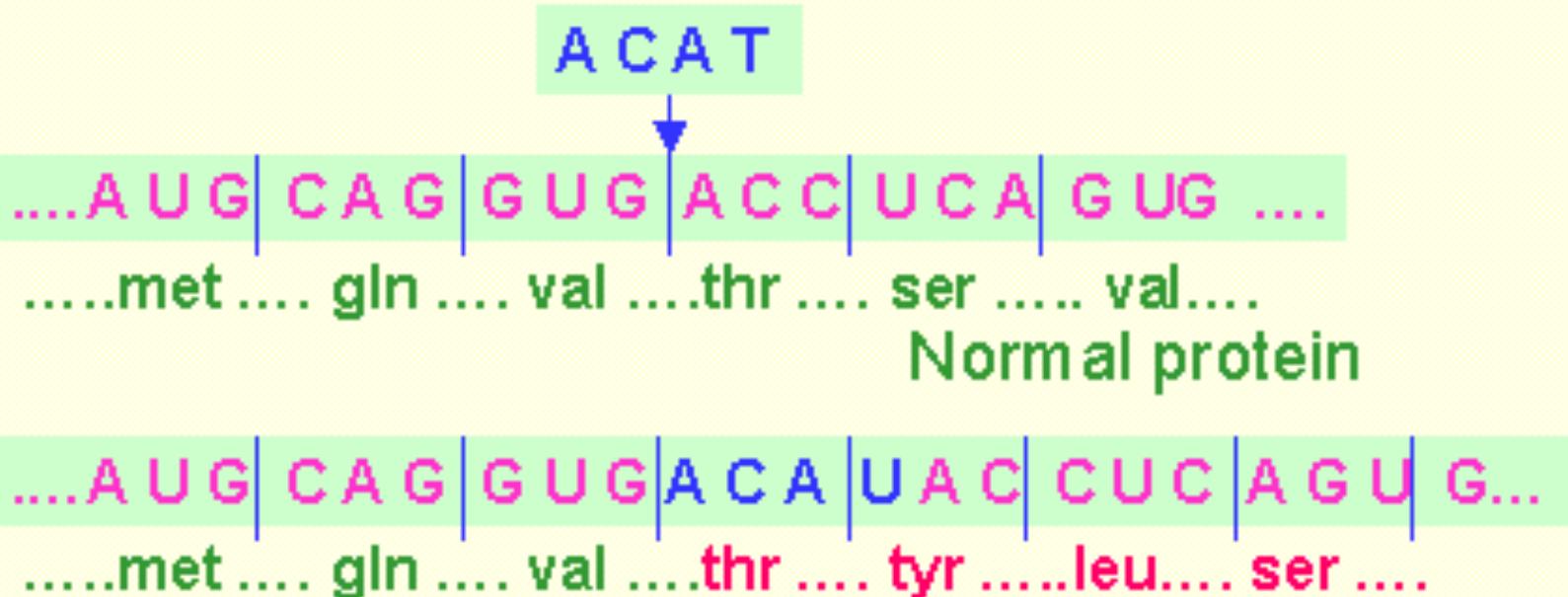
Alelo 1 ...GGATTTCAGGTAACTCAGTCGA...

Alelo 2 ...GGAT**--**CTAGGTAACTCAGTCGA...

Qual o principal tipo de mutação induzida pela inserção ou deleção de nucleotídeo único (tipo de *indel*)?

Frameshift ou mudança de matriz de leitura

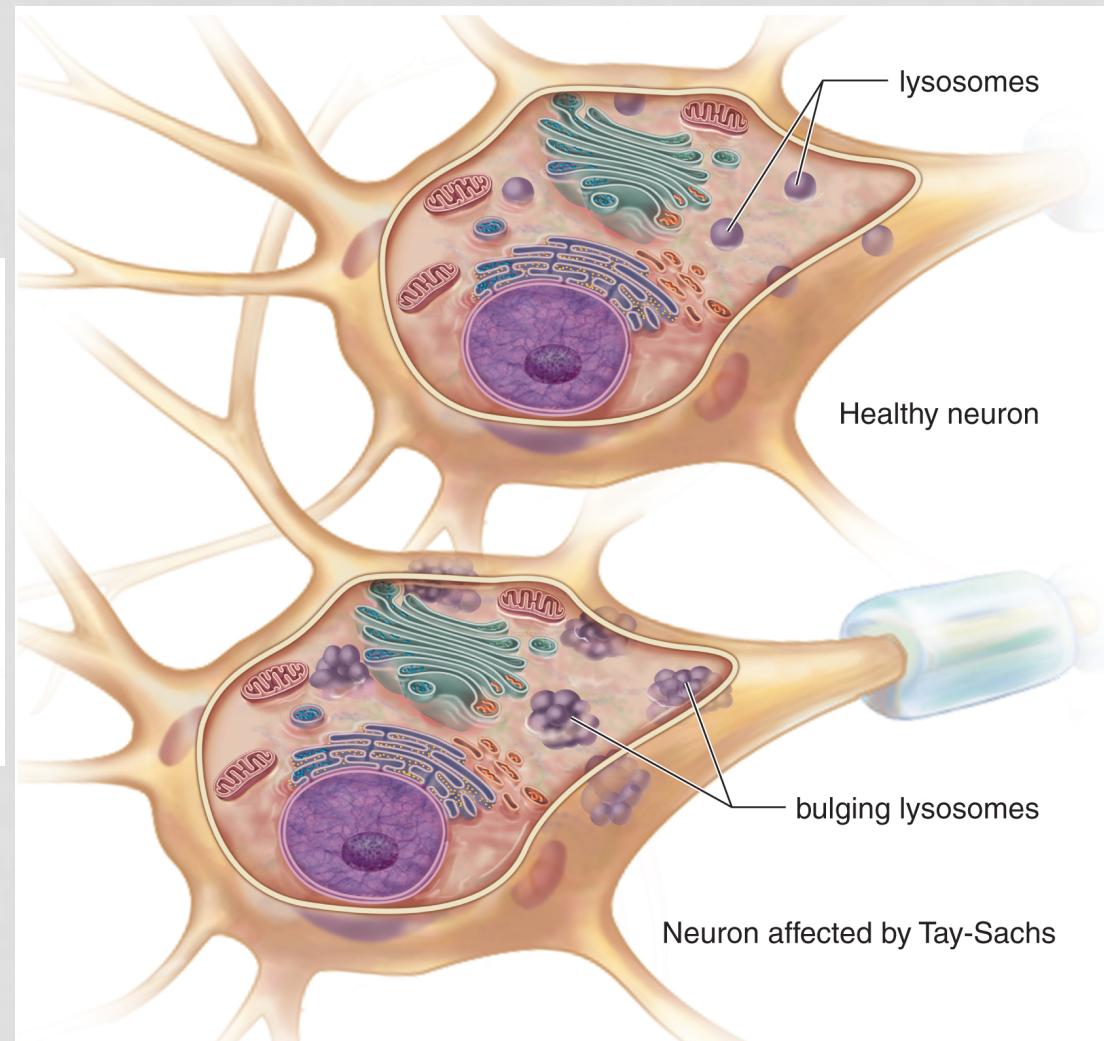
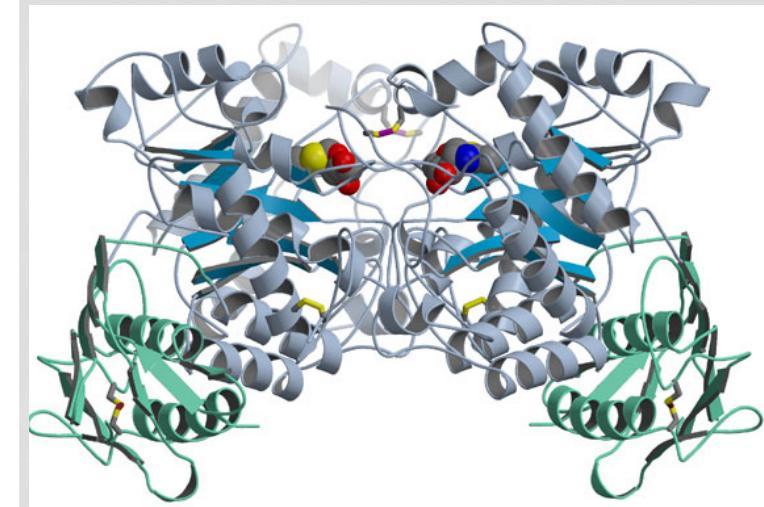
Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?



Inserção, *frameshift* e patogênica

Qual é o tipo de doença responsável por essa mutação ou variante?

Beta-Hexosaminidase B



Como classificar o seguinte tipo de mutação ou variante?

— Ile — Ile — Phe — Gly — Val —
Normal DNA ... T ATC ATC TTT GGT GTT ...

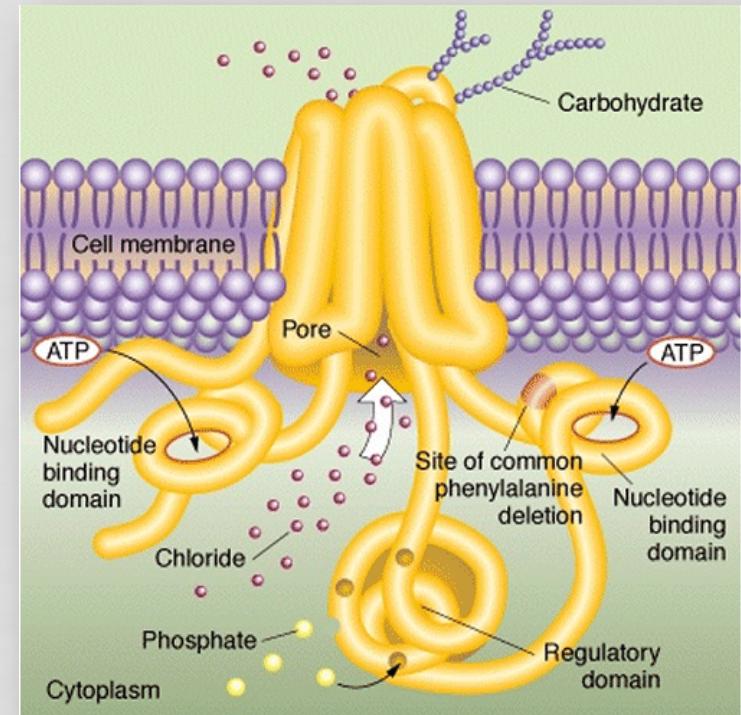
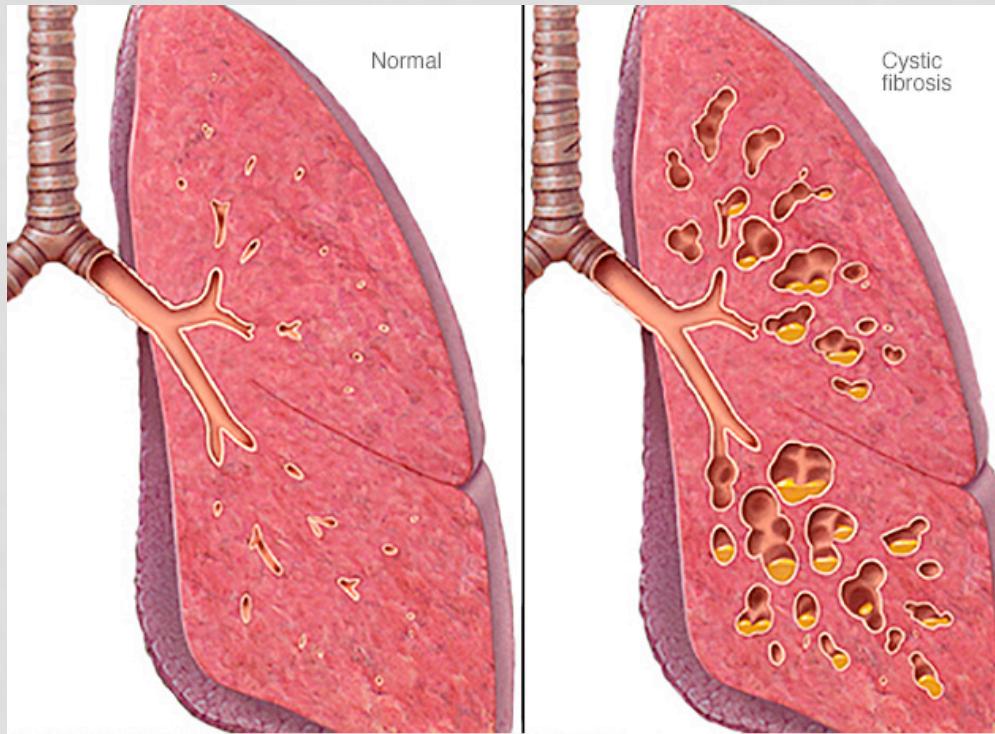
ΔF508
CF DNA ... T ATC AT- -- T GGT GTT ...
— Ile — Ile — — — Gly — Val —



Deleção

Qual é o tipo de doença responsável por essa mutação?

Gene: CFTR (regulador de condutância transmembranal)



QUAL É A NOMENCLATURA DAS MUTAÇÕES

- ☐ Há um banco de dados onde encontram-se todos os polimorfismos do genoma humano.

www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/

- ✧ Inicia com o código **rs** (SNP referência) + **identificador**.
 - Exemplo: **rs76763715**
 - Substituição de aminoácido: **p.N409S**

QUAL É A NOMENCLATURA DAS MUTAÇÕES

www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/

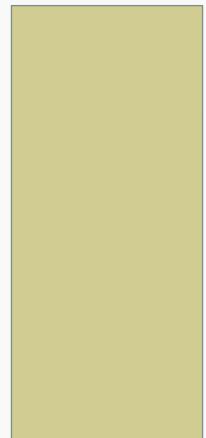
- A mudança no nucleotídeo pode ser escrita de diferentes formas:
 - A/C T→G C>T 432G>C T73C
- Recomendações HGVS:
 - “c.” para sequência codificadora (c.76A>T)
 - “g.” para sequência genômica (g.476A>T)
 - “m.” para DNA mitocondrial (m.8993T>C)

QUAL É A NOMENCLATURA DAS MUTAÇÕES

- “p.” para proteína: Ex. PPARg
 - p.Pro12Ala
 - p.Gln410=
 - p.Pro12X
- Deleções e inserções:
 - **pF508del** em uma proteína (p), deleção de fenilalanina (F) 508
 - **c.6232_6236del** – deleção de cinco nucleotídeos iniciando no nucleotídeo 6232 do cDNA
 - **g.409_410insC** - insere C entre os nucleotídeos 409 e 410 do DNA genômico

EXERCÍCIOS: DINÂMICA DE GRUPO

CORRIDA INTELECTUAL ACADÊMICA



BIBLIOGRAFIA

- 1. Thompson e Thompson, 2016 – 8^a Edição: Nussbaum, McInnes e Willard - Genética Médica – Capítulo 4: Diversidade Genética Humana: Mutação e Polimorfismo**

- 2. Schaefer e Thompson Jr, 2015 – 1^a Edição: - Genética Médica – Uma Abordagem Integrada – Capítulo 7: Mutação**