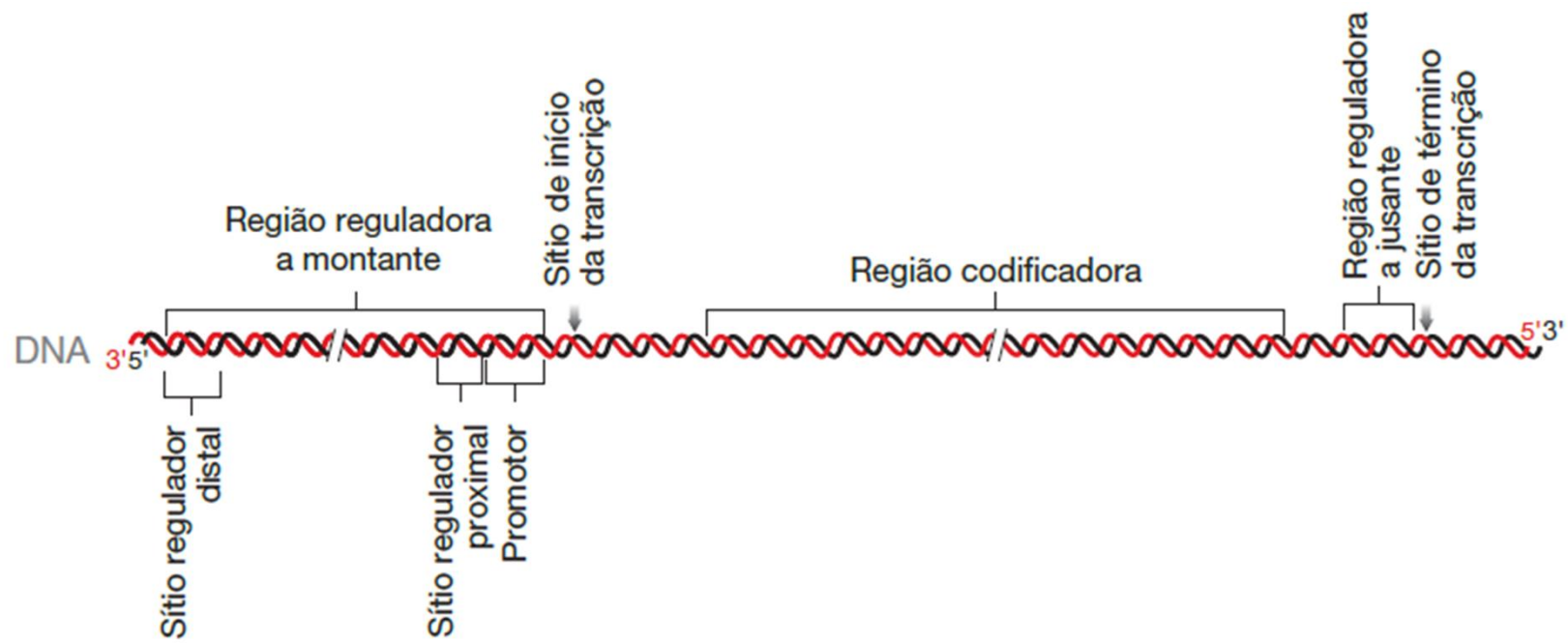
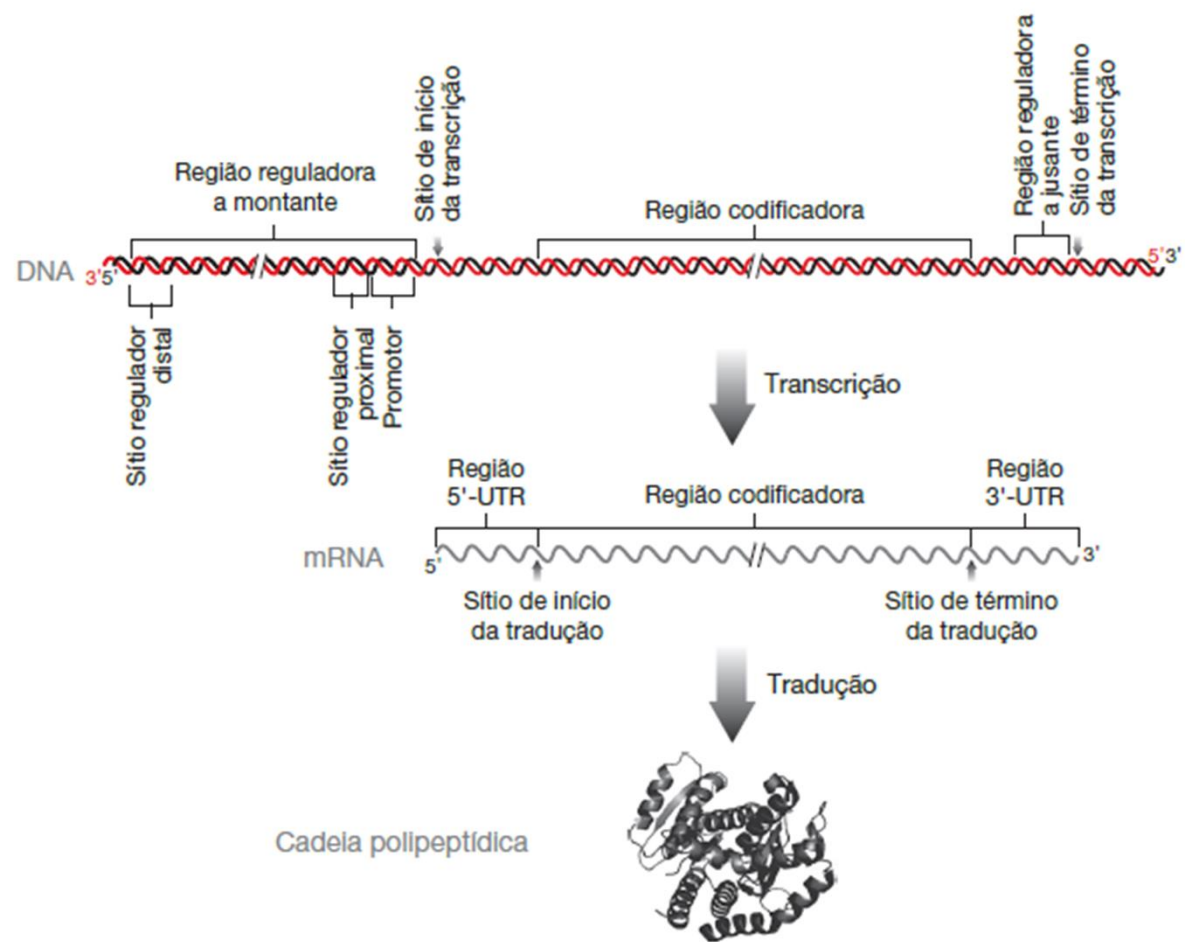


Estrutura Gênica e Transcrição de RNA em Procariotos





Escherichia coli (57 genes)



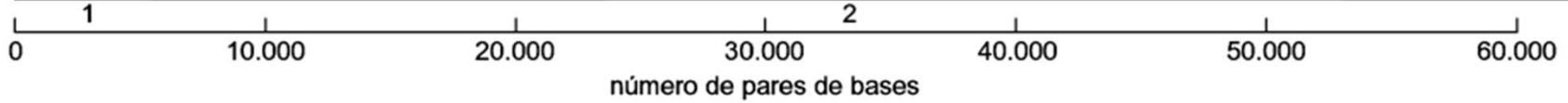
Saccharomyces cerevisiae (31 genes)

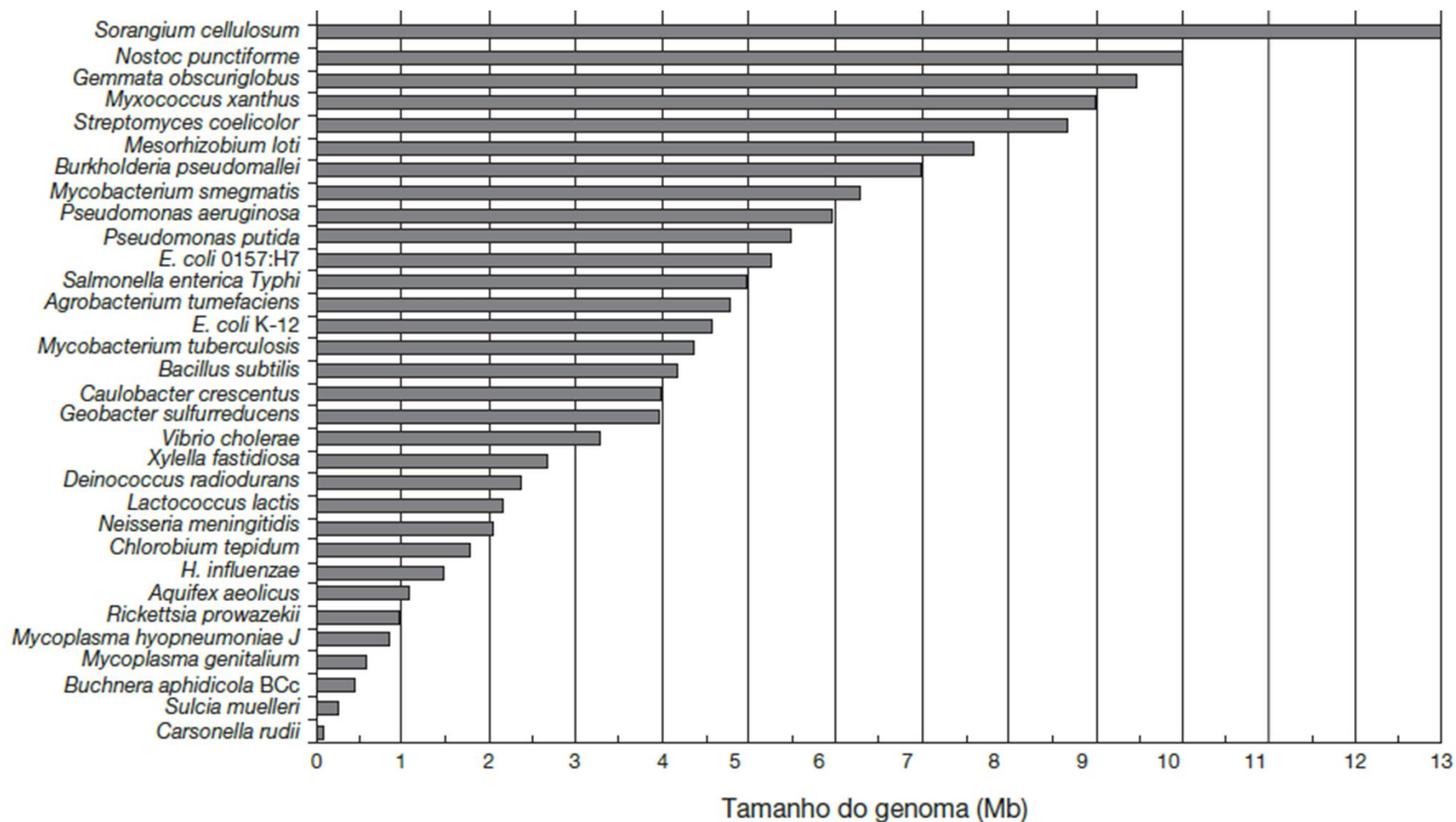


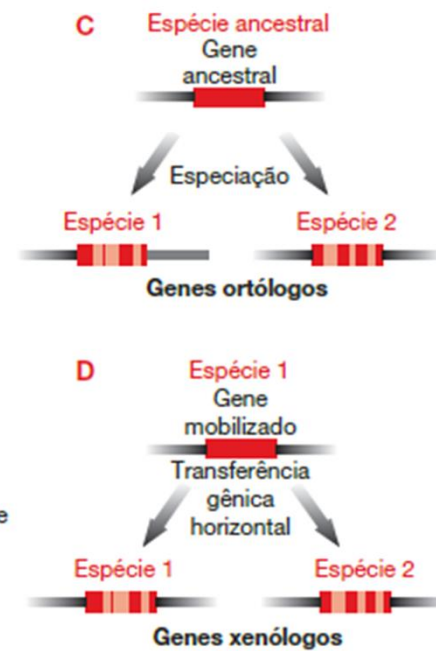
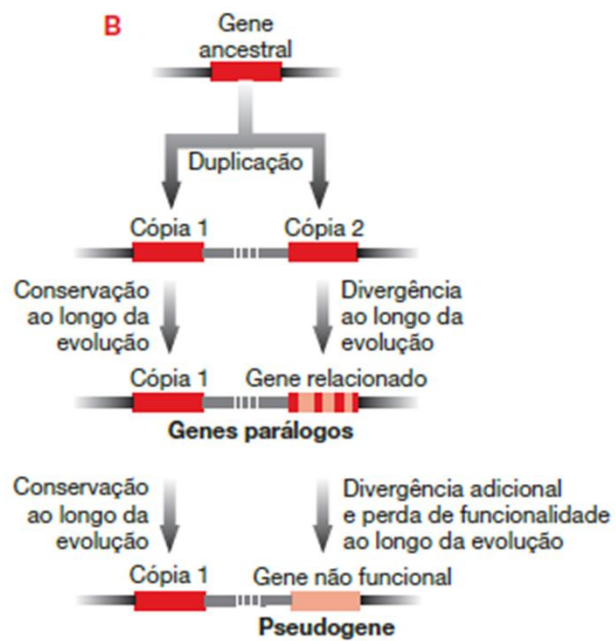
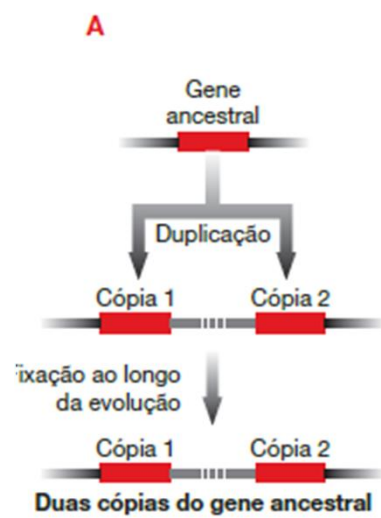
Drosophila melanogaster (9 genes)



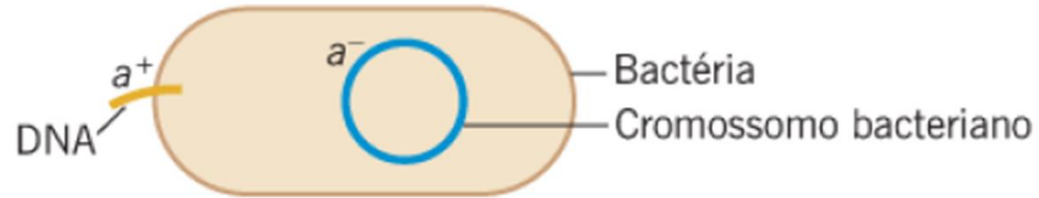
Humano (2 genes)



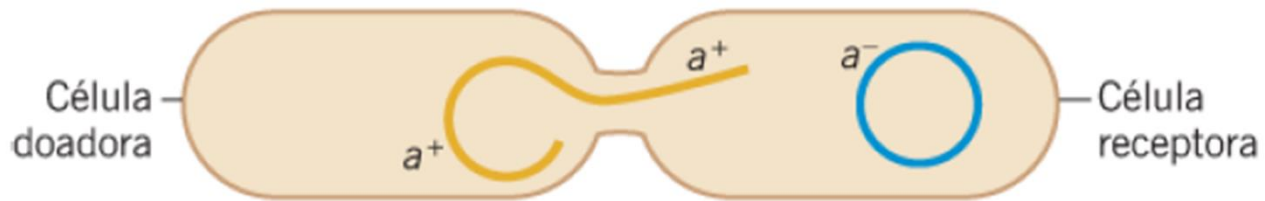




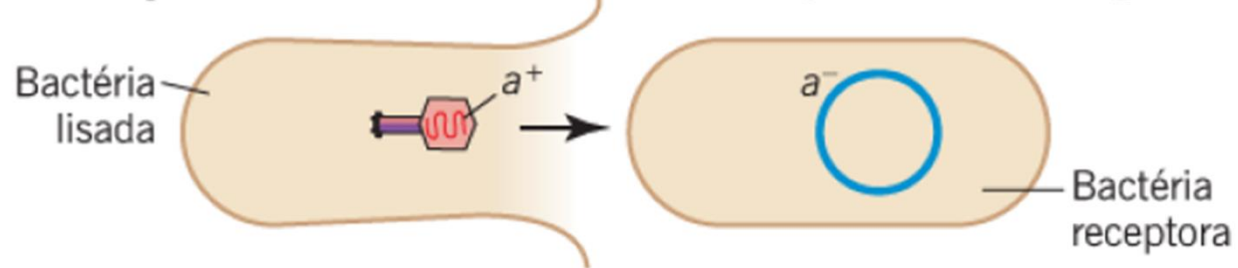
Transformação: captação de DNA livre.

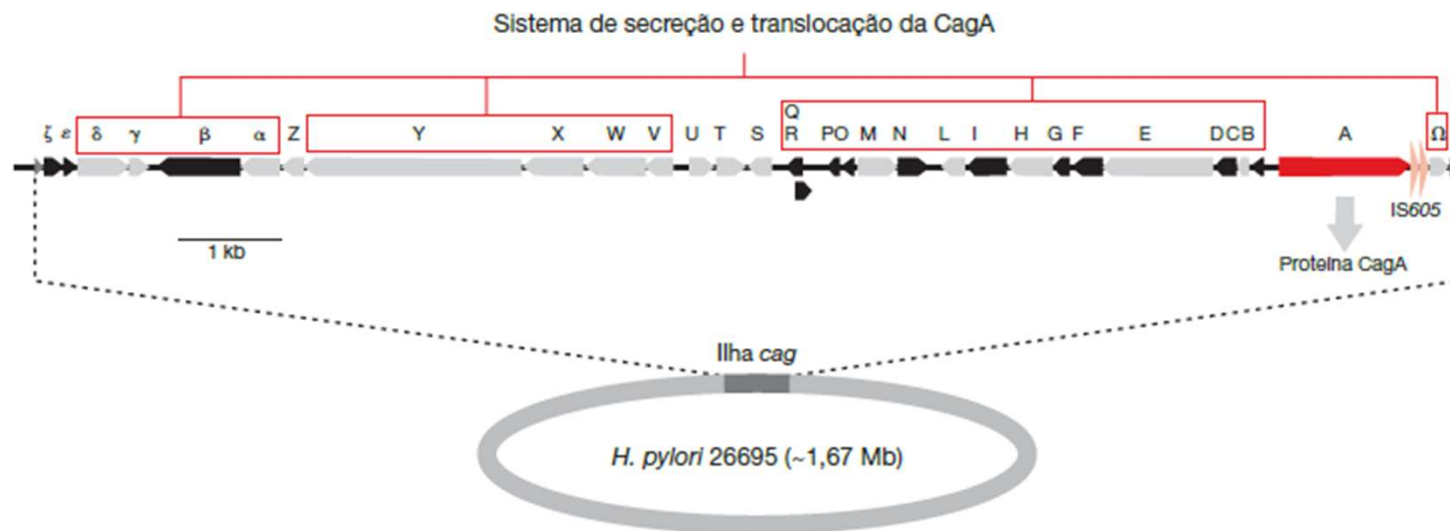


Conjugação: transferência direta de DNA de uma bactéria para outra.



Transdução: transferência de DNA bacteriano por um bacteriófago.





Dezesseis genes da ilha (setas em ■) codificam produtos que levam células da mucosa gástrica a produzirem interleucina 8 (IL-8, uma citocina), o que modula a resposta imune do hospedeiro de modo favorável à bactéria.

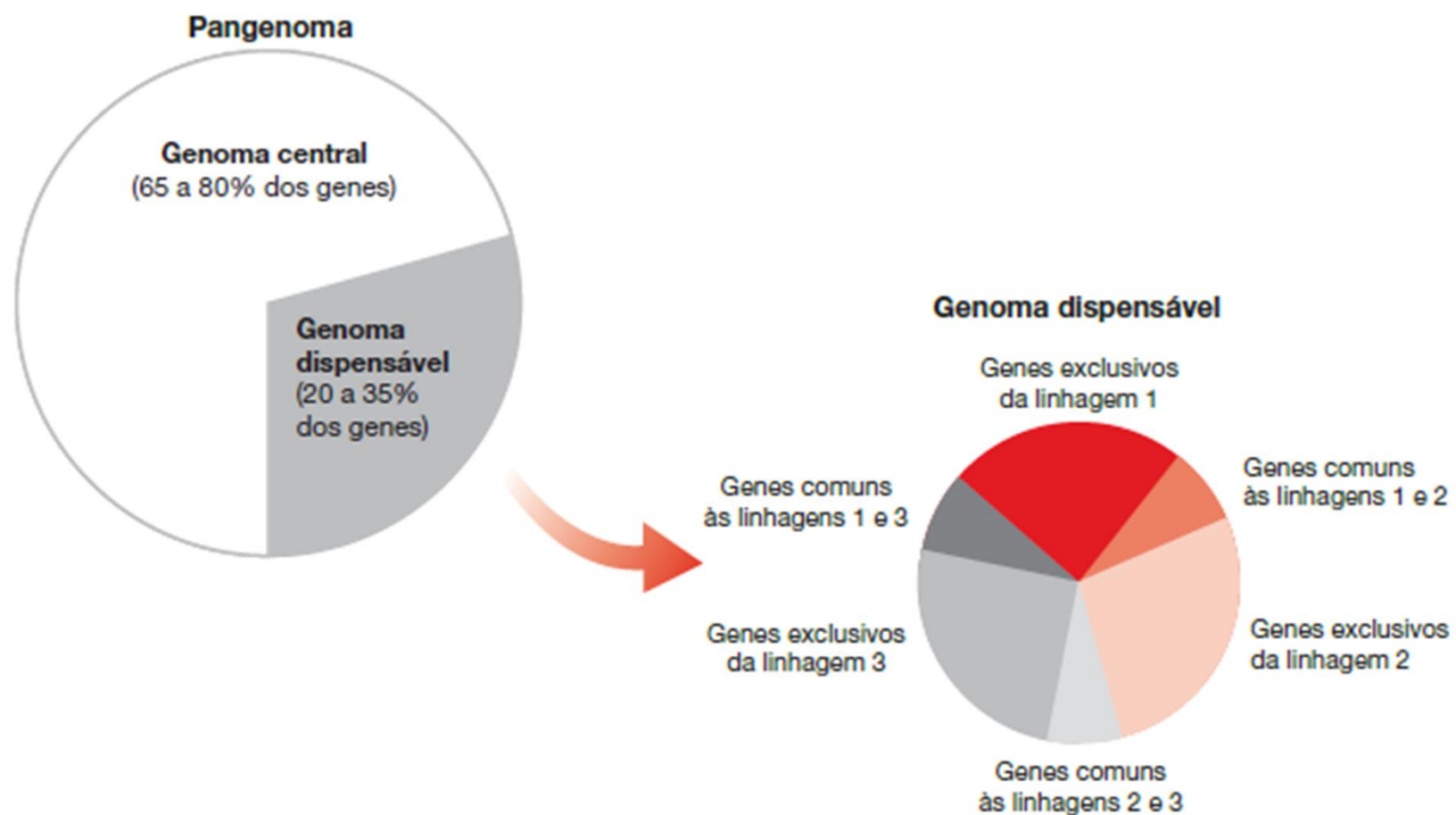


Tabela 4.1 Algumas espécies bacterianas com genomas formados por mais de uma molécula de DNA

Espécies	Tipos de moléculas constituintes do genoma*	Tamanho (kb)	Forma
<i>S. coelicolor</i>	Cromossomo	8.667	Linear
	Plasmídeo	356	Linear
	Plasmídeo	31	Circular
<i>S. coelicolor</i>	Cromossomo	8.667	Linear
	Plasmídeo	356	Linear
	Plasmídeo	31	Circular
<i>Borrelia burgdorferi</i>	Cromossomo	911	Linear
	Plasmídeos (11)	9-54	Circular/Linear
<i>Brucella melitensis</i>	Cromossomo	2.117	Circular
	Cromossomo	1.178	Circular
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	Cromossomo	3.941	Circular
	Megaplasmídeo	192	Circular
<i>D. radiodurans</i>	Cromossomo	2.649	Circular
	Cromossomo	412	Circular
	Megaplasmídeo	177	Circular
	Plasmídeo	46	Circular
<i>Ralstonia solanacearum</i>	Cromossomo	3.716	Circular
	Megaplasmídeo	2.095	Circular
<i>S. enterica</i> Typhi	Cromossomo	4.809	Circular
	Plasmídeo	218	Circular
	Plasmídeo	107	Circular
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	Cromossomo	3.654	Circular
	Megaplasmídeo	1.683	Circular
	Megaplasmídeo	1.354	Circular
<i>V. cholerae</i>	Cromossomo	2.941	Circular
	Cromossomo	1.072	Circular
<i>Yersinia pestis</i>	Cromossomo	4.654	Circular
	Plasmídeos (3)	10-96	Circular

* A denominação de cada molécula componente do genoma está de acordo com sua descrição original para a espécie. A definição como cromossomo, megaplasmídeo ou plasmídeo tem como base, para todas as espécies, o tamanho da molécula e a presença de genes essenciais, mas os parâmetros quantitativos foram estabelecidos arbitrariamente para cada espécie e, portanto, podem diferir entre elas.

Tabela 4.2 Forma e organização em replicons de cromossomos de Bacteria, Archaea e Eukarya. A situação de Archaea é representada por algumas das espécies que já tiveram seus genomas estudados quanto ao número de origens de replicação. Para Bacteria e Eukarya, foram feitas generalizações baseadas em evidências experimentais concordantes, disponíveis para diversas espécies

Domínio	Espécie	Forma do(s) cromossomo(s)	Número de cromossomos	Número de origens de replicação (ou de replicons) por cromossomo
Bacteria	Todas	Circular ^a	1 ^b	1
Archaea	<i>A. fulgidus</i>	Circular	1	1
	<i>Halobacterium</i> sp. NRC-1	Circular	1 (e 2 plasmídeos)	2
	<i>M. thermautotrophicus</i>	Circular	1	1
	<i>Methanosarcina mazei</i>	Circular	1	1
	<i>Pyrococcus abyssi</i>	Circular	1 (e 1 plasmídeo)	1
	<i>P. furiosus</i>	Circular	1	1
	<i>M. jannaschii</i>	Circular	1 (e 2 elementos extracromossômicos)	2
	<i>Sulfolobus acidocaldarius</i>	Circular	1	3
	<i>S. solfataricus</i>	Circular	1	2
Eukarya	Todas	Linear	Vários	Centenas ou milhares

^a Casos de cromossomos lineares são considerados exceções.

^b Casos de genomas multimoleculares são considerados exceções.

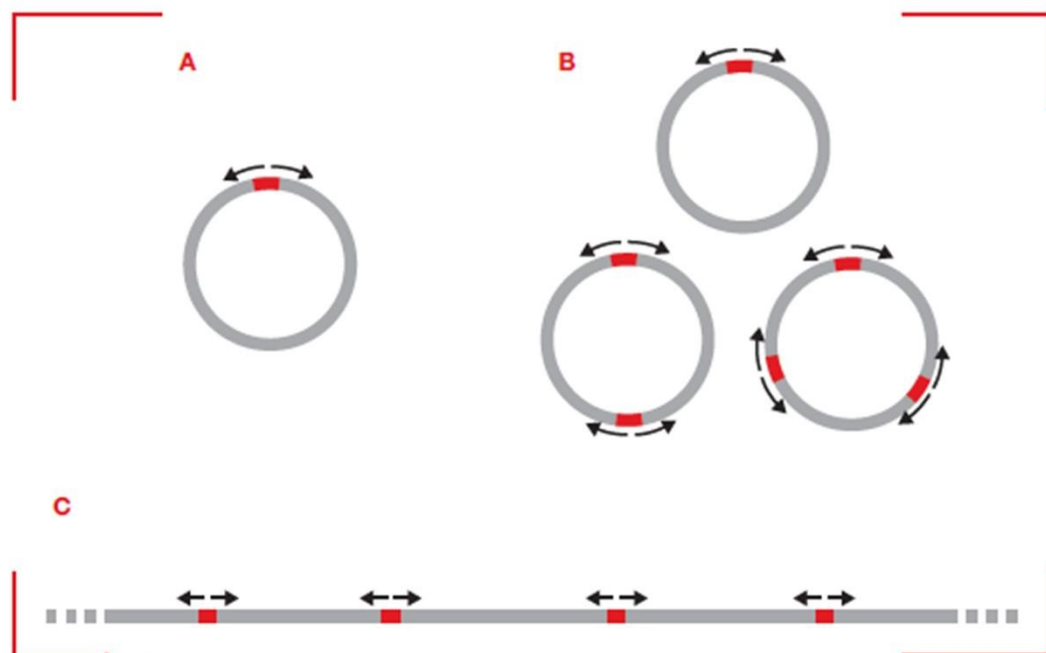
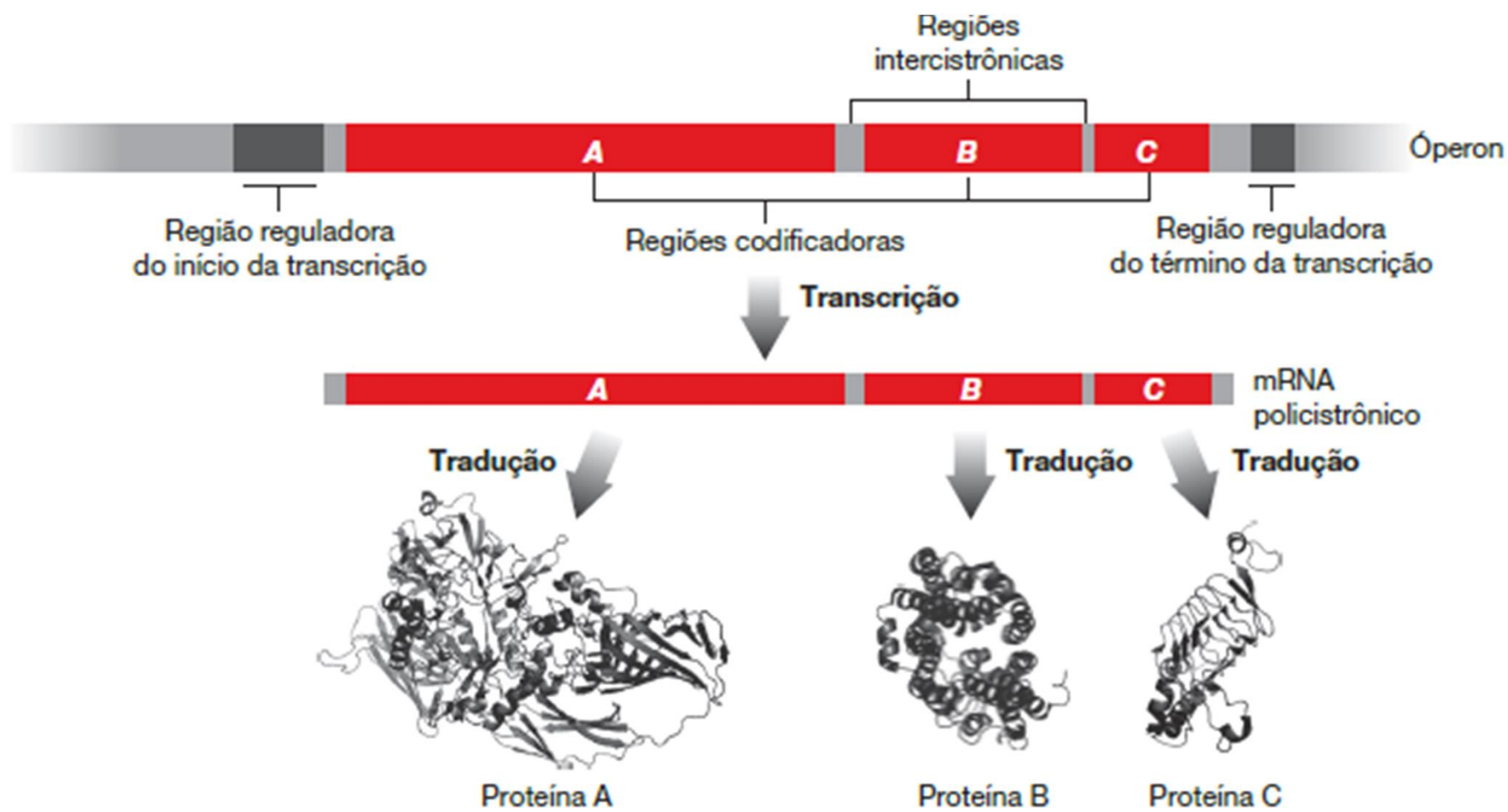
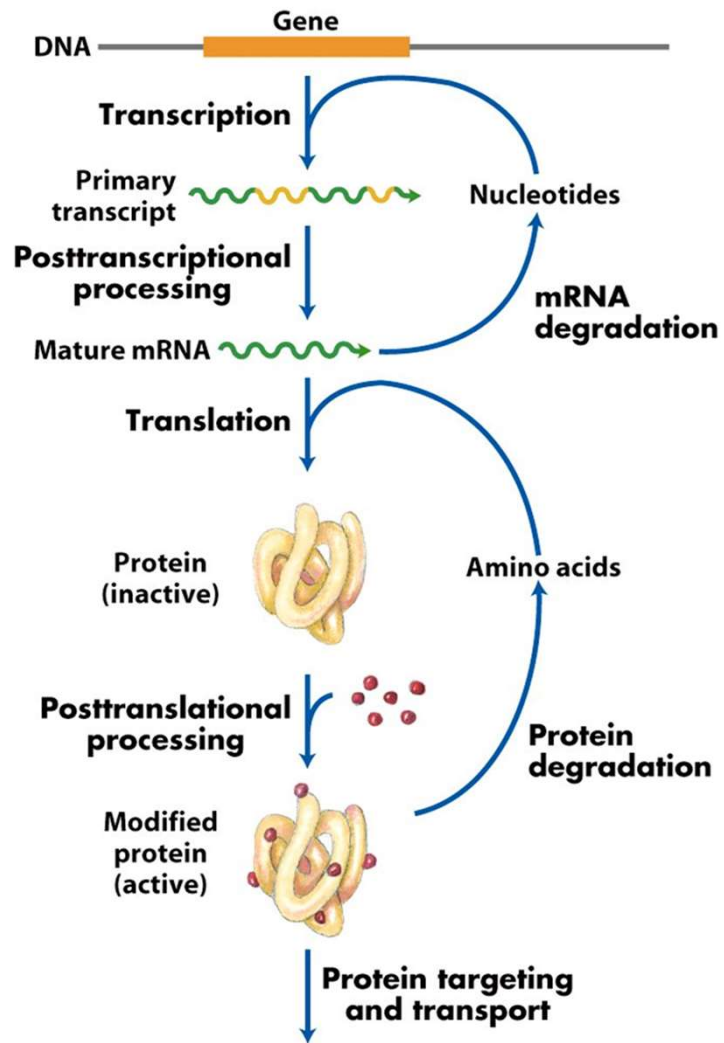
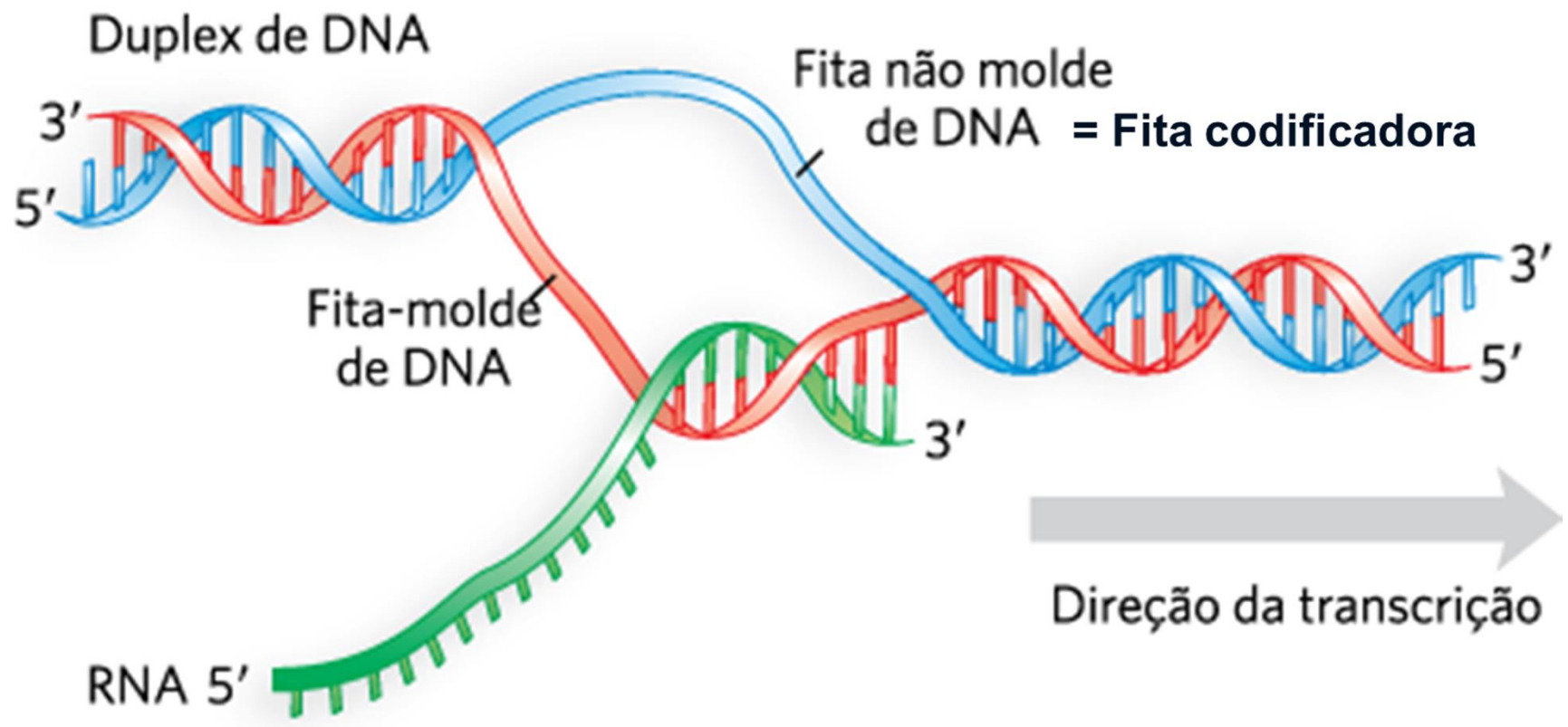


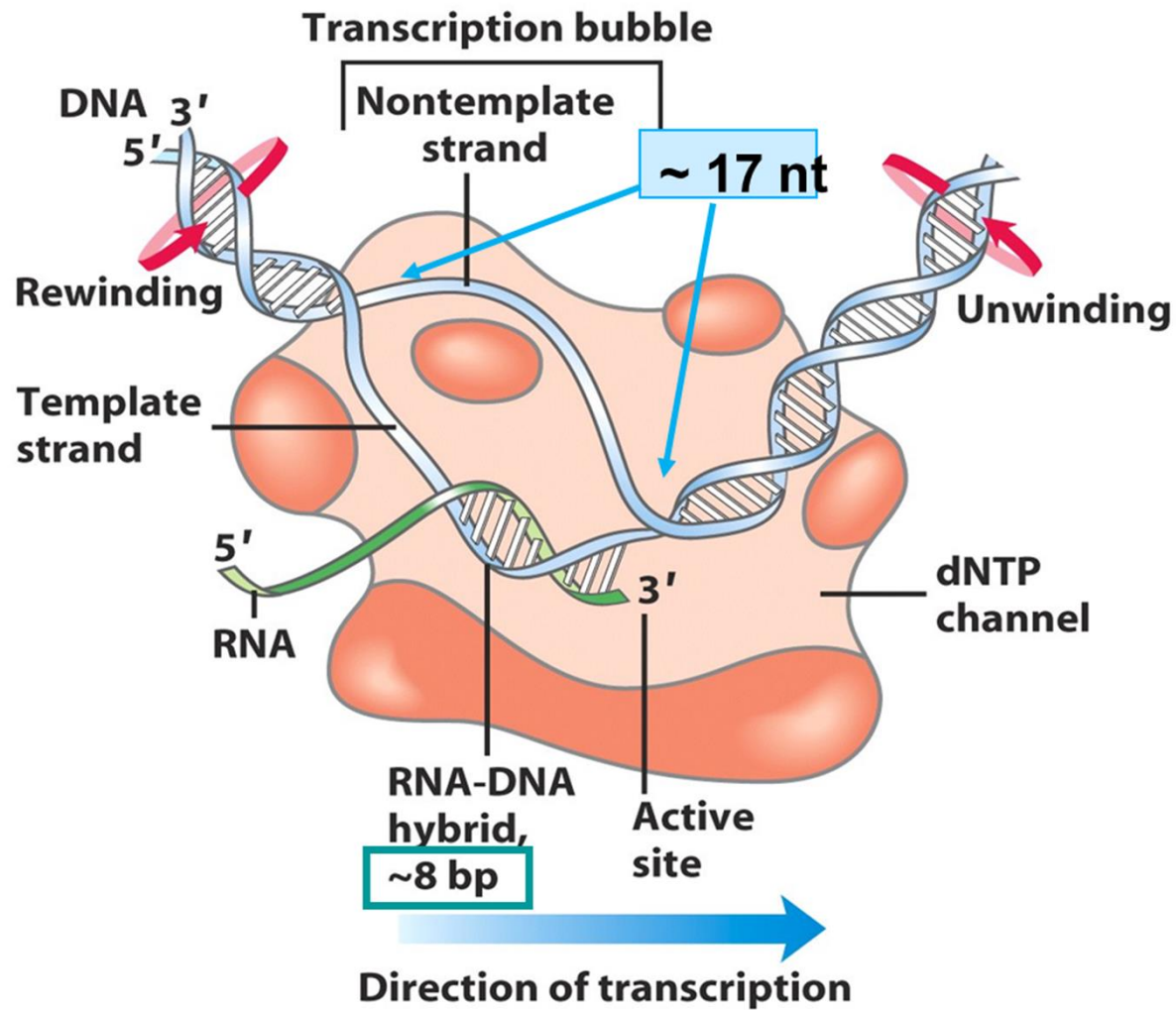
Figura 4.4

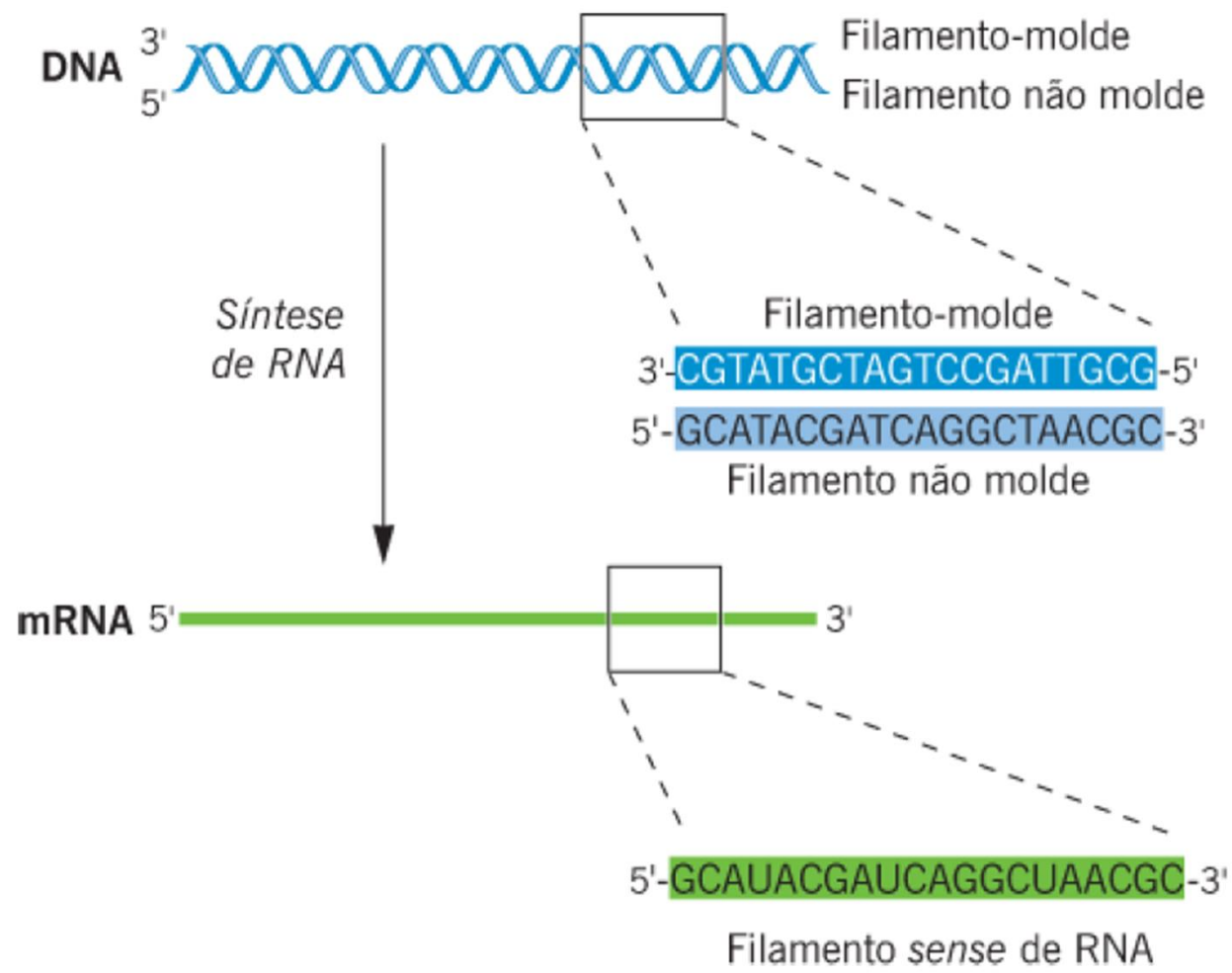
Organização em replicons de cromossomos de bactérias, arqueas e eucariotos. Cromossomos bacterianos (A), tipicamente circulares, apresentam uma única origem de replicação e, portanto, constituem um único replicon. Cromossomos de arqueas (B) também são circulares, mas, dependendo da espécie, podem ter uma, duas ou três origens de replicação, constituindo um, dois ou três replicons, respectivamente. Cromossomos eucarióticos (C), por sua vez, são lineares e estão organizados em centenas ou milhares de replicons. As origens de replicação estão representadas em ■; a cada ciclo de divisão celular, um processo de replicação bidirecional (indicado por um par de setas em ■ divergentes) inicia a partir de cada origem.











(5') CGCTATAGCGTTT (3')

Fita de DNA não molde (codificadora)

(3') GCGATATCGCAA (5')

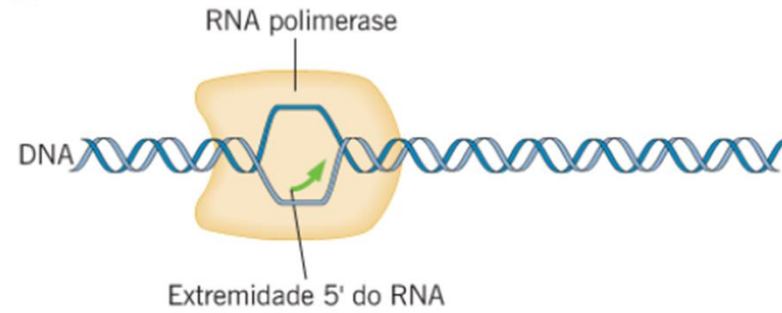
Fita de DNA molde

(5') CGCUAUAGCGUUU (3')

Transcrito de RNA

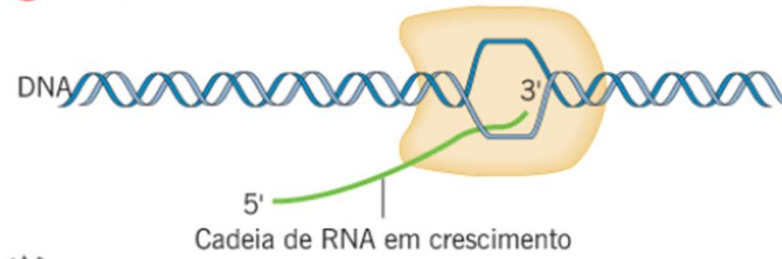
ETAPA

1 Iniciação da cadeia de RNA



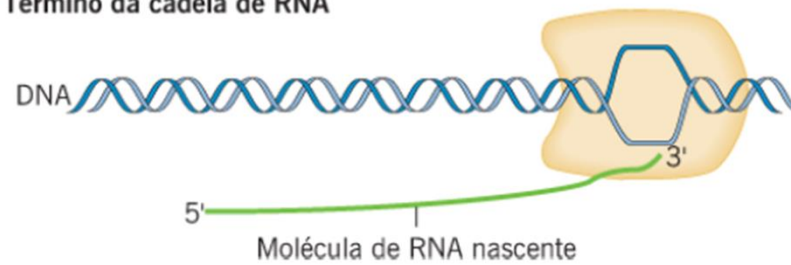
ETAPA

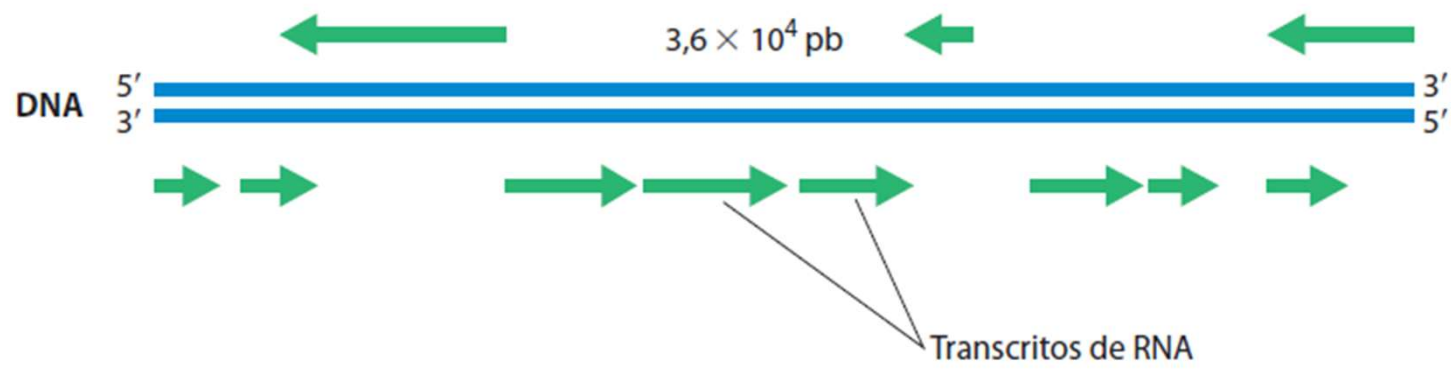
2 Alongamento da cadeia de RNA



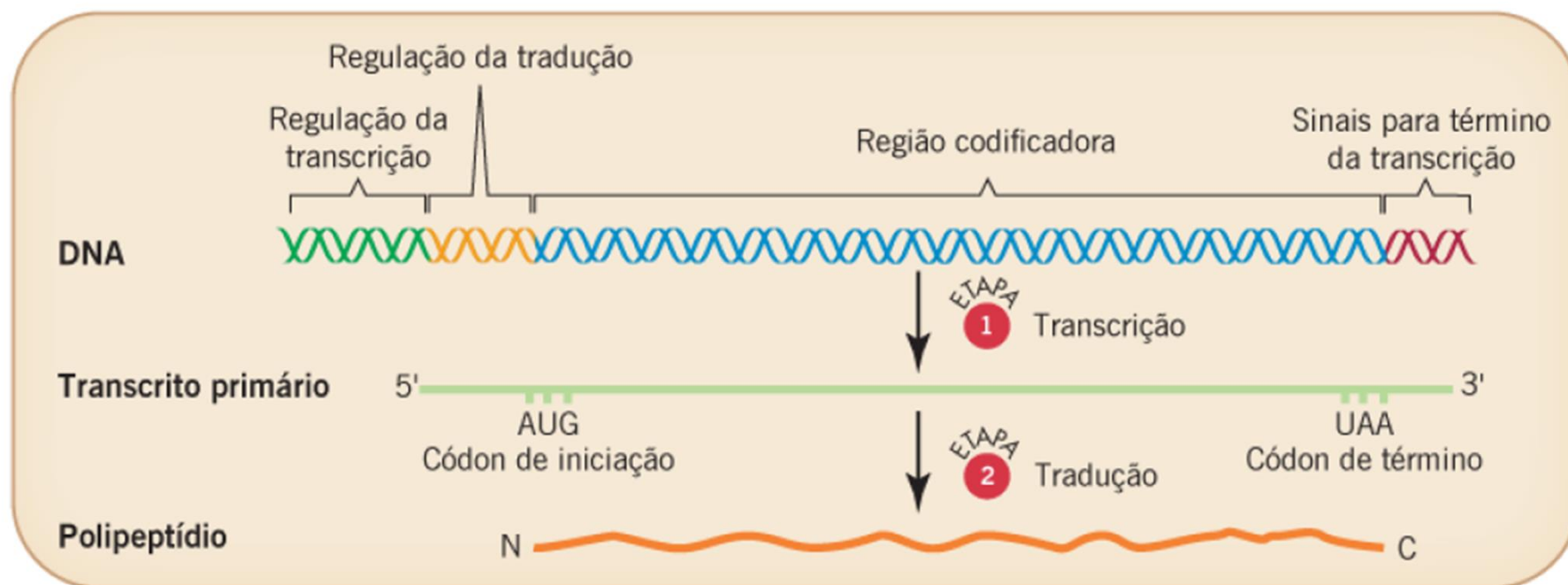
ETAPA

3 Término da cadeia de RNA





A. Expressão gênica procariótica



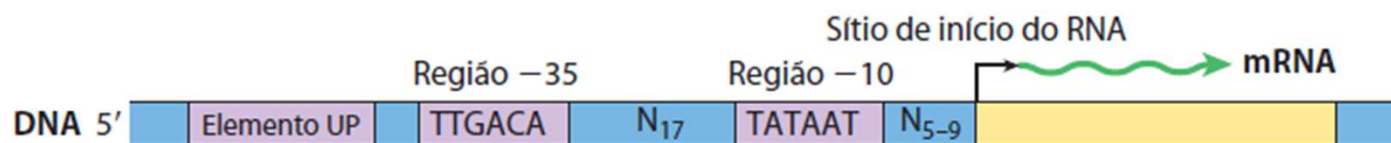
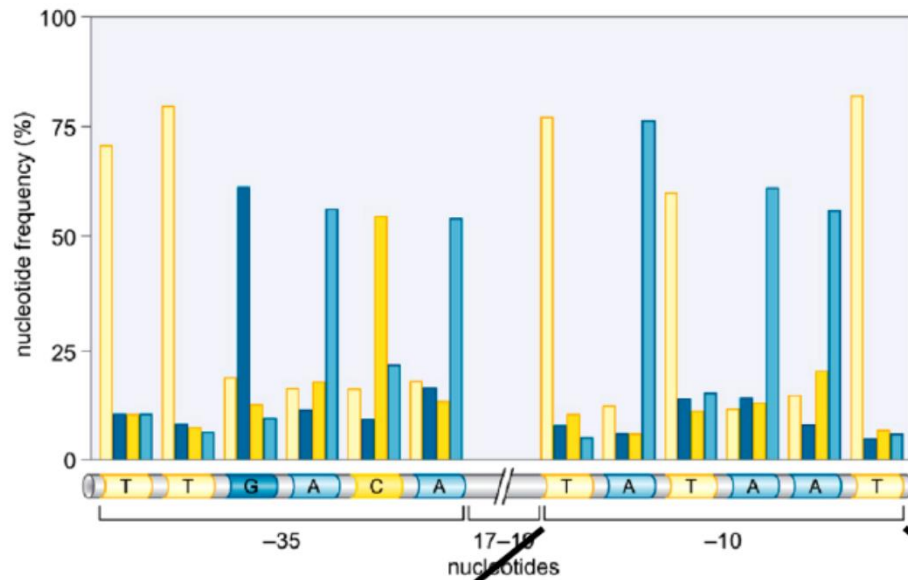


FIGURA 28-2 Sequência consensual para vários promotores de *E. coli*. A maioria das substituições de bases nas regiões -10 e -35 tem um efeito negativo no funcionamento do promotor. Alguns promotores também incluem o elemento UP (promotor a montante) (ver Figura 26-5).

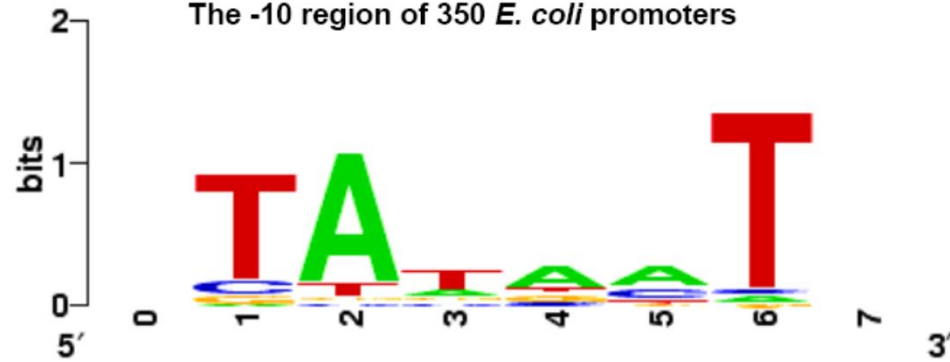
(a) Strong *E. coli* promoters

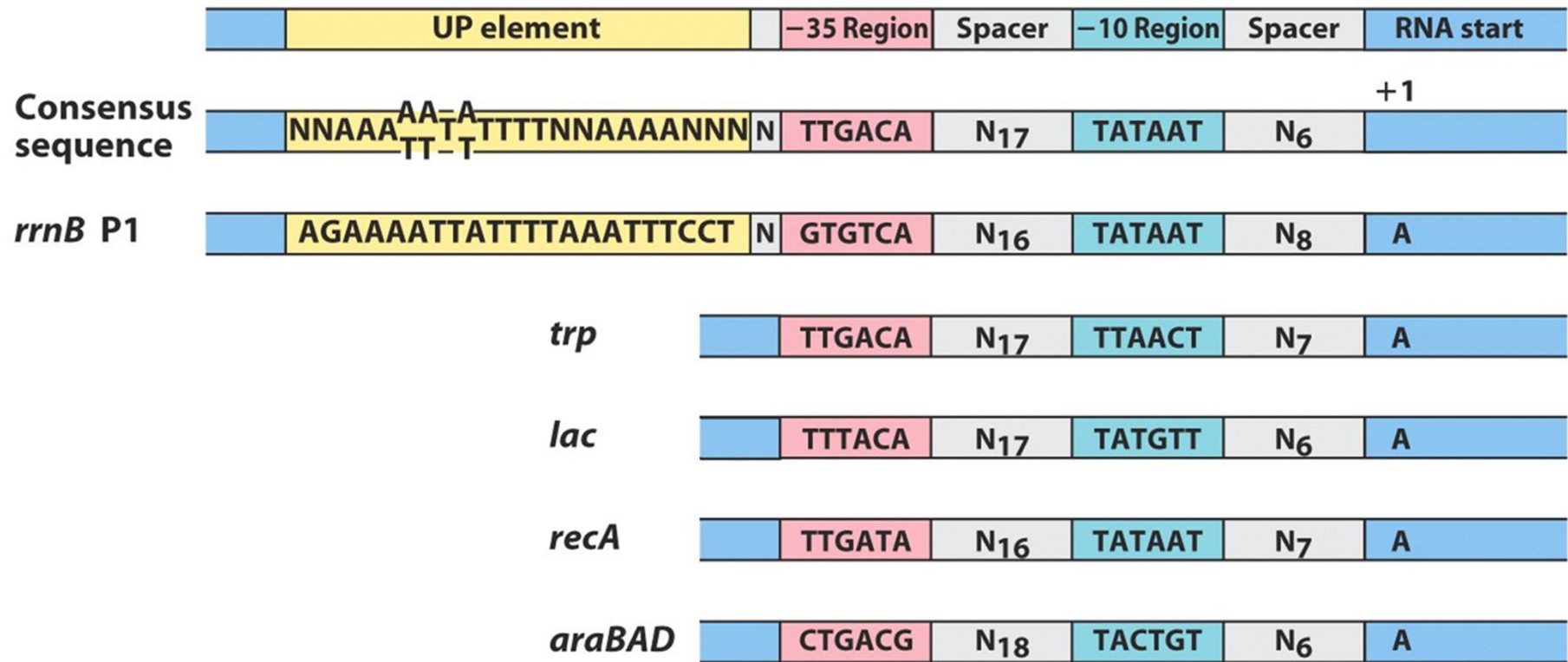
tyr tRNA	TCTCAACGTAACAC	TTTACA	GCGGCG	••CGTCATTTGA	TATGAT	GC	•GCCCC	GCTTCCCGATAAGGG
rrn D1	GATCAAAAAAATAC	TTGTG	CAAAAAA	••TTGGGATCCC	TATAAT	GCGCCTCC	GTTGAGACGACAACG	
rrn X1	ATGCATTTTTCCGC	TTGTCT	T CCTGA	••GCCGACTCCC	TATAAT	GCGCCTCC	ATCGACACGGCGGAT	
rrn (DXE) ₂	CCTGAAATTCAGGG	TTGACT	TCTGAAA	••GAGGAAAGCG	TAATATAC	•GCCAC	CTCGCGACAGTGAGC	
rrn E1	CTGCAATTTTTCTA	TTGCGGC	CTGCG	••GAGAACTCCC	TATAAT	GCGCCTCC	ATCGACACGGCGGAT	
rrn A1	TTTTAAATTTCTC	TTGTCA	GGCCGG	••AATAACTCCC	TATAAT	GCGCCACC	ACTGACACGGAACAA	
rrn A2	GCAAAAATAAATGC	TTGACT	TCTGTAG	••CGGGAAGGCG	TATTATGC	•ACACC	CCGCGCCGCTGAGAA	
λ P _R	TAACACCGTGCGTG	TTGACT	TATTTTA	•CCTCTGGCGGTGATAAT	GG	••TTGC	ATGTACTAAGGAGGT	
λ P _L	TATCTCTGGCGGTG	TTGACAT	AAATA	•CCTCTGGCGGTGATACT	GA	••GCAC	ATCAGCAGGACGCAC	
T7 A3	GTGAAACAAAACGG	TTGACA	AACATGA	•AGTAAACACGGTACGAT	GT	•ACCAC	ATGAAACGACAGTGA	
T7 A1	TATCAAAAAGAGTA	TTGACT	TAAAGT	•CTAACCTATAGGATACT	TA	•CAGCC	ATCGAGAGGGACACG	
T7 A2	ACGAAAAACAGGTA	TTGACA	AACATGAAGTAACATGCAG	TAAGATAC	•AAATC	GCTAGGTAACACTAG		
fd VIII	GATACAAATCTCCG	TTGTACT	TTTGTT	••TCGCGCTTGGTATAAT	CG	•CTGGG	GTCAAAGATGAGTG	
		-35			-10		+1 	



Sequence Logo

The -10 region of 350 *E. coli* promoters





UP element -35 Region Spacer -10 Region Spacer RNA start

Consensus sequence

NNAAA^{AA-A}_{TT-T}TTTNNAAAANN N TTGACA N₁₇ TATAAT N₆ +1

rrnB P1

AGAAAATTATTTTAAATTCCT N GTGTCA N₁₆ TATAAT N₈ A

trp

TTGACA N₁₇ TTAACT N₇ A

lac

TTTACA N₁₇ TATGTT N₆ A

recA

TTGATA N₁₆ TATAAT N₇ A

araBAD

CTGACG N₁₈ TACTGT N₆ A

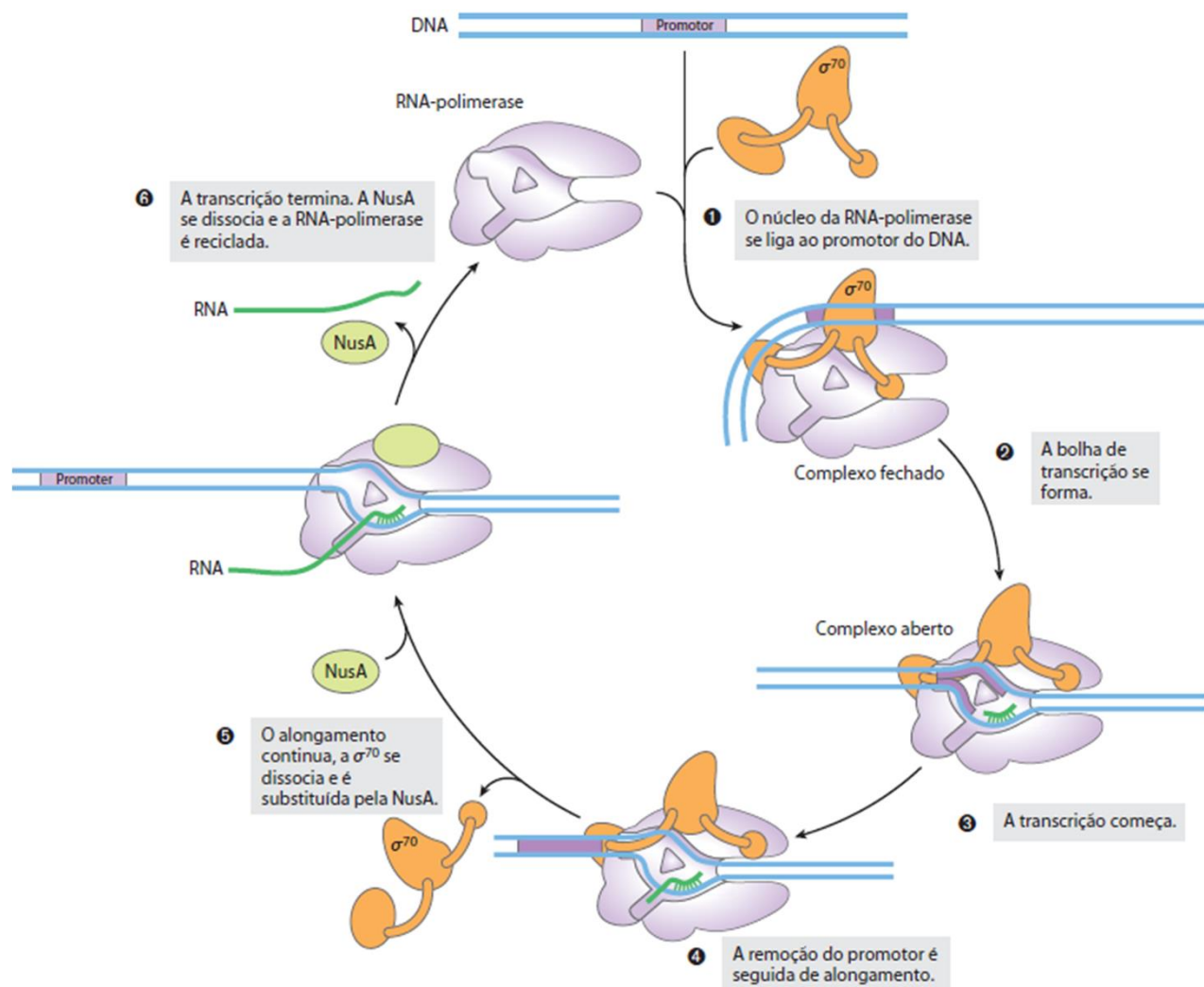


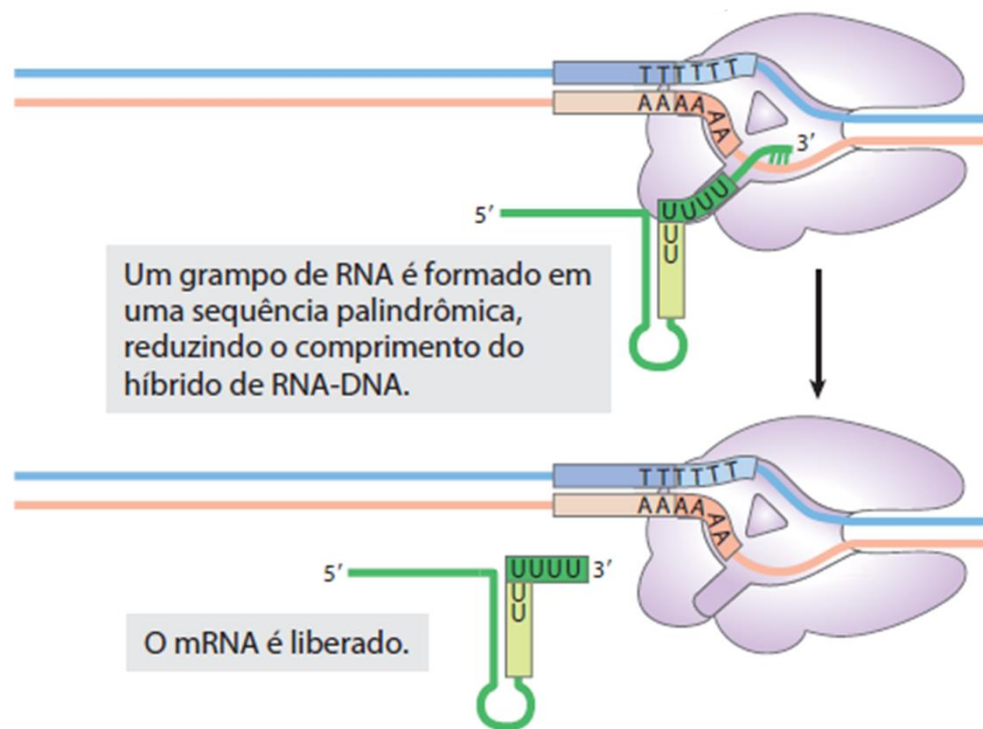
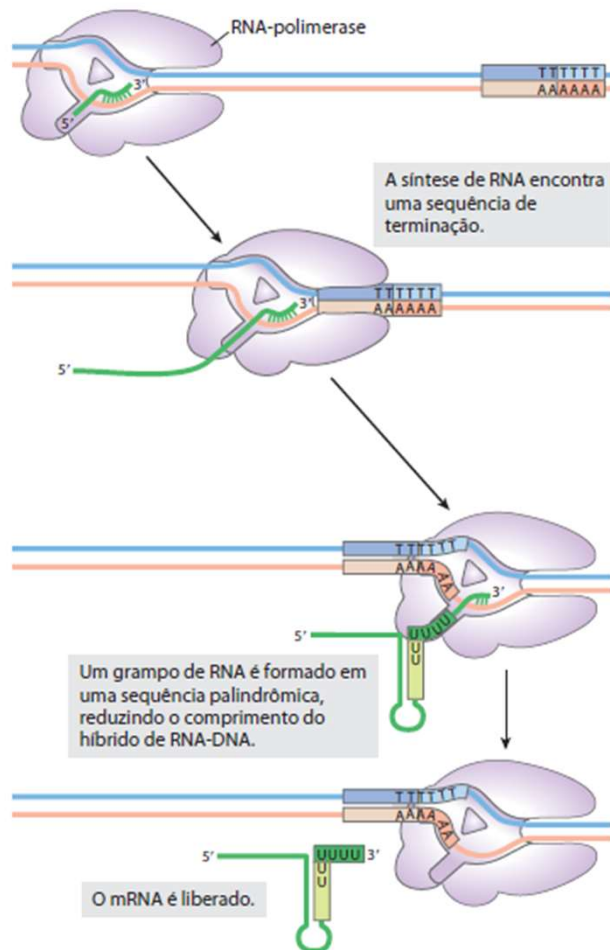
TABLE 10-1 Sigma Factors of *E. coli*

Sigma Factor	Promoters Recognized	Promoter Consensus	
σ^{70}	Most genes	-35 Region TTGACAT	-10 Region TATAAT
σ^{32}	Genes induced by heat shock	TCTCNCCCTTGAA	CCCCATNTA
σ^{28}	Genes for motility and chemotaxis	CTAAA	CCGATAT
σ^{38}	Genes for stationary phase and stress response	?	?
σ^{54}	Genes for nitrogen metabolism and other functions	-24 Region CTGGNA	-12 Region TTGCA

SOURCES: C. A. Gross, M. Lonetto, and R. Losick, 1992, in S. L. McKnight and K. R. Yamamoto, eds., *Transcriptional Regulation*, Cold Spring Harbor Laboratory Press; D. N. Arnosti and M. J. Chamberlin, 1989, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA* **86**:830; R. Hengge-Aronsis, 1996, *Mol. Microbiol.* **21**:887.

- **Constitutiva**
 - gene “ligado” o tempo todo
- **Regulada**
 - Gene só é expresso se necessário
 - regulação positiva
 - regulação negativa

(a) Terminação independente de ρ



(b) Terminação dependente de ρ

