

EVOLUÇÃO MOLECULAR

RIBOZIMAS

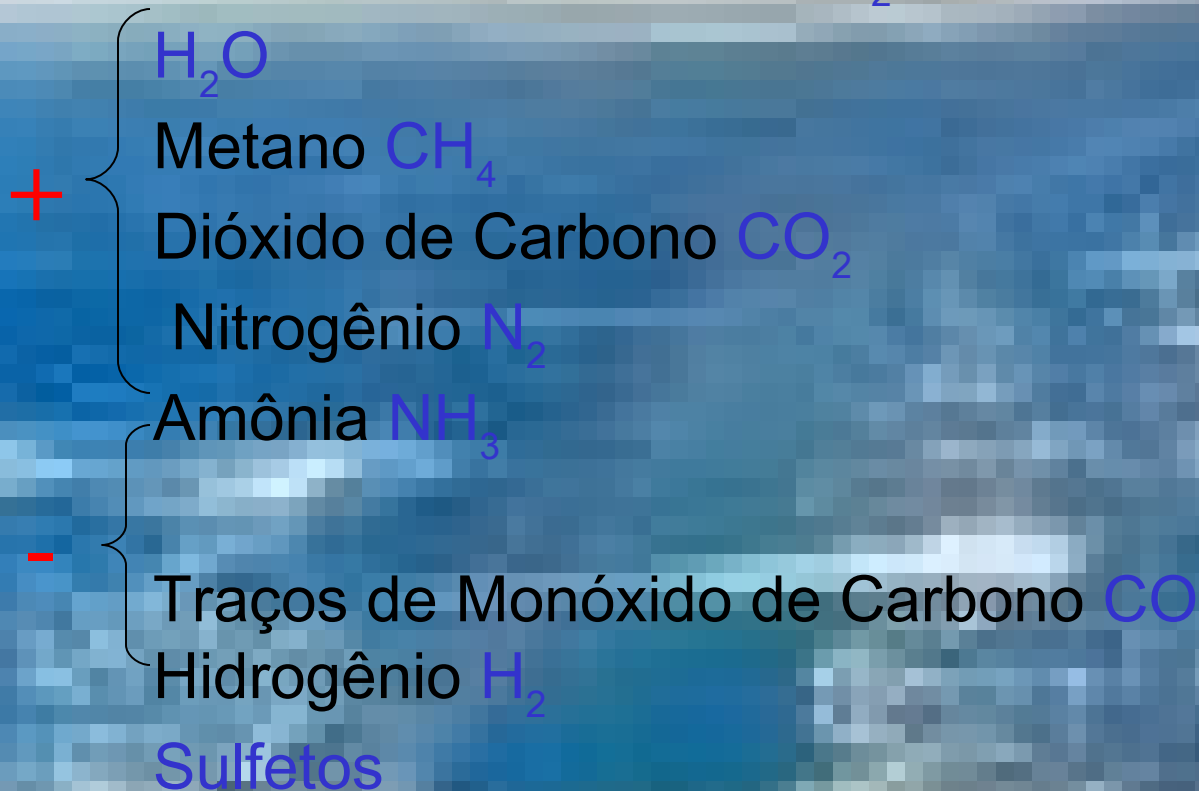
Sileine Costa Rodrigues

Orientador: Dr. Airtton Deppman

Terra Primitiva

4,6 bilhões de anos

Baixa concentração de O_2

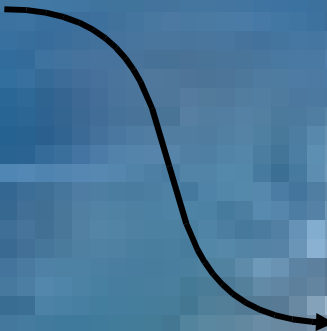


Síntese de moléculas biológicas

GASES

+

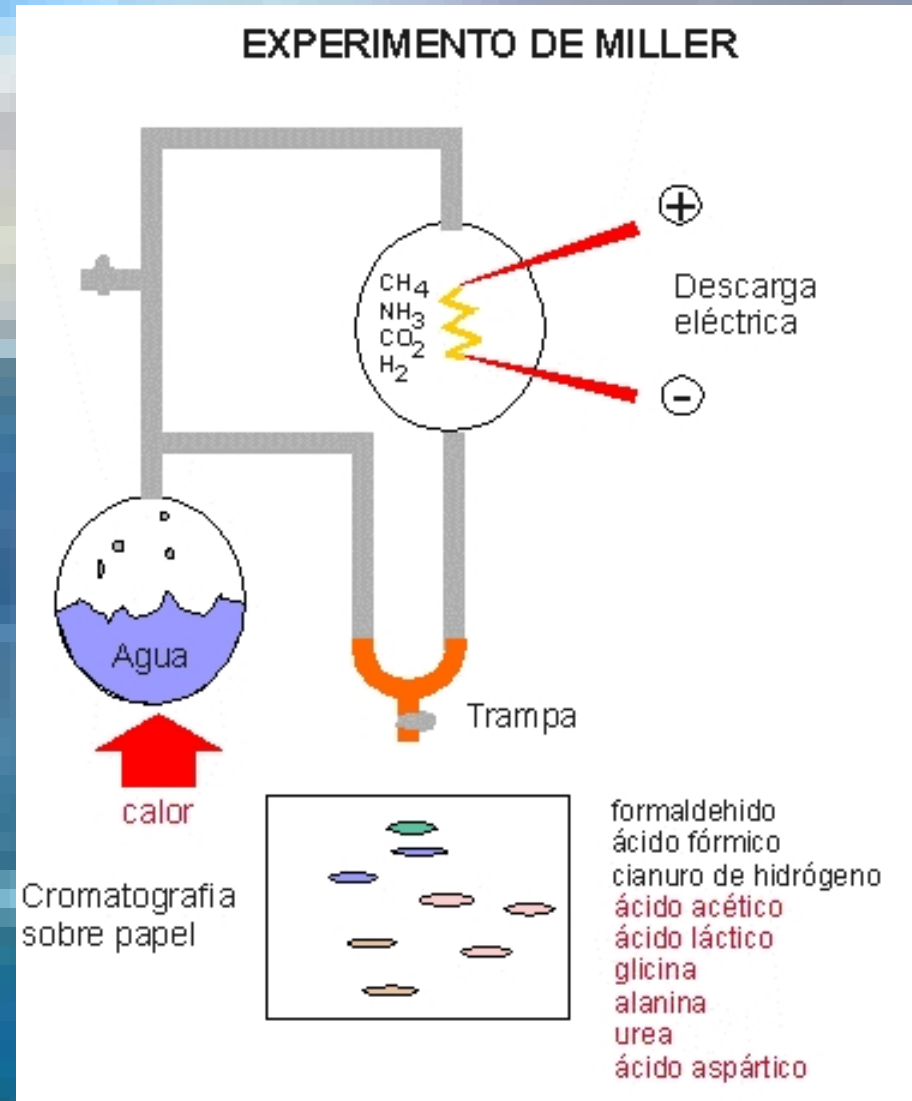
FONTES DE ENERGIA



- UV
- Relâmpagos
- Radioatividade
- Impacto de meteoritos
- Energia térmica

Stanley Miller/ Harold Urey - 1953

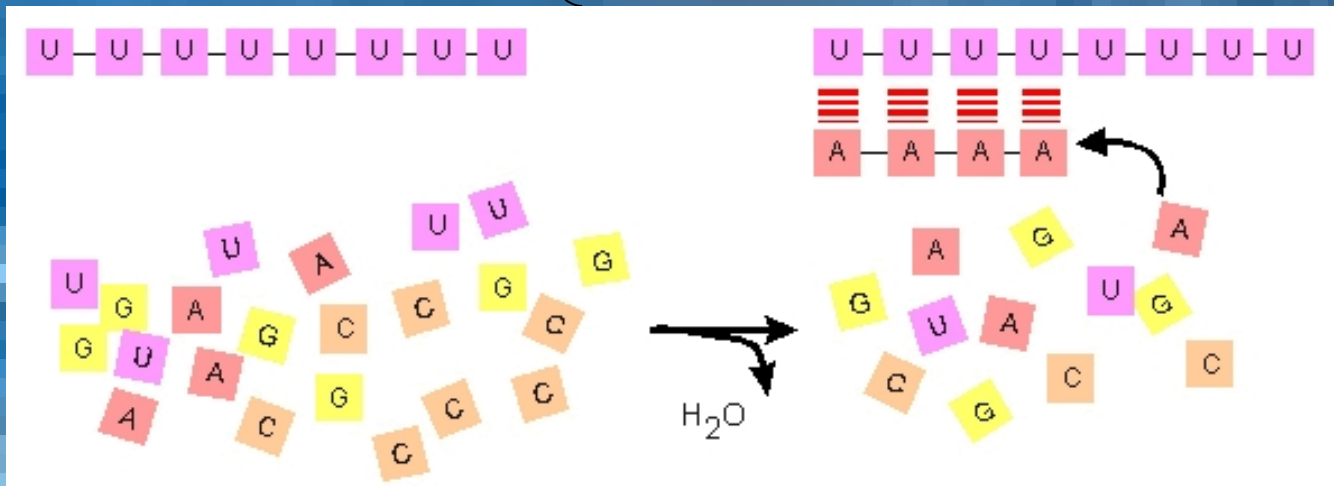
Sopa primitiva
Oparin e Haldane
(1920)



Associação de aminoácidos e nucleotídeos

Polinucleotídeos

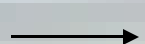
- Ordem e tamanho: aleatório
- Emparelhamento: específico
- Copias preservadas
- Mutações



Minerais = catalisadores primitivosPolimerase

Sequências de nucleotídeos

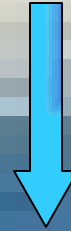
Reações químicas



Estrutura

Informação

Função



Competição

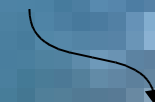
≠ combinações

Cód. genético

Sínteses mais eficientes

Origem de novas moléculas

Ferramentas ---PROTEÍNAS



MUNDO DE RNA

RNA catalítico = RIBOZIMAS (déc. 80)

3,5 a 4 milhões de anos

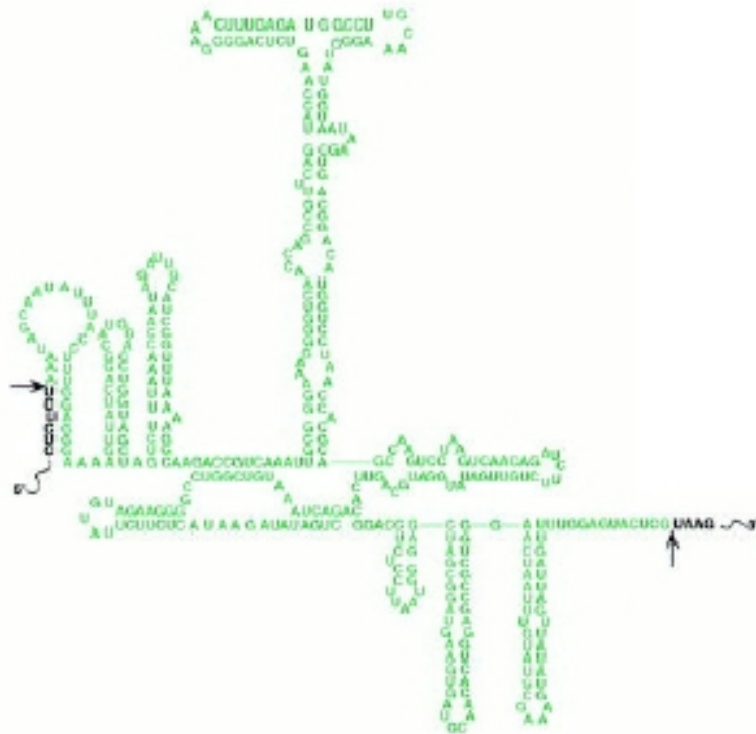
Sítio ativo que se liga ao substrato e catalisa a formação de um produto

Processos com ribonucleoproteínas

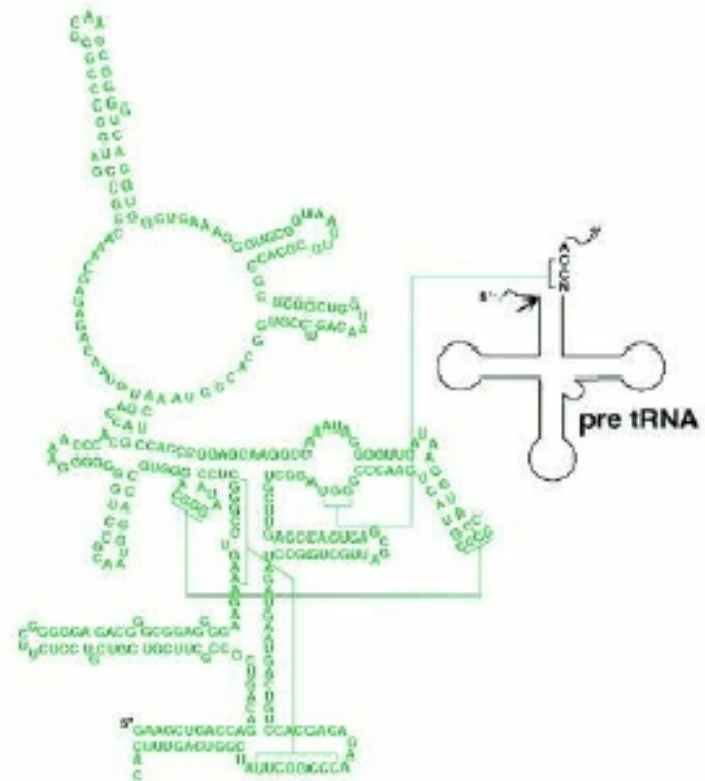
Reavaliação dos processos celulares

Classes de Ribozimas

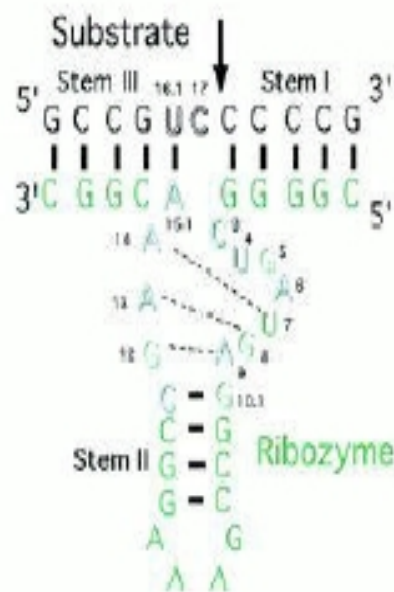
| Class | Size ^a |
|-----------------------------|--|
| Group I intron | Large: 413 nt ^d in <i>Tetrahymena thermophila</i> |
| Group II intron | Large: 887 nt in yeast mitochondria |
| RNase P | Large: 350-410 nt |
| Hammerhead | Small: 31-42 nt (Enzyme strand can be 16 nt) |
| Hairpin | Small: 50 nt (mini-mum sequence) |
| Hepatitis Delta Virus (HDV) | 84 nt (required) |
| <i>Neurospora</i> VS RNA | 881 nt (164 sufficient) |



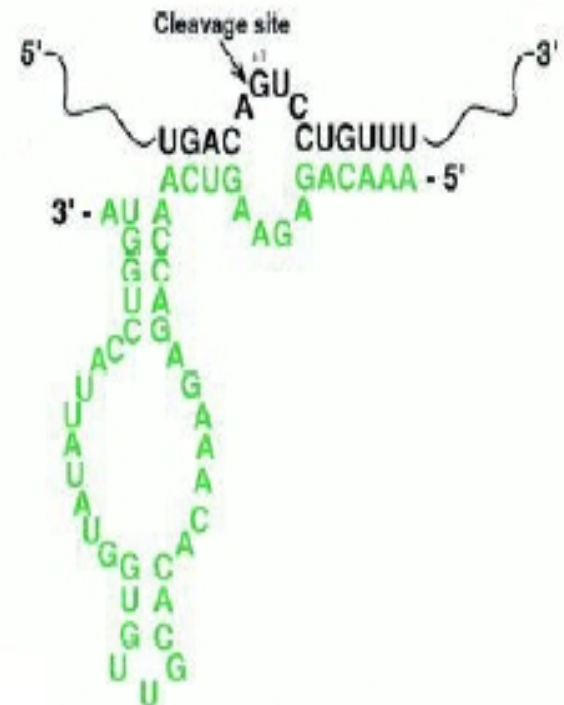
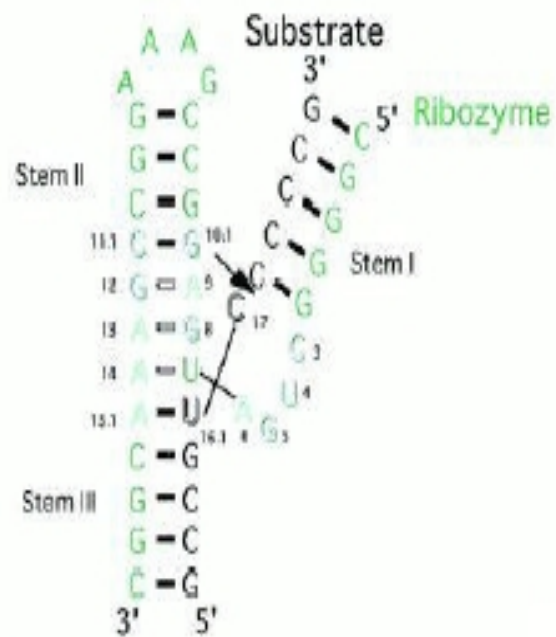
Group I ribozyme



RNase P ribozyme



Hammerhead ribozyme



Hairpin ribozyme

PROJETO

Unindo a Física e Biologia

Verificar os diversos fatores e restrições frente aos diferentes cenários da Evolução e do mundo de RNA.

Utilizando:

Interações e
mutações

Modelo Eigen: Molécula replicadora → Quasi-espécie

Tsallis: Quase-espécies varia com o tamanho do RNA

Teoria da informação

Modelagem – Monte Carlo (C, G, U, T); erros;

Experimentos *in vitro*

Variações impostas nos experimentos
fornecerão diferentes seqüências

Linhagens

Leviviridae

Allolevirus

Bacteriofago Q β

Levivirus

Bacteriofago MS2

Evolução em tubo de ensaio

ATP, UTP, GTP, CTP + replicase

Conc. Inicial de Ribozimas: 0,2 μ g

incubada a 35°C por 20 minutos

20 min (transferências 1-13)

15 min (transferências 14-29)

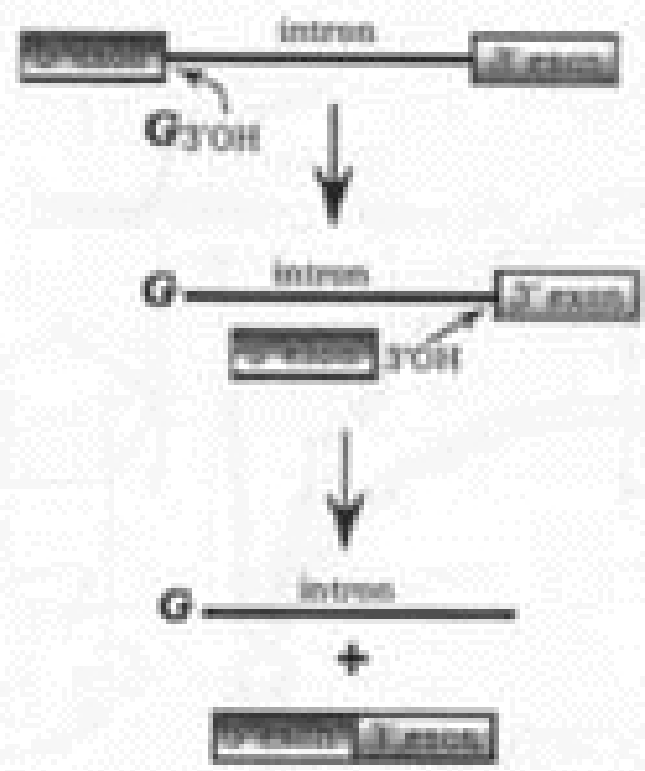
10 min (transferências 30-38)

7 min (transferências 39-52)

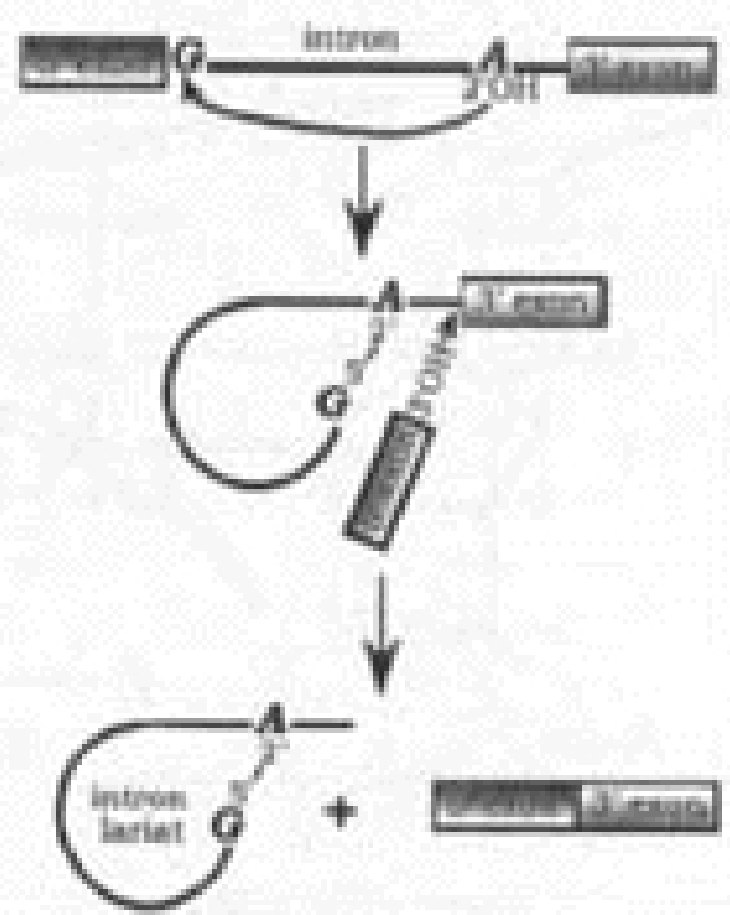
5 min (transferências 53-74)

A transferência de 0,2 mL da mistura é utilizada sempre.

a



b



Fim