

EDITAL 50/2025

CHAVE DE CORREÇÃO - PROVA ESCRITA

ÁREA: 30 - GENÉTICA/MELHORAMENTO VEGETAL/BIOLOGIA CELULAR

| ITENS DA QUESTÃO | POSSÍVEL RESPOSTA QUANTO AO CONTEÚDO |
|---|---|
| DIRETRIZES GERAIS | O textos devem ser dissertativos, com viés descritivo e argumentativo; devem apresentar posicionamento claro, coerente/coesão e objetivo em relação ao solicitado na questão; devem apresentar conceitos, argumentos e ideias; devem evidenciar as contribuições teóricas, levando em consideração as referências indicadas e outras referências, se assim preferir. De atender as normas ortográficas e gramaticais. |
| QUESTÃO 1: Organelas celulares e sua função. Discorra sobre o papel do glicocálice no reconhecimento celular, com destaque para os elementos do sistema ABO. (1,0 ponto). | O conjunto dos epítomos de superfície conferem especificidade de reconhecimento celular, sendo de grande relevância do ponto de vista genético-imunológico. No caso do sistema ABO, temos que essas proteínas de superfície podem gerar quatro fenótipos distintos a depender, se e qual substância foi adicionada na estrutura terminal do precursor proteico, gerado pela expressão Gene <i>H</i> . Não sofre operação e seja incorporado diretamente na superfície da hemácia teremos um padrão conhecido como “O”. Entretanto, Se o indivíduo for portador do gene I^A e/ou I^B , na estrutura básica na porção terminal serão acrescidos açúcares N-Acetil-galactosamina ou Galactose como efeito da atuação desses genes (respectivamente). A depender dessas combinações poderemos ter diferentes possibilidades nos potenciais doadores/receptores sanguíneos associados a esse sistema |
| QUESTÃO 2. Ciclo celular. Discuta a função das ciclinas-CDK`s, no controle do ciclo celular, associando as fases de atuação destas. (1,0 ponto). | O conjunto de proteínas ciclinas-CDK`s atuam em basicamente dois momentos distintos do ciclo. Um deles na intérfase, envolvendo a transição G1/S → associada a verificação de erros estruturais na molécula de DNA, que possam |

| | |
|--|---|
| | <p>inviabilizar a próxima geração. Segundo momento G2/M, antecedendo a divisão propriamente dita, de maneira que erros nos níveis proteicos e qualidade/quantidade de DNA, são averiguados para que haja sucesso no processo de divisão.</p> |
| <p>QUESTÃO 3. DNA como material genético. Considerando o experimento de Frederick Griffith, quais os procedimentos e principais desdobramentos para a compreensão do DNA como material genético? (1,0 ponto).</p> | <p>Os experimentos de Griffith, envolviam formas patogênicas (lisas -S) e não-patogênicas (rugosas -R) de <i>Streptococcus pneumoniae</i>. Ele observou que as variantes patogênicas perdiam virulência ao serem aquecidas a 95°C, mas notou que a mistura dessa solução de bactérias mortas (patogênicas) com bactérias vivas (não-patogênicas), conferiam um novo estado ao último grupo, que passava a ser letal. Dessa forma ele cunhou o termo Princípio Transformante, uma observação dos efeitos da incorporação do material genético. Em 1944, Avery e col. demonstraram que o DNA era a molécula responsável por essa transformação, iniciando uma nova vertente aos estudos da genética.</p> |
| <p>QUESTÃO 4: Replicação, transcrição, tradução e código genético. O que é o processamento do RNA, quais os passos, função e em que grupo de organismos ele ocorre? (1,0 ponto).</p> | <p>Evento que ocorre no núcleo dos eucariotos, que representa uma edição (amadurecimento) do transcrito primário. Ocorre antes que o transcrito seja levado do núcleo para o citoplasma.</p> <ul style="list-style-type: none"> - Adição de Cap (capacete de 7 metilguanossina, porção 5` - proteção do mRNA); - Adição de uma Cauda de poli A (porção 3` - proteção do mRNA); - <i>Splicing</i> (retirada dos íntrons – regiões não codificantes; e arranjo dos éxons - regiões codificantes de proteínas), constituem os passos nesse processo. <p>Essas modificações realizadas nas extremidades do RNA nascente, permitem que ele tenha maior estabilidade e proteção, tendo em vista que as enzimas exonucleases presentes no citoplasma, são capazes de degradar a molécula de RNA recém sintetizada. Além disso, a edição interna permite que uma ampla gama de proteínas sejam geradas a partir de uma sequência única de DNA, a depender do órgão onde está sendo expresso, desempenhando assim diferentes funções.</p> |
| <p>QUESTÃO 5: Tecnologia do DNA recombinante e organismos geneticamente modificados. A</p> | <p>A. Mecanismos Epigenéticos na Resposta ao Estresse Hídrico:</p> |

herança epigenética tem sido explorada para criação de variedades vegetais resilientes. Explique os mecanismos epigenéticos (metilação de DNA, modificações de histonas, RNAs não codificantes) envolvidos na resposta ao estresse hídrico em plantas, com exemplos específicos de genes regulados. Como a manipulação epigenética pode ser utilizada em programas de melhoramento, incluindo técnicas de indução, seleção e estabilização de epialelos? Quais os desafios metodológicos e teóricos para estabilizar fenótipos epigenéticos ao longo de gerações em condições de campo? (1,0 ponto).

1. Metilação de DNA: Metilação de novo: Mediadas por DRM2 (Domains Rearranged Methyltransferase 2) via via RNA-directed DNA methylation (RdDM); Desmetilação: Atividade de ROS1 (Repressor of Silencing 1) em regiões específicas. Exemplos: Hipermetilação do promotor de OsROS1 em arroz sob seca → menor; desmetilação → supressão de genes de crescimento.; Hipometilação de elementos transponíveis (TEs) próximo a genes de resposta ao estresse (ex.: DREB1A) aumenta expressão.; Perfil dinâmico: Metilação é tecido-específica e reversível com alívio do estresse.

2. Modificações de Histonas: Marcas ativadoras: H3K4me3, H3K9ac, H3K27ac associadas a genes induzidos por seca (ex.: RD29A, ERD1).; Marcas repressoras: H3K9me2, H3K27me3 (mediada por Polycomb) silenciam genes de desenvolvimento durante estresse.; Remodelação de cromatina: Complexos SWI/SNF alteram acessibilidade a fatores de transcrição (ex.: bZIP, NAC).; Exemplo específico: Em Arabidopsis, HDA6 (histona deacetilase) regula negativamente a expressão de ABI1 (Absciscic Acid Insensitive 1).

3. RNAs não codificantes (ncRNAs): siRNAs (small interfering RNAs): Derivados de TEs ou sequências repetitivas, guiam RdDM.; miRNAs (microRNAs): miR169 regulado negativamente sob seca, permitindo expressão de NF-YA (fator de transcrição de tolerância).; miR398 silencia *CSD1/2* (copper/zinc superoxide dismutase), modulando estresse oxidativo.; lncRNAs (long non-coding RNAs): Atuam como iscas moleculares ou scaffolds para complexos de remodelação.

B. Aplicação da Manipulação Epigenética no Melhoramento:

1. Indução de Alterações Epigenéticas: Tratamentos químicos: 5-azacitidina (inibidor de metiltransferase) → redução global de metilação.; Butironolactona (indutor de acetilação de histonas).; Estresses controlados: Exposição a seca moderada, salinidade ou temperatura para “priming”; epigenético.; Engenharia

epigenética: Edição de loci epigenéticos via CRISPR-dCas9 fusionado a efetores epigenéticos (ex.: dCas9-TET1 para desmetilação; dCas9-p300 para acetilação).; Expressão dirigida de ncRNAs sintéticos.

2. Seleção e Estabilização de Epialelos: Triagem epigenômica: Sequenciamento bisulfito (BS-seq) para mapeamento de metilação; ChIP-seq para modificações de histonas.; Marcadores epi-MAS (Epigenetic Marker-Assisted Selection): Uso de padrões de metilação como proxy para fenótipos de tolerância.; Ciclos de seleção recorrente: Cruzamento de plantas com epialelos desejáveis, monitorando estabilidade transgeracional.; Exemplo prático: Seleção de epialelos hipermetilados no promotor de TaALDH7B1 (aldeído desidrogenase) em trigo para tolerância à seca.

3. Métodos de Propagação para Manutenção de Estados Epigenéticos: Propagação vegetativa (estacas, cultura de tecidos) mantém padrões epigenéticos.; Micropropagação in vitro com reguladores epigenéticos no meio de cultura.; Para propagação por sementes: Seleção recorrente para estabilidade meiótica.

C. Desafios e Limitações: 1. Instabilidade Epigenética: Reversão espontânea: Metilação pode ser perdida durante meiose ou sob novas condições ambientais. Efeitos de temperatura: Padrões de metilação são sensíveis a variações térmicas (ex.: vernalização).; “Epimutações”; aleatórias: Taxa de epimutação pode ser maior que mutação genética. 2. Desafios Metodológicos: o Dificuldade de distinguir causa epigenética vs. correlação em fenótipos complexos.; Heterogeneidade celular: Perfis epigenéticos variam entre células/tipos teciduais.; Custo e complexidade das análises epigenômicas em larga escala. 3. Questões Teóricas e Regulatórias: Herança transgeracional vs. resetting epigenético: Em muitas plantas, marcas epigenéticas são reprogramadas durante a gametogênese.; Regulamentação: Epivariedades podem não ser consideradas

| | |
|---|---|
| | OGM, mas exigem novos frameworks de biossegurança.; Aceitação pública: “Epimelhoramento”; (epibreeding) pode enfrentar desafios similares aos transgênicos. |
| <p>QUESTÃO 6: Genética de populações e equilíbrio de Hardy-Weinberg. Suponhamos que ao estudar um loco proteico, em uma população de palmeiras presente num município da Amazônia, tivéssemos encontrado os seguintes resultados genotípicos: FF: 2435; FS: 4274; SS: 2317.</p> <p>Calcule as frequências genotípicas observadas, as frequências alélicas e demonstre se a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg. (1,0 ponto).</p> | <p>Frequências Genotípicas Observadas FF → 0,27; FS → 0,474 SS → 0,257 Frequências Alélicas F → 0,507; S → 0,493 Valores Esperados: FF: 2316; FS: 4512; SS: 2198 $X^2 = 25,16$ (Não está em Equilíbrio de H.W.; para GL=1; P=95%; X^2 crít.=3,84 Representar Hipóteses Ho e H1; Representar Gráfico.</p> |
| <p>QUESTÃO 7: Métodos de melhoramento de espécies autógamas. Partindo da exemplificação em culturas aponte vantagens e desafios associados à autogamia. (1,0 ponto).</p> | <p>Cultivares mais homozigotos tendem a ser mais homogêneos, gerando uniformidade na produção. Por outro lado, dificultam a variabilidade genética natural, de maneira que o ganho genético entre gerações fica mais reduzido.</p> <p>Exemplos: grãos/cereais: soja, feijão, trigo, cevada, amendoim; hortaliças e outras culturas: tomate, algodão (60 a 95% autogamia).</p> |
| <p>QUESTÃO 8: Métodos de melhoramento de espécies alógamas. Descreva o papel da fecundação cruzada no melhoramento de espécies alógamas, tomando uma espécie agrônômica como exemplo. (1,0 ponto).</p> | <p>A fecundação cruzada aumenta a variabilidade como um todo, permitindo ingresso de alelos entre grupos distintos, de maneira que as progênies podem apresentar maior grau de variação, de maneira a permitir selecionar e testar novos genótipos/cultivares. Espécies como milho, centeio, Girassol. Milho é exemplo clássico, cuja depressão endogâmica (homozigose causada nos cultivares) faz com que haja a necessidade de aquisição de sementes a cada safra, para manutenção dos níveis de produtividade.</p> |

| | |
|--|--|
| <p>QUESTÃO 9: Métodos de melhoramento de espécies assexuadas. Considerando as espécies assexuadamente propagadas, discorra sobre as vantagens e desvantagens dessa estratégia. (1,0 ponto).</p> | <ul style="list-style-type: none"> - Vantagens → Possibilidade de uso de clone único; redução de tempo e facilidade no esquema de melhoramento; fixação das características genéticas monoclonal; - Desvantagens → Manipulação de propágulos tende a ser mais dispendiosa em termos de mão de obra e de maquinário, quando comparada aquelas que usam sementes; Possibilidade de acúmulo de patógenos sistêmicos nas áreas de plantio; Maior risco de transmissão de patógenos diversos como fungos e vírus quando comparado a transmissão destes via sementes. |
| <p>QUESTÃO 10: Melhoramento para resistência a doenças e pragas. Descreva em detalhes o mecanismo molecular do sistema CRISPR-Cas9 para edição gênica em plantas, desde a introdução dos componentes genéticos até a regeneração de plantas editadas. Inclua considerações sobre sistemas alternativos (ex.: CRISPR-Cas12a, editores de base). Em seguida, discuta como a edição de genes relacionados à síntese de metabólitos secundários pode alterar a interação planta-herbívoros em um contexto ecológico e evolutivo, considerando possíveis efeitos em cadeias tróficas e coevolução. (1,0 ponto).</p> | <p>A. Mecanismo de CRISPR-Cas9 em Plantas (Detalhamento Técnico):</p> <p>1. Design e Construção: O sistema requer: 1) gene Cas9 (codifica endonuclease), 2) sgRNA (RNA guia único que combina crRNA e tracrRNA). O sgRNA é projetado para ter ~20 nucleotídeos complementares à sequência-alvo, precedidos por PAM (5';-NGG-3'; para Cas9 de <i>Streptococcus pyogenes</i>).; Construção do vetor: Promotor para expressão de sgRNA (ex.: AtU6 ou TaU3 para monocotiledôneas).; Promotor para Cas9 (ex.: CaMV35S constitutivo, ou pZmUbi para milho). ; Módulo de seleção (ex.: gene hptII para resistência a higromicina). ; Pode-se usar vetores binários para <i>Agrobacterium</i> ou vetores para biobalística.</p> <p>2. Transformação e Entrega: o Método 1: <i>Agrobacterium</i>-mediada – O vetor é inserido no T-DNA de <i>Agrobacterium tumefaciens</i> (cepa LBA4404 ou EHA105). Explantes (discos foliares, calos embrionogênicos) são co-cultivados, seguido de seleção com antibióticos. Método 2: Biobalística – Partículas de ouro/tungstênio revestidas com DNA são bombardeadas em tecidos-alvo. Mais utilizado para espécies recalcitrantes à transformação via <i>Agrobacterium</i> (ex.: trigo, arroz). Novas abordagens: Ribonucleoproteínas (RNPs) de Cas9-sgRNA entregues via protoplastos ou nanoportadores evitam integração de DNA.</p> <p>3. Mecanismo de Edição no Núcleo: O complexo Cas9-sgRNA reconhece a sequência-alvo via pareamento com o sgRNA e presença de PAM. Cas9 introduz quebra de dupla</p> |

fita (DSB) 3-4 nucleotídeos a montante do PAM. Reparo celular: ; NHEJ (Non-Homologous End Joining) → Inserções/deleções (indels) → mutações de perda de função. ; HDR (Homology-Directed Repair) → substituição precisa usando molde de DNA doador (menos frequente em plantas). Edição multiplexada: Vários sgRNAs permitem edição simultânea de múltiplos loci. 4. Regeneração e Validação: Tecidos transformados são regenerados em meio com citocininas/auxinas para indução de brotos e raízes. Plantas T0 são analisadas por: ; PCR para detecção do transgene. ; Sequenciamento de Sanger ou NGS para identificar mutações. ; Testes de atividade enzimática ou perfil metabólico. 5. Sistemas Alternativos: CRISPR-Cas12a (Cpf1): Reconhece PAM T-rich (TTTV), gera extremidades coesivas, útil para regiões com baixo conteúdo GC. Editores de base (Base Editors): Fusion Cas9-nicase com desaminase (ex.: BE3 converte C•G em T•A; ABE converte A•T em G•C) sem DSB. Editores prime (Prime Editors): Fusion Cas9-reversotranscriptase, permite qualquer substituição, inserção ou deleção pequena. B. Implicações Ecológicas e Evolutivas da Edição de Metabólitos Secundários: 1. Alteração Direta nas Defesas Químicas: Edição de genes chave em vias como:; Alcaloides (nicotina, cafeína) – Ex.: Silenciamento de PMT (putrescine methyltransferase) reduz nicotina em tabaco. ; Terpenoides (piperina, mentol) – Edição de sintases de terpenos altera atração/repulsão de insetos.; Fenilpropanoides (lignina, flavonoides) – Modulação de lignina via genes COMT afeta digestibilidade por herbívoros. Consequência imediata: Mudança na palatabilidade, toxicidade e valor nutricional para herbívoros. 2. Efeitos em Cadeias Tróficas e Redes Ecológicas: Herbívoros especialistas (que coevoluíram com defesas específicas) podem ser mais afetados que generalistas. Exemplo teórico: Redução de glucosinolatos em Brassicaceae editadas impacta borboletas *Pieris rapae*, afetando seus parasitoides (ex.: vespas *Cotesia glomerata*). o Efeitos bottom-up: Alteração na base da cadeia alimentar propaga-se para níveis tróficos superiores (predadores, parasitoides). Possível desacoplamento de interações coevolucionárias

| | |
|--|---|
| | <p>estabelecidas ao longo de milênios. 3. Respostas Adaptativas e Pressão Seletiva: o Herbívoros podem desenvolver; Resistência metabólica (novas enzimas detoxificadoras); Mudanças comportamentais (busca de plantas não editadas). o Pressão seletiva acelerada em populações de herbívoros → potencial para evolução rápida. Impacto na biodiversidade microbiana associada à rizosfera e filoplano, que responde a exsudatos químicos. 4. Considerações para Liberação Ambiental: Necessidade de avaliação de risco ecotoxicológico pré-liberação. o Monitoramento de longo prazo de populações de herbívoros e seus inimigos naturais. Debate ético: “Direito evolutivo”; das espécies versus benefícios agrônômicos. Comparação com métodos convencionais (mutagênese química/radiação) que também geram mudanças imprevisíveis.</p> |
|--|---|

REFERÊNCIAS BASE:

- ALBERTS, BRUCE [et al.], Biologia molecular da célula / 6.ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. 1427 p.
- ALLARD, R. W. Princípios do melhoramento genético das plantas. Rio de Janeiro: Edgard Blücher/USAID, 1971. 381p.
- BORÉM, A. Melhoramento de plantas. 5a ed. Viçosa: UFV, 2009. 520 p.
- https://www.academia.edu/45600612/Melhoramento_de_Plantas_6a_ed_Alu%C3%ADzio_Bor%C3%A9m_Editora_UFV
- BROWN, T.B. Genética: Um enfoque molecular. Guanabara Koogan, 3a ed., 2009. 336p.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos. 2a ed. Lavras: UFLA, 2006. 319p.
- CARVALHO, H.F., 1965-, A célula / 2. ed. Barueri, SP: Manole, 2009. 380 p.
- DE ROBERTIS, E. M. F., 1947-, Bases da biologia celular e molecular / 4.ed., rev. e atual. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2015. 389 p.
- GRIFFITHS, A. J.F, Introdução à genética / 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016. 760 p.
- RAMALHO, M. A. P., Genética na agropecuária / 4.ed. rev. Lavra (MG) UFLA 2008. 461p.