



A meiose é um tipo especializado de divisão celular que reduz à metade o material genético. A meiose é um processo exclusivo essencial para a transmissão fiel do material genético em organismos eucarióticos com reprodução sexuada. Durante a meiose, ocorrem dois processos de recombinação genética que fundamentam a variabilidade genética da descendência: a permutação cromossômica e o pareamento com orientação aleatória de cromossomos homólogos seguidos da sua segregação. No entanto, há ainda outros mecanismos que geram variabilidade genética fora da meiose, especialmente como consequência de mutações do material genético.

Ao longo dos próximos parágrafos, serão descritos os processos que caracterizam a meiose, as etapas de recombinação, a geração de variabilidade fora da meiose e como a variabilidade genética é fixada e limitada, além dos métodos moleculares mais amplamente utilizados para sua detecção.

~~O ciclo celular, a meiose e a recombinação~~

A divisão celular é um processo altamente organizado e regulado. O ciclo celular é dividido em interfase e fase M. A interfase é caracterizada por três etapas: a fase G₁ (a letra "G" simboliza "gap", onde ocorre a síntese de proteínas e organelas), S (síntese, onde ocorre a replicação de DNA), e G₂.



Pág. 2 DB 124 2025-15

A fase M pode significar tanto a mitose, que ocorre em células somáticas, quanto a meiose, que ocorre somente em células germinativas (como as que dão origem ao óvulo e aos espermatozoides, gametas humanos). Este texto tem enfoque na meiose, fazendo comparações com a mitose sempre que necessário.

É importante destacar ainda que a interfase geralmente dura mais que a fase M, e distúrbios nesses tempos podem levar a célula a se dividir antes do tempo correto.

Durante a interfase, na fase G1 ocorre a síntese de organelas (que não são divididas entre as células filhas) e proteínas necessárias ao ciclo celular.

Na fase S ocorre a replicação do DNA, um processo em múltiplas etapas. Em eucariotos, o material genético se organiza em cromossomos lineares que serão duplicados. Por exemplo, em humanos há 23 cromossomos herdados de cada pai. Ao final da replicação, a célula deve conter 46 cromossomos duplicados, ligados por um complexo proteico (o cinetócoro) na região do centossomo.

A replicação se inicia nas origens de replicação, regiões locais em A-T distribuídas ao longo dos cromossomos. Ela é mediada pelo replissomo, um conjunto de proteínas incluindo helicases, topoisomerasas (como a DNA girase, que alivia o superentrelaçamento), SSBs (que mantêm as fitas abertas), ligases, primaras, e as DNA polimerases. Em eucariotos há ainda enzimas auxiliares, como as telomerasas.

A replicação é um processo semiconservativo,

Pag. 3 DB 124 2025-15



É isto que cada molécula de DNA usual-
mente contém: uma molécula ^{fita} original e uma
fita recém-síntetizada. Ela existe de forma
fluida em uma fita ~~se~~ (a fita líder) e de
forma fragmentada na outra (a fita retardada).
Nesta fita, a replicação é feita em partes (frag-
mentos de Okazaki) que são unidos pelas ligases.

Uma vez que a replicação termina, na
fase G2 a célula repõe seus estoques energéticos
e sintetiza mais proteínas.

Tanto na mitose (que produz duas células
filhas geneticamente idênticas) quanto na meiose
(que produz quatro células filhas que têm dis-
tintas), a fase M é dividida em prófase, pro-
metafase, anáfase e telófase, seguidas da cito-
cinese. No entanto, na meiose há duas rodadas
de divisão celular, chamadas de meiose I e
meiose II.

No prófase da meiose I ocorre a condensa-
ção da cromatina (DNA enrolado pelas histonas).
No paquíteno, ocorre o pareamento dos cromossomos
e a permutação; também chamada "crossing over".
Neste processo, exte unidades dos cromossomos são
trocadas e impedem a formação de não-irmãs.

As regiões homólogas se inter cruzam, formando um
quiasma. Então, proteínas específicas deitam e permutam
a região homóloga. Este processo ocorre diversas
vezes, quando novas combinações alélicas (alélos são
diferentes versões de um locus gênico).

Durante a prometáfase, a carioteca (envelope
que delimita o núcleo se desintegra, e há a



formação dos microtúbulos do fuso e microtúbulos astrais (que ancoram o fuso mitótico aos polos da célula). Os centríolos, que originam o fuso mitótico, se duplicam no citoplasma durante a prófase.

Na metáfase I, o fuso mitótico se liga a cada cromossomo homólogo pelo cinetócoro.

Os cromossomos se alinham no plano equatorial da célula numa orientação aleatória, que fundamenta a segunda lei de Mendel (a segregação independente), e durante a anáfase I, cada cromossomo com duas cromátidas irmãs migra para um polo da célula, o que por sua vez fundamenta a primeira lei de Mendel (lei da segregação). A orientação aleatória dos cromossomos homólogos e sua segregação são a base da recombinação (e da variabilidade) genética.

Por fim, na telófase, as cariotecas se formam ao redor de cada conjunto cromossômico e a cromatina se descondensa. Na citocinese ocorre a divisão do citoplasma por estrangulamento (em animais) ou pela placa celular (em plantas). A meiose I é reducional, pois reduz a metade a carga cromossômica. A meiose, por sua vez, é equacional, visto que mantém a carga. A meiose II segue as mesmas etapas, dividindo, no entanto, as cromátidas irmãs, como ocorre na mitose.

O ciclo celular (e consequentemente a meiose) possui etapas de check point que garantem a correta missão fiel do DNA, cobrindo, de esta forma, a variabilidade genética. Os três principais



portos de checagem são G1/S (que impede a replicação de DNA danificado), G2/M (que verifica a conclusão da replicação) e o ponto de checagem do fuso, que verifica o correto alinhamento e tensão mecânica do fuso mitótico. Essas várias etapas podem produzir aneuploidias, como monossomias e trissomias, que causam, por exemplo, a síndrome de Down (trisomia do cromossomo 21).

Além da recombinação, há outros mecanismos de geração da ~~diversa~~ variabilidade genética, especialmente em função de mutações. Mutações são alterações do material genético, como substituições de nucleotídeos, inserções e deleções. Em eucariotos, as mutações podem ocorrer no genoma nuclear ^{ou} ~~ou~~ de organelos (mitocôndrias e plastídios). Podem ocorrer ainda em regiões não codificantes ou codificantes, e neste último caso, podem ser sinônimas, quando não alteram o aminoácido codificado devido à degeneração do código genético, ou não sinônimas, quando alteram a sequência proteica. Essas podem ainda ser conservativas (não alteram estrutura e função das proteínas) ou não conservativas, quando alteram.

Algumas das mutações mais comuns são a ação de elementos transponíveis, que mudam ^{de posição} de lugar, duplicações e perdas de regiões e genes, ou ainda a duplicação de genomas inteiros, que ocorre em plantas como soja e milho. Essas mutações afetam amplamente a variabilidade genética, mas só podem ser fixadas nos seus genes quando



Pag 6 DB 124 2025-15

ocorrem em sílabas genômicas, sendo não transmitidas entre gerações.

O que vai permitir a fixação de mutações que aumentem a variabilidade genética são as forças seletivas, especialmente a seleção natural (que favorece mutações vantajosas e remove mutações deletérias), a deriva genética, que fixa ou remove alelos independente do seu valor seletivo, e o fluxo gênico (migração), que pode trazer novos alelos e mutações.

Existem duas teorias principais para explicar como a variabilidade genética se comporta. Segundo Moto Kimura, a maior parte das mutações é neutra e se fixa por deriva genética (Teoria Neutra).

Tomoko Ohta complementa e modifica essa teoria ao postular que ~~a~~ grande parte das mutações é na verdade quase neutra, isto é, levemente vantajosas ou levemente deletérias. Elas seriam fixadas também pela seleção natural, a depender de fatores como ~~esta~~ a taxa metabólica, tempo de geração e influência do ambiente (Teoria quase neutra).

Existem também fatores que ~~explicam~~ a variabilidade genética. Em ambientes naturais, isso se dá principalmente pela ação humana, através da fragmentação de habitats, superexploração e caça. Fatores naturais incluem barreiras físicas e comportamentais e o tamanho populacional efetivo (número de indivíduos que contribui geneticamente para a próxima geração).

Esses fatores levam à gargalos populacionais (quedas bruscas no número de indivíduos) e a

Pag 7 DB 124 2025 - 15



um aumento da endogamia, ~~ao longo~~
~~isto é~~, o aumento entre indivíduos a-
parentados. ~~ao~~ Neste cenário, ao longo das
gerações a variabilidade genética média (hetero-
zigosidade) cai, e alelos recessivos deletérios podem
atuar, comprometendo a ~~se~~ adaptabilidade.

Diversas estratégias moleculares e de bioin-
ferrmática nos auxiliam a ~~se~~ revelar a
variabilidade genética entre espécies e populações.
Grande parte dessas estratégias atualmente consiste
no sequenciamento total ou parcial de genomas.
Neste cenário, marcadores moleculares como
microsatélites (regiões repetitivas dos genomas)
e SNP (polimorfismos de nucleotídeo único, presentes
em pelo menos 1% da população) tem sido amplamente
utilizados. O sequenciamento de genomas completos
permite ainda entender com maior profundidade
a ação da seleção ~~na~~ natural sobre a variabilidade
genética, como na razão de mutações sinônimas
e não sinônimas (dN/dS). Neste caso, valores
acima de 1 (mais mutações não sinônimas)
revelam a ação da seleção positiva (ou divergen-
ciadora), que promove o surgimento de novos alelos
vantajosos. Por outro lado, valores menores que 1
indicam ação da seleção purificadora, que impede
mutações deletérias que levem à perda de função.

~~Por fim~~, Em resumo, a variabilidade genética
tem diversas fontes ligadas ao material genético
e como os seus seres se adaptam a diferentes
condições ambientais. Duas dessas fontes estão intrinseca-
mente ligadas à formação de gametas na meiose: a



permutação como rômica e o parâmetro de como formas homólogas com orientação aleatória. A própria redução do parâmetro artificial e das técnicas moleculares nos permite diferentes formas de analisar e compreender esta variabilidade, com aplicações que vão desde a medicina até a agronomia e todas outras áreas.