



## Biologia Molecular e Engenharia Genética - Código Genético

**BIO0244** - (Enem) Um estudante relatou que o mapeamento do DNA da cevada foi quase todo concluído e seu código genético desvendado. Chamou atenção para o número de genes que compõem esse código genético e que a semente da cevada, apesar de pequena, possui um genoma mais complexo que o humano, sendo boa parte desse código constituída de sequências repetidas. Nesse contexto, o conceito de código genético está abordado de forma equivocada. Cientificamente, esse conceito é definido como

- trincas de nucleotídeos que codificam os aminoácidos.
- localização de todos os genes encontrados em um genoma.
- codificação de sequências repetidas presentes em um genoma.
- conjunto de todos os RNAs mensageiros transcritos em um organismo.
- todas as sequências de pares de bases presentes em um organismo.

**BIO0245** - (Fuvest) Há uma impressionante continuidade entre os seres vivos (...). Talvez o exemplo mais marcante seja o da conservação do código genético (...) em praticamente todos os seres vivos. Um código genético de tal maneira “universal” é evidência de que todos os seres vivos são aparentados e herdaram os mecanismos de leitura do RNA de um ancestral comum.

*Morgante & Meyer, Darwin e a Biologia, O Biólogo 10:12–20, 2009.*

O termo “código genético” refere-se

- ao conjunto de trincas de bases nitrogenadas, cada trinca correspondendo a um determinado aminoácido.
- ao conjunto de todos os genes dos cromossomos de uma célula, capazes de sintetizar diferentes proteínas.
- ao conjunto de proteínas sintetizadas a partir de uma sequência específica de RNA.
- a todo o genoma de um organismo, formado pelo DNA de suas células somáticas e reprodutivas.
- à síntese de RNA a partir de uma das cadeias do DNA, que serve de modelo.

**BIO0246** - (Unifesp) Leia os dois textos a seguir.

No futuro, será possível prescrever uma alimentação para prevenir ou tratar doenças como obesidade e diabetes, baseando-se na análise do código genético de cada paciente (...).

*Veja, 20.06.2007.*

Hiasl e Rosi são chimpanzés (...), seus representantes legais reivindicam a equiparação de seus direitos aos dos ‘primos’ humanos, com quem têm em comum quase 99% do código genético (...).

*Época, 25.06.2007*

O código genético é universal, ou seja, é o mesmo para todos os organismos. Portanto, a utilização desse conceito está incorreta nos textos apresentados. O conceito que substitui corretamente a expressão “código genético” nos dois textos é:

- genoma.
- carga genética.
- genoma mitocondrial.
- sequência de aminoácidos.
- sequência de nucleotídeos.

**BIO0247** - (Fuvest) O código genético é o conjunto de todas as trincas possíveis de bases nitrogenadas (códon). A sequência de códon do RNA mensageiro determina a sequência de aminoácidos da proteína. É correto afirmar que o código genético

- varia entre os tecidos do corpo de um indivíduo.
- é o mesmo em todas as células de um indivíduo, mas varia de indivíduo para indivíduo.
- é o mesmo nos indivíduos de uma mesma espécie, mas varia de espécie para espécie.
- permite distinguir procariotos de eucariotos.
- é praticamente o mesmo em todas as formas de vida.

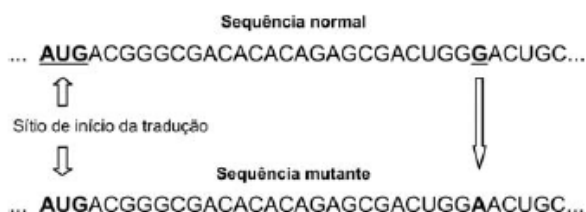
**BIO0248** - (Unifor) Considere um segmento de molécula de DNA com a seguinte sequência de bases:

- TGG AATAG ACCGTTT -

O número máximo de aminoácidos de um polipeptídeo, formado pelo segmento considerado, é

- a) 1.
- b) 3.
- c) 5.
- d) 10.
- e) 15.

**BIO0249** - (Fuvest) Uma mutação, responsável por uma doença sanguínea, foi identificada numa família. Abaixo estão representadas sequências de bases nitrogenadas, normal e mutante; nelas estão destacados o sítio de início da tradução e a base alterada.



O ácido nucléico representado acima e o número de aminoácidos codificados pela sequência de bases, entre o sítio de início da tradução e a mutação, estão corretamente indicados em:

- a) DNA; 8.
- b) DNA; 24.
- c) DNA; 12.
- d) RNA; 8.
- e) RNA; 24.

**BIO0250** - (Unicamp) Em um experimento, um segmento de DNA que contém a região codificadora de uma proteína humana foi introduzido em um plasmídeo e passou a ser expresso em uma bactéria. Considere que o 50º códon do RNA mensageiro produzido na bactéria a partir desse segmento seja um códon de parada da tradução. Nesse caso, é correto afirmar que:

- a) A proteína resultante da tradução desse RNA mensageiro possui 50 aminoácidos.
- b) A proteína resultante da tradução desse RNA mensageiro possui 49 aminoácidos.
- c) A proteína resultante da tradução desse RNA mensageiro possui 150 aminoácidos.
- d) Nenhuma proteína é formada, pois esse RNA mensageiro apresenta um códon de parada.

**BIO0251** - (Unichristus) Supondo que o peso molecular médio de um aminoácido é de 100 daltons, quantos nucleotídeos em média estão presentes em uma sequência codificadora de ARN-m, responsável pelo sequenciamento dos aminoácidos em um peptídeo com peso molecular de 27000 daltons?

- a) 810.
- b) 300.
- c) 270.
- d) 81000.
- e) 2700.

**BIO0252** - (Unichristus) UM MECANISMO MOLECULAR PARA AS CONEXÕES ENTRE OS NEURÔNIOS

Um artigo publicado na revista norte-americana *Cell* (vol. 101, pp. 671-684, 2000) apresenta uma possível explicação para a grande especificidade e diversidade das conexões feitas pelas células nervosas. Além de dar novas pistas sobre as bases moleculares dos circuitos neuronais, o trabalho é uma valiosa contribuição aos estudos sobre o papel de certas regiões do genoma, que aparentemente não têm função na síntese de proteínas. O trabalho baseou-se na clonagem e na identificação de um gene da *Drosophila*, mais conhecida como mosca das frutas. Esse gene codifica uma proteína localizada na membrana celular dos axônios, que são as projeções dos neurônios responsáveis pelas conexões com outras dessas células nervosas. G. Schmucker e colaboradores descobriram que uma proteína denominada *Dscam*, localizada na membrana dos axônios, é o componente externo do receptor de um sistema de sinalização que governa o movimento e o estabelecimento de conexões entre os neurônios.

*Ciência Hoje*, nº 168, com adaptações

Sabendo-se que a proteína *Dscam* tem 2.026 aminoácidos e que o gene que a produz contém 24 regiões codificadoras (exons), espalhadas em um total de 61.200 pares de bases nitrogenadas, a porcentagem aproximada da região do DNA codificadora de tal proteína é

- a) 9,93%.
- b) 10,1%.
- c) 11,1%.
- d) 12%.
- e) 15,6%.

**BIO0253** - (Uerj) O bacteriófago T2 tem como material genético uma molécula de DNA com cerca de 3600 nucleotídeos, que compreendem três genes. Admitindo que esses três genes tenham aproximadamente as mesmas dimensões e que a massa molecular média dos aminoácidos seja igual a 120, cada uma das proteínas por eles codificada deve ter uma massa molecular aproximada de:

- a) 4800.
- b)  $24 \times 10^3$ .
- c)  $4 \times 10^2$ .
- d) 12000.
- e)  $144 \times 10^3$ .

**BIO0254** - (Uerj) As bases nitrogenadas, quando oxidadas, podem causar emparelhamento errôneo durante a replicação do DNA. Por exemplo, uma guanina oxidada (G\*) pode passar a se emparelhar, durante a divisão celular, com timina (T) e não com citosina (C). Esse erro gera células mutadas, com uma adenina (A) onde deveria haver uma guanina (G) normal. Considere uma célula bacteriana com quatro guaninas oxidadas em um trecho do gene que codifica determinada proteína, conforme mostra a sequência:

G\*CG\* - CCC - TG\*T - ACG\* - ATA

Ao final de certo tempo, essa célula, ao dividir-se, dá origem a uma população de bactérias mutantes. O número máximo de aminoácidos diferentes que poderão ser substituídos na proteína sintetizada por essas bactérias, a partir da sequência de DNA apresentada, é igual a:

- 0.
- 1.
- 2.
- 3.

**BIO0255** - (Uerj) Uma molécula de RNAm, composta pelas bases adenina–A e citosina–C, foi sintetizada experimentalmente. Sua estrutura está representada no esquema abaixo:

C – A – C – A – C – A – C – A – C – A – C – A – C – A – C  
– A – C – A

Suponha que a síntese de um peptídeo possa ser iniciada a partir de qualquer um dos extremos dessa estrutura de RNAm, sem necessidade de código de iniciação ou de terminação. Nestas condições, o número de diferentes tipos de aminoácidos encontrados nos peptídeos formados será:

- 4.
- 3.
- 2.
- 1.

**BIO0256** - (Uerj) Observe a sequência de bases nitrogenadas que compõem a porção inicial de um RNA mensageiro transcrito em uma determinada proteína de uma célula eucariota:

AUGGCUAAUUAGAC.....

Nessa proteína, o aminoácido introduzido pelo códon iniciador foi removido durante o processo de síntese.

Admita que uma mutação tenha atingido o códon correspondente ao aminoácido número 3 da estrutura primária desse polipeptídeo, acarretando a troca de uma base A, na célula original, pela base U, na célula mutante. A tabela abaixo permite a identificação dos códons dos aminoácidos encontrados tanto na proteína original como na mutante, codificados pelo trecho inicial desse RNA mensageiro:

AMINOÁCIDO	CÓDONS
alanina	GCU, GCC, GCA, GCG
arginina	CGU, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG
aspártico	GAU, GAC
fenilalanina	UUU, UUC
leucina	UUA, UUG, CUU, CUC, CUA, CUG
lisina	AAA, AAG
metionina e códon de iniciação	AUG
serina	UCU, UCC, UCA, UCG, AGU, AGC
tirosina	UAU, UAC
triptofano	UGG

Agora, a estrutura primária da proteína mutante tem como terceiro aminoácido:

- tirosina.
- leucina.
- triptofano.
- fenilalanina.

**BIO0257** - (Unichristus) A determinação da sequência de aminoácidos de todas as proteínas da espécie humana e de outros seres vivos é de extrema importância. A partir da sequência de aminoácidos de uma proteína, podem-se identificar as possíveis sequências de DNA que a originaram. Considere o quadro:

AMINOÁCIDOS	REPRESENTAÇÃO	CÓDONS
Asparagina	Asn	AAU, AAC
Cisteína	Cys	UGU, UGC
Fenilalanina	Phe	UUU, UUC
Ácido glutâmico	Glu	GAA, GAG
Metionina	Met	AUG
Tirosina	Tyr	UAU, UAC

Com base no quadro apresentado e em seus conhecimentos, pode-se afirmar que

a) a sequência do DNA responsável pela síntese do peptídeo Met-Asn-Glu-Cys-Tyr-Phe é ATG – AAT – GAA – TGT – TAC – TTT.

b) quanto maior a sequência de DNA codificadora da proteína, menor será o número de aminoácidos que serão ligados durante a tradução.

c) a síntese proteica independe dos eventos ocorridos no núcleo da célula.

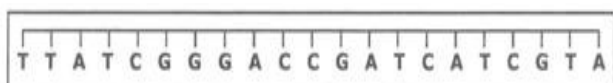
d) uma troca no primeiro nucleotídeo de uma trinca é menos perigosa do que a troca de um nucleotídeo do fim da trinca, pois o último é responsável pela determinação do aminoácido traduzido.

e) o código genético é degenerado, fato que pode ser comprovado observando os aminoácidos Fenilalanina, Tirosina e Cisteína na tabela.

**BIO0258** - (Unp) Uma mutação é uma alteração na sequência dos nucleotídeos do material genético de um organismo. Quando uma mutação altera o DNA do organismo dentro de um gene, mas não induz mudança na proteína codificada, podemos classificar essa mutação como:

- a) uma mutação neutra.
- b) uma mutação de sentido trocado.
- c) uma mutação deletéria.
- d) uma mutação silenciosa.

**BIO0259** - (Fmj) O esquema abaixo representa o um segmento de DNA.



A alteração mais drástica que esta molécula pode sofrer é a

- a) Supressão das três primeiras bases nitrogenadas.
- b) Substituição da 4ª base nitrogenada por outra.
- c) Inclusão de mais três bases nitrogenadas no final da molécula.
- d) Substituição das três primeiras bases nitrogenadas por outras.
- e) Supressão da 2ª base nitrogenada.

**BIO0260** - (Ufrgs) A sequência abaixo corresponde a um trecho de DNA específico que sofreu uma mutação gênica por substituição de um nucleotídeo na 5ª posição.

DNA Normal	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	<sup>3</sup> T	A	C	G	T	G	G	A	C	T	G	A	G	G	A <sup>5</sup>
					↓										
DNA Mutante	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	<sup>3</sup> T	A	C	G	A	G	G	A	C	T	G	A	G	G	A <sup>5</sup>
					↓										

RNAm: AUG = metionina; CAC = histidina; CUC = leucina; CUG = leucina; ACU = treonina; CCU = prolina. Sobre a mutação que ocorreu na sequência de DNA acima, é correto afirmar que

- a) gera uma cadeia polipeptídica com um aminoácido a menos.
- b) aumenta o número de códons do RNAm.
- c) é silenciosa, aumentando a variabilidade genética da espécie.
- d) altera o módulo de leitura do RNAm e o tamanho da proteína.
- e) causa a substituição de um aminoácido na proteína.

**BIO0261** - (Fmj) Uma mutação sem sentido muda um códon que especifica um aminoácido para um códon de término de cadeia, enquanto uma mutação de sentido trocado muda um códon que especifica um aminoácido por outro aminoácido diferente baseado no mecanismo do código genético e na leitura da tabela ao lado, analise as afirmativas abaixo.

Primeira base	Segunda base				Terceira base
	U	C	A	G	
Uracil (U)	Fenilalanina Fenilalanina Leucina Leucina	Serina Serina Serina Serina	Tirosina Tirosina Fim Fim	Cisteína Cisteína Fim Triptofano	U C A G
Citosina (C)	Leucina Leucina Leucina Leucina	Prolina Prolina Prolina Prolina	Histidina Histidina Glutamina Glutamina	Arginina Arginina Arginina Arginina	U C A G
Adenina (A)	Isoleucina Isoleucina Isoleucina Metionina	Treonina Treonina Treonina Treonina	Asparagina Asparagina Lisina Lisina	Serina Serina Arginina Arginina	U C A G
Guanina (G)	Valina Valina Valina Valina	Alanina Alanina Alanina Alanina	Ácido Aspártico Ácido Aspártico Ácido Glutâmico Ácido Glutâmico	Glicina Glicina Glicina Glicina	U C A G

- I. As mutações de sentido trocado são mais frequentes, pois, dos 64 códons, apenas três especificam o término da cadeia.
  - II. O número de mutações de sentido trocado possíveis é muito maior que o número de mutações sem sentido possíveis.
  - III. Quase sempre as mutações sem sentido geram produtos gênicos não funcionais.
  - IV. As mutações sem sentido em genes essenciais são sempre letais nos homocigotos e heterocigotos.
- Está(ão) correta(s) a(s) alternativa(s)
- a) I e III apenas.
  - b) I, II e III apenas.
  - c) I e II apenas.
  - d) I, II, III e IV.
  - e) II apenas.

**BIO0262** - (Uece) Em relação às características bioquímicas, fisiológicas ou morfológicas dos ribossomos, assinale a alternativa que contém uma afirmação falsa.

- a) São formados por duas subunidades de tamanhos diferentes.
- b) São constituídos por lipoproteínas associadas ao RNA transportador.
- c) Quando associados ao RNA mensageiro, formam os polirribossomos.
- d) Uma vez associados ao sistema de canais membranosos do citoplasma, formam o Retículo Endoplasmático Rugoso.

**BIO0263** - (Uece) Analise as seguintes afirmativas sobre a síntese de proteínas:

- I. O código genético é “degenerado” por apresentar um códon codificando mais de um aminoácido.
- II. O RNA ribossômico, além de funcionar como molécula estrutural, age como catalisador no processo.
- III. A subunidade menor do ribossomo é o sítio de ligação do RNA transportador ao RNA mensageiro.

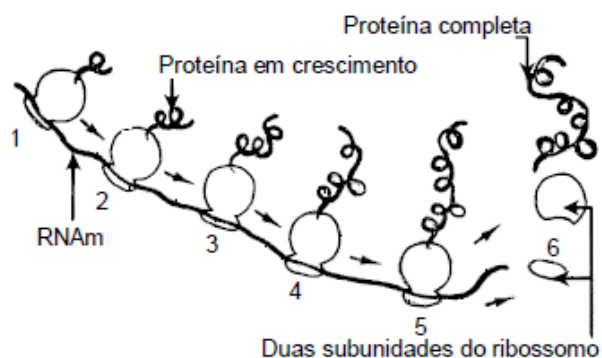
São corretas:

- a) apenas I e II.
- b) apenas I e III.
- c) apenas II e III.
- d) I, II e III.

**BIO0264** - (Unifor) Um cientista sintetizou uma proteína constituída por uma cadeia de 112 aminoácidos. Neste caso, quantas moléculas de RNA mensageiro (RNAm) e quantas moléculas de RNA transportador (RNAt) foram usadas na biossíntese?

- a) Uma molécula de RNAm e 112 moléculas de RNAt.
- b) 112 moléculas de RNAm e uma molécula de RNAt.
- c) 112 moléculas de RNAm e 112 moléculas de RNAt.
- d) Uma molécula de RNAm e 56 moléculas de RNAt.
- e) 56 moléculas de RNAm e uma molécula de RNAt.

**BIO0265** - (Uespi) Como ilustrado no esquema, no interior de uma célula eucariótica, há verdadeiras linhas de montagem de proteínas (os polirribossomos). Com relação a esse assunto, analise as alternativas abaixo.



- 1. No ribossomo (1), tem-se o polipeptídeo de menor tamanho, porque um número menor de códons do RNA mensageiro foi traduzido.
- 2. As proteínas produzidas em (2, 3, 4, 5 e 6) deverão ter idênticas sequências de aminoácidos.
- 3. Para os cinco ribossomos ilustrados, o pareamento de um anticódon ACC, no RNA mensageiro, será dado por um códon TGG no RNA transportador.
- 4. O papel do RNA transportador ou de transferência é capturar aminoácidos dissolvidos no citoplasma e carregá-los ao local de síntese de proteínas.

Está(ão) correta(s):

- a) 1, 2, 3 e 4.
- b) 3 e 4 apenas.
- c) 1, 2 e 4 apenas.
- d) 1 e 2 apenas.
- e) 4 apenas.

**BIO0266** - (Uff) Em células eucariontes desprovidas de cloroplastos, são encontrados três grupos de polirribossomas:

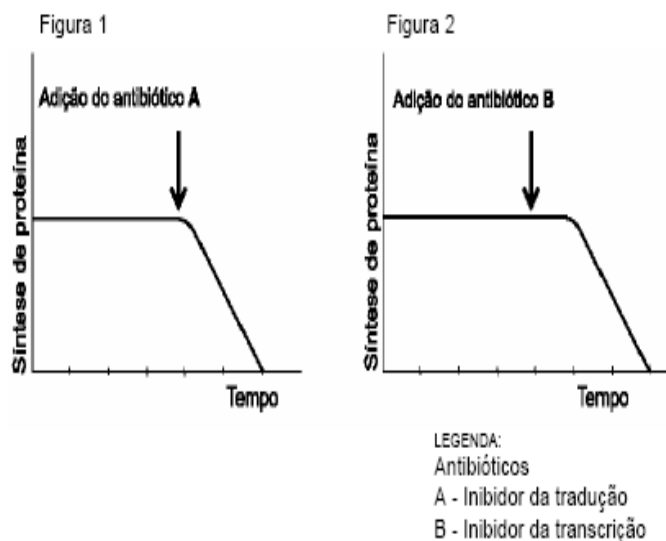
- 1º) os que estão livres no citosol;
- 2º) os ligados ao retículo endoplasmático rugoso (RER);
- 3º) os mitocondriais.

Nessas células eucariontes, as proteínas mitocondriais são sintetizadas apenas por:

- a) polirribossomas do 2º e 3º grupos.
- b) polirribossomas do 3º grupo.
- c) polirribossomas do 1º e 3º grupos.
- d) polirribossomas do 1º grupo.
- e) polirribossomas do 1º e 2º grupos.



**BIO0267** - (Ufcg) As figuras 1 e 2 simulam o efeito dos antibióticos A e B sobre a síntese de proteínas em bactérias.



Com base na análise dessas figuras, é correto afirmar que

- a) a queda da síntese de proteína resulta da inibição da duplicação do RNA.
- b) os mRNAs, na figura 2, transcritos antes da adição do antibiótico B são traduzidos.

- c) o antibiótico B demora mais a agir que o antibiótico A.
- d) o antibiótico A impede a síntese de novas moléculas de mRNA.
- e) o antibiótico A inibe a duplicação do DNA.

**BIO0268** - (Unp) Antibióticos são substâncias produzidas por alguns organismos, como os fungos, por exemplo, e que são capazes de matar bactérias. Os antibióticos apresentam vários mecanismos de ação. Como exemplo pode-se citar:

Ação I: inibe a enzima responsável pelo desemparelhamento das hélices do DNA.

Ação II: inibe a ligação da RNA polimerase, DNA-dependente.

Ação III: ao ligar-se à subunidade ribossomal, inibe a ligação do RNA transportador.

Quanto à interferência direta dessas ações nas células bacterianas, é correto afirmar:

- a) Ação I inibe a duplicação do DNA, impedindo a multiplicação da célula.
- b) Ação II inibe a tradução, interferindo na síntese de DNA bacteriano.
- c) Ação III inibe a transcrição do RNA mensageiro.
- d) Ações I e III inibem a síntese de ácidos nucleicos.

notas