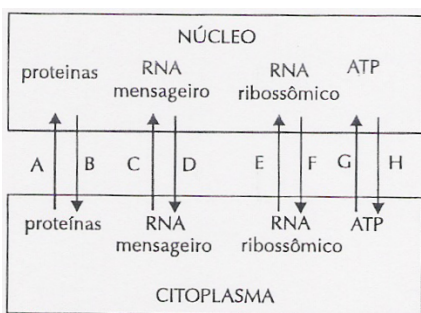


Biologia Molecular e Engenharia Genética - Ácidos Nucleicos II – Transcrição e RNA

BIO0219 - (Unesp) Na célula eucarionte, estabelecem-se trocas entre núcleo e citoplasma de substâncias que, sintetizadas em um desses compartimentos migram para o outro, a fim de atender a suas necessidades. O esquema apresenta algumas dessas substâncias.



Assinale a resposta que dá a direção correta de migração das mesmas.

- A, D, F, G.
- B, D, F, G.
- B, D, F, H.
- A, D, E, G.
- A, D, F, H.

BIO0220 - (Uece) No mecanismo da transcrição, uma das fitas do DNA (a fita molde) é transcrita em RNA mensageiro pela ação de

- um peptídeo sinalizador iniciador.
- dois RNAs ribossômicos acoplados.
- uma enzima denominada RNA polimerase dependente de DNA.
- uma associação de RNAs ribossômicos com vários RNAs transportadores.

BIO0221 - (Facisa) Pesquisadores da Universidade de São Paulo (USP) identificaram recentemente um RNA, ácido ribonucleico, responsável pela síntese de proteínas da célula, chamado de INXS que, embora não contenha instruções para a produção de uma proteína, modula a ação de um gene importante no processo da apoptose, também chamada de morte celular programada.

Fonte: <http://cmais.com.br/jornalismo/ciencia-tecnologia/cientistas-da-usp-identificam-rna-que-regula-morte-celular> (modificado).

De acordo com os conhecimentos biológicos relativos aos processos para a produção de RNA em eucariotos, afirma-se que:

- (01) A enzima RNA polimerase separa as duas cadeias de DNA no trecho a ser transcrito.
- (03) Ocorre atração de polipeptídios livres de DNA no citoplasma.
- (05) As pontes de hidrogênio entre os nucleotídeos livres de RNA e DNA são estabelecidas a partir da fita molde A=U e C=G.
- (08) Para a formação do RNA ocorre ligação entre o fósforo do polipeptídeo e a ribose do polipeptídeo seguinte.
- (13) O RNA produzido se desliga do molde de DNA e migra para o citoplasma.
- (16) Ao final do processo, a fita de DNA se restabelece.

Indique a alternativa que contempla o somatório das afirmativas corretas.

- 34.
- 19.
- 40.
- 35.
- 16.

BIO0222 - (Uel) Considere a sequência de bases da fita não molde do DNA de um organismo procaríoto: AAT CCG ACG GGA. Quais seriam as sequências de bases da fita complementar do DNA, que serve de molde para transcrição, e da fita simples de RNA transcrito?

- Fita molde -3' - TTA GGC TGC CCT- 5' e RNA 5'-UUTCCGUCGGGU- 3'.
- Fita molde -3' - UUA GGC UGC CCU-5' e RNA 5'-TTAGGCTGC CCT- 3'.
- Fita molde -3' - AAT CCG ACG GGA-5' e RNA 5'-UUAGGCUGCCCU- 3'.
- Fita molde -3' - TTA GGC TGC CCT- 5' e RNA 5'-AAUCCGACGGGA- 3'.
- Fita molde -3' - AAU CCG ACG GGA-5' e RNA 5' - TTAGGCTGCCCT -3'.



Disponível em: <<https://www.google.com.br/search?>>. Acesso em: 20 jul. 2018.

No processo de síntese proteica, uma molécula de RNAm formada a partir da sequência de moléculas informadas na senha desse cartum, terá, da esquerda para direita, a seguinte sequência:

- a) AGUUUCUGCCGGACCUAGG.
- b) AGTTTCTCGCGGACCTAGG.
- c) CGAUUCUGCAGGACCUAGG.
- d) AGUTTAAGCAAACCTACGU.
- e) AGCUUCAGCCGCACCUAGG.

BIO0224 - (Fmj) No livro sobre genoma humano recentemente lançado no mercado, há uma explicação de como os genes estão distribuídos no genoma. A autora compara os genes a uma receita de bolo (no caso o bolo seriam as proteínas), mas mostra a forma com que esta receita se encontra dentro do genoma. O quadro I representa a receita de bolo (gene) e o quadro II a distribuição destes genes no genoma.

GENE – Quadro I

COLOQUE DOIS TABLETES DE MANTEIGA EM UMA VASILHA ADICIONE TRÊS XÍCARAS DE AÇÚCAR BATA A MANTEIGA JUNTO COM O AÇÚCAR ATÉ FORMAREM UMA MASSA SEPRE A GEMA DA CLARA DE DOIS OVOS ADICIONE AS DUAS GEMAS À MASSA

GENE DENTRO DO GENOMA – Quadro II

BLIENEAIALLYENGINEEREDSOVOSIODEDCROPTEBE
GINAOENAERAHEFOODCHAINARALCADAMENTEED
BTGGAERAAEINFOODTINIONAAWOEARTOFCORNO
RAOCALLETEALPLPESHAAWHOERÇOULDMAKEADI
CIONBHIOGHNRTI
HKSHIEHKETRÊSXÍCARASDEAÇEIALTHERMEAIÚCAR
NHIURHOJSNDIHIHSIOASJDLIHDADICIOIUOHJHSDI
HISHSSDGNEASDUASTTTDGGPOOEMASAMASSA
UIJOHIDGDGCOLOQUUIJHINIJOJOGHGHDGDEDOIS
TABLETESDEM
ANTEIGAEMUMMUIOHUGDJDHIIHKSJLDJHHDAV
ASILHARUOHDJKHDKHDKHDHJGDBATAAMAYRUGS
GKUSNTEIGAJUNTOCODFHFUISGFSUGFMOAÇÚC
ARATÉFORMFHJGFUUGUGUGUGAREMUMAMASS
AHGFDGFGYGFSGFUSD

Quando a autora coloca a receita do bolo “espalhada” pelo meio das outras letras, ela está tentando mostrar o conceito de:

- a) código genético degenerado.
- b) introns e exons.
- c) regulação genética.
- d) tradução e transcrição.
- e) variabilidade genética.

BIO0225 - (Uece) Os termos “exon” e “splicing”,

derivados do inglês, se referem, respectivamente, a

- a) regiões do DNA transcrito que não são traduzidas em proteínas; formação do RNAm por corte e emenda, com remoção dos nucleotídeos que não serão traduzidos em aminoácidos pertencentes à proteína.
- b) regiões do DNA transcrito que são traduzidas em proteínas; formação do RNAm por corte e emenda, com remoção dos nucleotídeos que não serão traduzidos em aminoácidos pertencentes à proteína.
- c) regiões do DNA transcrito que não são traduzidas em proteínas; formação do RNAr por corte e emenda, com remoção dos nucleotídeos que não serão usados no transporte de aminoácidos para formar a proteína.
- d) regiões do DNA transcrito que são traduzidas em proteínas; formação do RNAr por corte e emenda, com remoção dos nucleotídeos que não serão usados no transporte de aminoácidos para formar a proteína.

BIO0226 - (Uece) O conceito de gene tem evoluído muito nos últimos anos, particularmente em decorrência da descoberta do *splicing*, processo que elimina introns. Podemos afirmar, corretamente, que o tipo de ácido nucleico envolvido neste processo e o local de ocorrência são respectivamente:

- a) DNA e núcleo.
- b) RNA e núcleo.
- c) DNA e citoplasma.
- d) RNA e citoplasma.

BIO0227 - (Fcm) Nos dias atuais os rápidos avanços no campo da biologia molecular levaram a aplicações de técnicas sofisticadas, por exemplo, a tecnologia do DNA recombinante, hibridização genômica do RNA e manipulação de células tronco. No entanto, para dar continuidade de uma geração para a seguinte, o DNA tem que ser quimicamente estável e copiado com precisão durante a replicação; seguindo a lógica molecular da vida, o RNA primariamente transcrito feito diretamente de um molde de DNA não é a forma biológica final do RNA. Considerando os mecanismos genéticos e bioquímicos envolvidos na manipulação,

estrutura e transcrição do DNA, avalie as informações a seguir.

I. A dupla hélice contém dois polinucleotídeos, com as bases nitrogenadas empilhadas na parte externa da molécula.

II. O processo de remoção dos introns de uma molécula de RNA pré-mensageiro recebeu a denominação de *splicing*, que significa corte e colagem.

III. As bases nitrogenadas dos dois polinucleotídeos na molécula de DNA interagem através de ligações fosfodiésteres.

IV. Transformação é o mecanismo de recombinação gênica em que sequências de DNA puras são captadas por uma célula receptora.

V. O mecanismo de *splicing* do RNA pré-mensageiro é realizado por um complexo de partículas e enzimas nucleares denominado spliciossomo.

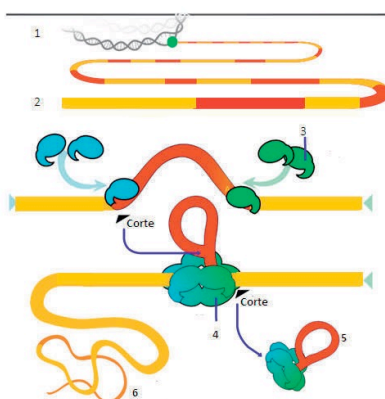
Está(ão) correta(s) as afirmativas:

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

BIO0228 - (Fcm-Jp) A transcrição produz uma cópia fiel do filamento molde do gene; se o gene contiver introns, o transcrito primário incluirá cópias deles; entretanto os introns precisam ser removidos e as regiões de exons do transcrito ligadas umas às outras, antes que ocorra a tradução. Esse processo é denominado:

- a) Metilação.
- b) Adição.
- c) Permutação (*Crossing-over*).
- d) Ligação gênica (*Linkage*).
- e) Recomposição (*Splicing*).

BIO0229 - (Upe) Analise a figura a seguir:



Disponível em: <http://www.clker.com/inc/svgedit/svg-editor.html?paramurl=/inc/clean.html?id=49537> (Adaptado)

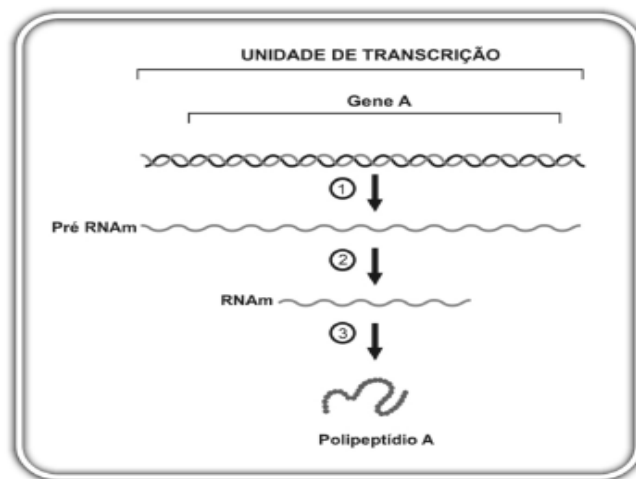
Correlacione o texto abaixo com a figura.

A polimerase do RNA, ao percorrer uma unidade de transcrição no (1), transcreve tanto exons quanto introns, produzindo uma molécula, o (2). Ainda no núcleo, o processo de *splicing* é realizado por várias partículas constituídas por proteínas e pequenas moléculas de RNA, as (3), que irão formar o (4), responsável pelos cortes e pelas emendas de introns e de exons, respectivamente. Após a eliminação dos (5), o (6) estará com sua informação genética devidamente editada e poderá passar para o citoplasma, onde se reunirá aos ribossomos para ser traduzido em polipeptídeo.

Assinale a alternativa que contém os termos que preenchem corretamente os espaços (1), (2), (3), (4), (5) e (6).

- a) (1) DNA, (2) pré-RNA mensageiro, (3) ribonucleoproteínas, (4) spliciossomo, (5) introns, (6) RNA mensageiro.
- b) (1) DNA, (2) RNA mensageiro, (3) ribonucleases, (4) polipeptídeo, (5) exons, (6) polipeptídeo.
- c) (1) Pré-RNA mensageiro, (2) DNA, (3) ribonucleoproteínas, (4) spliciossomo, (5) introns, (6) RNA mensageiro.
- d) (1) RNA mensageiro, (2) DNA, (3) ribonucleoproteínas, (4) aminoácido, (5) exons, (6) polipeptídeo.
- e) (1) RNA mensageiro, (2) aminoácido, (3) ribonucleases, (4) spliciossomo, (5) introns, (6) DNA.

BIO0230 - (Upe) O esquema abaixo representa as fases para a expressão de um gene eucarioto, que codifica um polipeptídeo.



Com base no esquema e nos seus conhecimentos, analise as afirmativas abaixo.

I. Na etapa 1, a enzima RNA polimerase se liga à região promotora do gene, dando início ao processo de transcrição.

II. O pré-RNAm sofre alterações (etapa 2), incluindo o processo de retirada das regiões não codificantes (introns).

III. A etapa 3 é realizada no citoplasma, onde o RNAm será traduzido em polipeptídeo.

IV. A diminuição do tamanho do RNAm ocorre na fase 2, em decorrência da retirada dos exons e da associação com o RNAr.

Somente está correto o que se afirma em

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

BIO0231 - (Enem) A figura seguinte representa um modelo de transmissão da informação genética nos sistemas biológicos. No fim do processo, que inclui a replicação, a transcrição e a tradução, há três formas proteicas diferentes denominadas a, b e c.



Depreende-se do modelo que

- a) a única molécula que participa da produção de proteínas é o DNA.
- b) o fluxo de informação genética, nos sistemas biológicos, é unidirecional.
- c) as fontes de informação ativas durante o processo de transcrição são as proteínas.
- d) é possível obter diferentes variantes proteicas a partir de um mesmo produto de transcrição.
- e) a molécula de DNA possui forma circular e as demais moléculas possuem forma de fita simples linearizadas.

BIO0232 - (Uesb) A descoberta da estrutura do DNA foi um grande momento na história da ciência e na busca do segredo da vida; a compreensão dessa estrutura respondeu algumas perguntas importantes sobre a replicação, mutação e evolução humana. Desde 1953, houve outros enormes avanços na compreensão da maneira exata como o DNA se replica, como esta pode funcionar errado e como um número tão pequeno de genes (algo próximo de 30 mil) consegue produzir algo tão complexo quanto um ser humano. (MOSLEY; LYNCH, 2011, p.109).

A respeito dos novos conhecimentos obtidos a partir dessa importante descoberta científica comentada no texto, pode-se afirmar:

a) A replicação do DNA é dita semiconservativa por preservar as duas cadeias polinucleotídicas da molécula original na única nova molécula de DNA sintetizada.

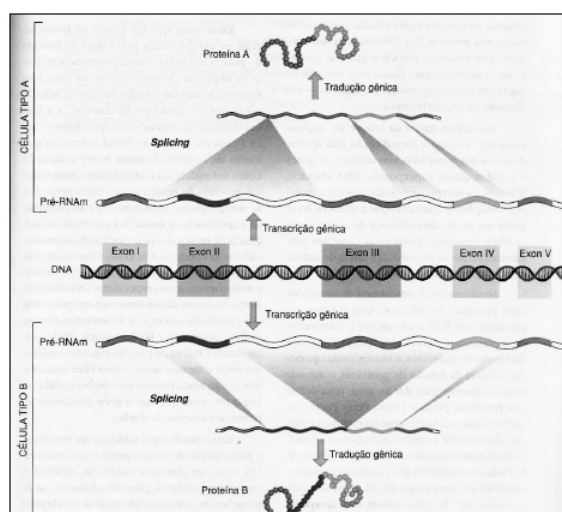
b) Alterações nas sequências das bases nitrogenadas da molécula de DNA obrigatoriamente produzem mudanças na cadeia polipeptídica codificada por ela.

c) A transcrição representa uma das etapas do processo de expressão, ao sequenciar a cadeia polipeptídica através da participação dos polissomos no ambiente citosólico da célula.

d) O mesmo gene pode ser responsável pela expressão de várias características genéticas, ao modificar as sequências de introns e exons em sua própria estrutura.

e) A tradução da informação genética utiliza o DNA como molécula molde na produção de novas cadeias polinucleotídicas que utilizam a uracila como exemplo de base nitrogenada.

BIO0233 - (Uern) Em 1978, o geneticista Walter Gilbert propôs os termos exon para designar as regiões de um gene que codifica uma sequência de aminoácidos, e intron para designar as regiões de um gene não traduzidas, localizadas entre os exons.

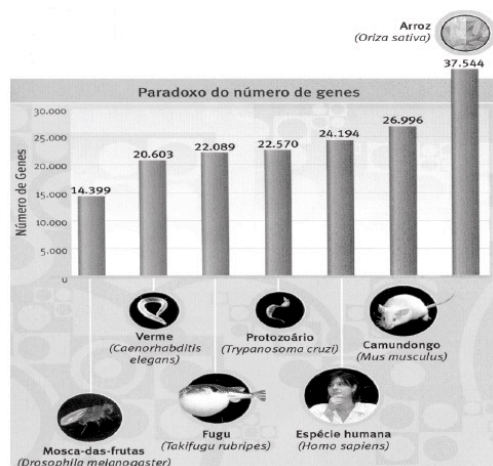


Biologia das Populações – Amabis e Martho

A Ciência estima que seja de 30 mil o número de genes da espécie humana, no entanto o número de proteínas diferentes esteja estimado entre 100 mil a 120 mil. Isso ocorre devido ao(a)

- a) união de proteínas recém-sintetizadas, formando novos compostos.
- b) *splicing*, isto é, cortes e montagens diferentes do mesmo RNA-mensageiro.
- c) genes que, ativos em uma célula, podem estar inativados em outra.
- d) diferença da carga genética nos tipos de células diferenciados.

BIO0234 - (Unifor) A figura abaixo ilustra o paradoxo do número de genes: muitos organismos menos complexos que o *Homo sapiens* têm tantos ou mais genes que este. A expectativa, diante do sequenciamento do genoma humano, era a revelação da complicada receita necessária à construção de uma pessoa. Acreditava-se na descoberta de aproximadamente 100 mil genes que justificassem o mesmo número de proteínas produzidas pela espécie humana.



AMARAL, P. P. R. e NAKAYA, H. I. DNA não-codificador. In: *Ciência Hoje*. v. 38, n.228 julho 2006. (com adaptações)

Com base nas informações acima, é possível concluir que:

- As complexidades morfológica e fisiológica de uma espécie estão diretamente relacionadas ao tamanho do genoma e ao número de genes.
- O maior número de genes observado no Arroz (*Oriza sativa*) o torna um organismo mais complexo do que o Camundongo (*Mus musculus*).
- Quanto mais complexo o organismo, menor o número de genes presente no seu genoma, como se observa na Mosca-das-frutas (*Drosophila melanogaster*).
- Os genes do Protozoário (*Trypanosoma cruzi*) podem ser editados de várias formas, o que o torna um organismo mais complexo do que a Mosca-das-frutas (*Drosophila melanogaster*).
- Quanto mais complexo o organismo, maior probabilidade de ter se tornado assim ao sintetizar várias proteínas a partir de um único gene.

BIO0235 - (Enem) Define-se genoma como o conjunto de todo o material genético de uma espécie, que, na maioria dos casos, são as moléculas de DNA. Durante muito tempo, especulou-se sobre a possível relação entre o tamanho do genoma – medido pelo número de pares de bases (pb) –, o número de proteínas produzidas e a complexidade do organismo. As primeiras respostas começam a aparecer e já deixam claro que essa relação não existe, como mostra a tabela abaixo.

Espécie	nome comum	tamanho estimado do genoma (PB)	nº de proteínas descritas
<i>Oryza sativa</i>	arroz	5.000.000.000	224.181
<i>Mus musculus</i>	camundongo	3.454.200.000	259.081
<i>Homo sapiens</i>	homem	3.400.000.000	459.114
<i>Rattus norvegicus</i>	rato	2.900.000.000	109.077
<i>Drosophila melanogaster</i>	mosca-da-fruta	180.000.000	86.255

Internet: www.cbs.dtu.dk e <www.ncbi.nlm.nih.gov>.

De acordo com as informações acima,

- o conjunto de genes de um organismo define o seu DNA.
- a produção de proteínas não está vinculada à molécula de DNA.
- o tamanho do genoma não é diretamente proporcional ao número de proteínas produzidas pelo organismo.
- quanto mais complexo o organismo, maior o tamanho de seu genoma.
- genomas com mais de um bilhão de pares de bases são encontrados apenas nos seres vertebrados.

BIO0236 - (Enem) Durante muito tempo, os cientistas acreditaram que variações anatômicas entre os animais fossem consequência de diferenças significativas entre seus genomas. Porém, os projetos de sequenciamento de genoma revelaram o contrário. Hoje, sabe-se que 99% do genoma de um camundongo é igual ao do homem, apesar das notáveis diferenças entre eles. Sabe-se também que os genes ocupam

apenas cerca de 1,5% do DNA e que menos de 10% dos genes codificam proteínas que atuam na construção e na definição das formas do corpo. O restante, possivelmente, constitui DNA não-codificante. Como explicar, então, as diferenças fenotípicas entre as diversas espécies animais? A resposta pode estar na região não-codificante do DNA.

A região não-codificante do DNA pode ser responsável pelas diferenças marcantes no fenótipo porque contém

- a) as sequências de DNA que codificam proteínas responsáveis pela definição das formas do corpo.
- b) uma enzima que sintetiza proteínas a partir da sequência de aminoácidos que formam o gene.
- c) centenas de aminoácidos que compõem a maioria de nossas proteínas.
- d) informações que, apesar de não serem traduzidas em sequências de proteínas, interferem no fenótipo.
- e) os genes associados à formação de estruturas similares às de outras espécies.

BIO0237 - (Pucsp) Pesquisas recentes indicam que segmentos de DNA dispostos entre os genes nos cromossomos, conhecidos por “DNA lixo”, teriam importante papel na regulação da atividade gênica. Até o momento, sabe-se que tais segmentos podem servir de molde na transcrição de moléculas. Esses segmentos de DNA

- a) são capazes de controlar a produção de RNA e estão presentes em apenas algumas células do corpo.
- b) não são capazes de controlar a produção de RNA e estão presentes em apenas algumas células do corpo.
- c) são capazes de controlar a produção de RNA, sendo transmitidos de uma célula às suas filhas no processo de mitose.
- d) não são capazes de controlar a produção de RNA e não são transmitidos de uma célula às suas filhas no processo de mitose.
- e) não são capazes de se replicar nem de controlar a produção de RNA.

BIO0238 - (Uninassau) Para a produção do feijão carioca resistente ao vírus do mosaico-dourado foi usada uma técnica não usual. Em vez do transgene codificar uma proteína, houve a formação de um “grampo” de RNA, após a transcrição, formando pequenos RNAs que se degradam após o processamento. Os grampos de RNA agem:

- a) Impedindo a tradução do RNA mensageiro viral.
- b) Estimulando a produção de anticorpos específicos.
- c) Inibindo a duplicação do DNA da célula hospedeira.
- d) Permitindo a formação de proteínas inibidoras da síntese do capsídeo.
- e) Acoplando-se ao capsídeo viral e impedindo assim, sua saída da célula.

BIO0239 - (Unirio) CENSORES DO GENOMA / RNA DE INTERFERÊNCIA (RNAi)

Quase todas as células animais e vegetais apresentam um mecanismo interno que utiliza formas distintas do RNA, a molécula mensageira genética, para naturalmente silenciar determinados genes. Esse mecanismo se desenvolveu tanto para proteger as células de genes hostis como para regular a atividade de genes normais durante o crescimento e desenvolvimento. Novos medicamentos poderão ser desenvolvidos para explorar o mecanismo do RNAi na prevenção e no tratamento de doenças.

Scientific American Brasil, 2003

Uma das formas distintas de RNA citada no texto, que participa do silenciamento dos genes é um tipo de RNA de filamento duplo, cujo emparelhamento das bases obedece ao critério padrão (base púrica / base pirimídica). Neste tipo de molécula, a relação entre suas bases nitrogenadas é:

- a) $(U + C) / (G + A) = 1$.
- b) $(U + A) / (C + G) = 1$.
- c) $(T + C) / (A + G) > 1$.
- d) $(T + C) / (A + G) = 1$.
- e) $(U + C) / (A + G) \cdot 1$.

BIO0240 - (Unp) Observe as afirmativas a seguir.

1. Toda proteína é fruto da expressão de um gene.
mas
2. Nem todos os genes codificam proteínas.

- a) Ambas as afirmativas estão corretas.
- b) A primeira está correta, mas a segunda está errada.
- c) A primeira está errada, mas a segunda está correta.
- d) Ambas as afirmativas estão erradas.

BIO0241 - (Ufc) Sobre os diferentes papéis dos ácidos nucléicos na síntese de proteínas podemos afirmar corretamente que:

- a) a sequência de bases no DNA determina a sequência de aminoácidos na cadeia polipeptídica.
- b) a posição dos aminoácidos na cadeia polipeptídica depende da sequência de bases do tRNA.
- c) o transporte de aminoácido para o local da síntese é feito pelo mRNA.
- d) a sequência de bases do rRNA é transcrita a partir do código do mRNA.
- e) a extremidade livre dos diversos tRNA tem sequências de bases diferentes.

BIO0242 - (Ufc) Assinale a alternativa que traz, na sequência correta, os termos que preenchem as lacunas do texto:

Os retrovírus, como o HIV, são partículas portadoras de RNA, que possuem a característica especial de ter a enzima _____ e cujo _____ comanda a síntese de _____. Este último, uma vez formado, passa a comandar a síntese de novas moléculas de _____, que irão constituir o material genético de novos retrovírus.

- a) 1 – transcriptase reversa, 2 – DNA, 3 – RNA, 4 – RNA
- b) 1 – transcriptase reversa, 2 – RNA, 3 – DNA, 4 – RNA
- c) 1 – RNA polimerase, 2 – DNA, 3 – RNA, 4 – DNA
- d) 1 – DNA polimerase, 2 – DNA, 3 – RNA, 4 – RNA
- e) 1 – DNA ligase, 2 – RNA, 3 – DNA, 4 – RNA

BIO0243 - (Unichristus) A composição de certo ácido nucleico apresenta 30% de adenina, 20% de guanina, 10% de timina e 40 % de citosina. Em relação a esse polímero, podemos afirmar, corretamente, que

- a) não é uma molécula de DNA, uma vez que não apresenta o princípio de paridade.
- b) sendo uma molécula de fita simples, provavelmente é um RNAm.
- c) pode ser DNA de fita simples pertencente a um vírus.
- d) esse polímero não existe.
- e) trata-se de DNA pertencente a um procarionota

notas