

## Genética: Código Genético

As características presentes em um ser vivo podem ser agrupadas em duas categorias: adquiridas e hereditárias.

- **Características adquiridas** – São aquelas que resultam da ação de agentes do meio ambiente. Uma cicatriz surgida em consequência de um ferimento, a ausência de determinada parte do corpo perdida num acidente (um braço, por exemplo) ou a atrofia dos músculos da perna em consequência de uma doença infecciosa (poliomielite, por exemplo) são alguns exemplos de características adquiridas.
- **Características hereditárias** – São aquelas determinadas por unidades denominadas gens ou genes (do grego *genos*, originar) encontradas normalmente nos cromossomos das células. Tais características são herdadas dos ancestrais e transmitidas aos descendentes por meio da reprodução, isto é, são geneticamente transmissíveis de geração para geração. A cor dos nossos olhos e o tipo de sangue que possuímos são exemplos de características hereditárias. Às vezes, uma característica adquirida pode ser muito semelhante a uma característica hereditária. Nesse caso, diz-se que aquela é uma fenocópia da característica hereditária. Por exemplo: a surdez provocada por uma infecção (sarampo, por exemplo) é uma fenocópia da surdez condicionada por genes que causam má-formação do aparelho auditivo.

As características que um indivíduo já apresenta ao nascer são chamadas de congênitas e podem ser hereditárias ou adquiridas. As más-formações que uma criança apresenta ao nascer pelo fato de ter sido infectada na vida intrauterina pelo vírus da rubéola são exemplos de características congênitas adquiridas, ou seja, são características que não foram determinadas por genes, e sim causadas por uma infecção viral que passou, através da placenta, da mãe para o feto, acometendo a criança antes do seu nascimento. Por outro lado, nem toda característica hereditária é congênita. Por exemplo: certas doenças hereditárias, como a doença de Huntington, manifestam-se somente a partir de determinada fase da vida, sendo o indivíduo perfeitamente normal ao nascer.

A Genética tem o objetivo de estudar as características hereditárias em todos os seus aspectos, tais como fatores determinantes, fatores que influenciam e modo de transmissão.

O verdadeiro conhecimento de como as características hereditárias são transmitidas teve sua origem nos trabalhos do monge austríaco Gregor Mendel. Na segunda metade do século XIX, realizando cruzamentos entre plantas, em especial ervilhas, e observando as características dos parentais (pais) e descendentes, por várias gerações, Mendel postulou a existência, no interior das células, de partículas ou fatores que seriam os responsáveis pela determinação das características hereditárias. Segundo Mendel, as características seriam determinadas por pares de fatores hereditários. Na gametogênese (formação dos gametas), esses pares de fatores se separavam de modo que cada gameta ficaria com apenas um fator relativo a cada característica. Mendel, entretanto, não soube explicar que fatores eram esses, de que eram formados e onde estariam localizados dentro das células. Assim, quando seus trabalhos foram publicados, em 1866, a comunidade científica não deu a eles o devido reconhecimento. Somente alguns anos mais tarde, por volta de 1900, quando Mendel já havia morrido, três cientistas, o holandês Hugo de Vries, o alemão Carl Correns e o austríaco Eric von Tschermack, realizando novos experimentos e trabalhando independentemente, reconheceram e confirmaram as ideias de Mendel, que, então, passou a ser considerado o “pai da Genética atual”.

Os avanços alcançados pela Citologia no início do século XX, como a observação dos cromossomos e outras estruturas celulares, assim como a descrição dos processos de divisão celular (mitose e meiose), muito contribuíram para a elaboração da teoria cromossômica da herança, proposta em 1910 por Morgan e seus colaboradores. Segundo essa teoria, os fatores hereditários de Mendel, agora denominados genes, estão localizados nos cromossomos.

Em 1944, Avery, MacLeod e McCarthy, após a realização de vários experimentos, chegaram à conclusão de que o material genético, isto é, os genes, é constituído de DNA (ácido desoxirribonucleico).

Na década de 1960, os cientistas descobriram que as informações sobre as características hereditárias se encontram codificadas nos genes. Estava então descoberto o famoso **código genético**.

A informação codificada em um gene refere-se à estrutura primária (sequência de aminoácidos) de um polipeptídeo. Esse polipeptídeo, que pode ser uma proteína estrutural ou uma proteína catalisadora (enzima), é o responsável pela manifestação de uma característica. Assim, um gene exerce sua ação por meio de um polipeptídeo por ele codificado.

## O CÓDIGO GENÉTICO

Um gene é um segmento de DNA que contém, na sequência de suas bases nitrogenadas, uma informação codificada a respeito da estrutura primária de uma determinada proteína ou polipeptídeo. Em uma única molécula de DNA, existem vários genes.

O gene contém, na sequência das bases nitrogenadas de seus nucleotídeos, as informações de como deverá ser a estrutura primária da proteína a ser fabricada, ou seja, quais serão os seus aminoácidos e em que sequência deverão ser ligados. Essas informações estão "codificadas": cada sequência de três bases nitrogenadas consecutivas, isto é, cada tríade (trinca, terceto ou *triplet*) de bases significa, nesse "código", uma determinada informação. Existem tríades que codificam um determinado tipo de aminoácido e tríades que codificam o término da síntese do polipeptídeo. Esse código existente no DNA das células e também de muitos vírus ficou conhecido por "código genético", e sua decodificação já foi feita pelo homem. Veja os exemplos a seguir:

Tríades de bases nitrogenadas do DNA	Tradução da informação codificada
TAC	Aminoácido metionina (Met) e início da síntese
AAA	Aminoácido fenilalanina (Phe)
CAA	Aminoácido valina (Val)
CTT	Aminoácido ácido glutâmico (Glu)
CCG	Aminoácido glicina (Gly)
CCT	Aminoácido glicina (Gly)
AGG	Aminoácido serina (Ser)
ATT	Término da síntese
ATC	Término da síntese

Observe, nos exemplos apresentados anteriormente, que uma mesma informação pode ser codificada por diferentes tríades (aminoácido glicina, por exemplo). Por isso, diz-se que o código genético é **degenerado**. No código, existem três tríades (ATT, ATC e ACT) que são traduzidas como se fossem um "ponto-final", determinando o término ou a parada da síntese polipeptídica. Observe também que a tríade TAC, além de codificar o aminoácido metionina, determina também o início da síntese, sendo, por isso, conhecida por tríade de iniciação. Admitindo-se, por exemplo, que um segmento de DNA tem a seguinte sequência de bases: AAA CAA AGG AAA CCG..., nesse segmento, está codificada a seguinte sequência de aminoácidos: Phe – Val – Ser – Phe – Gly...

O código genético é o mesmo em diferentes espécies de seres vivos e, por isso, se diz que ele é **universal**. Por exemplo, a tríade AAA no DNA de qualquer espécie codifica a mesma informação: o aminoácido fenilalanina. Entretanto, existem algumas poucas exceções: dentro das mitocôndrias e dos cloroplastos, o código difere levemente do de procariontes e do núcleo de células eucarióticas; em um grupo de protista, as tríades ATT e ATC codificam o aminoácido glutamina em vez de funcionarem como tríades de terminação. O significado dessas diferenças ainda não foi esclarecido. Assim sendo, para alguns autores, o melhor é dizer que o código genético é quase universal.

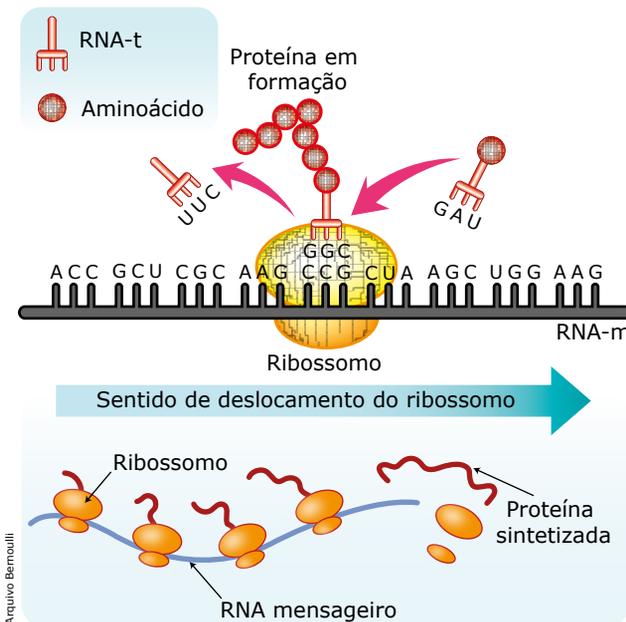
Quando um determinado gene entra em atividade numa célula, ocorre primeiramente o fenômeno da transcrição, isto é, a informação codificada no gene é repassada para o RNA-m (RNA mensageiro). Cada trinca de bases do RNA-m transcrita do gene recebe o nome de **códon**. Veja a seguir alguns exemplos de transcrição.

Tríades de bases nitrogenadas do DNA	Códons correspondentes no RNA-m	Tradução da informação codificada
TAC	AUG	Aminoácido metionina (Met)
AAA	UUU	Aminoácido fenilalanina (Phe)
CAA	GUU	Aminoácido valina (Val)
CTT	GAA	Aminoácido ácido glutâmico (Glu)
CCG	GGC	Aminoácido glicina (Gly)
CCT	GGA	Aminoácido glicina (Gly)
AGG	UCC	Aminoácido serina (Ser)
ATT	UAA	Término da síntese
ATC	UAG	Término da síntese

Observe que cada códon do RNA-m codifica a mesma informação da tríade do DNA da qual foi transcrito.

O RNA-m transcrito do gene (segmento de DNA) liga-se ao ribossomo, estrutura celular formada de RNA-r (RNA ribossômico) e proteínas, o qual tem a função de unir os aminoácidos, segundo a sequência estabelecida pelos códons do RNA-m para formar a cadeia polipeptídica. É bom lembrar que a matéria-prima utilizada na formação das proteínas, isto é, os aminoácidos, encontra-se dispersa no interior da célula. Assim, é necessário que ela seja trazida para o local da síntese proteica, ou seja, para o local onde se encontra o ribossomo ligado ao RNA-m, e isso é feito por moléculas de RNA-t (RNA transportador). Cada molécula de aminoácido é transportada por um RNA-t. Assim, a síntese de uma proteína é feita com a participação de diversas moléculas de RNA-t. Cada molécula de RNA-t, trazendo um respectivo aminoácido, liga-se a um códon específico do RNA-m. Isso é feito por meio de ligação de hidrogênio entre as bases nitrogenadas desses dois tipos de RNA (RNA-m e RNA-t), obedecendo ao seguinte pareamento: A (adenina) com U (uracil) e G (guanina) com C (citosina). As tríades do RNA-t que se ligam aos códons do RNA-m são chamadas de anticódons. Assim, cada molécula de RNA-t transporta um determinado tipo de aminoácido e tem o seu anticódon. O anticódon determina qual tipo de aminoácido será transportado pelo RNA-t, que deverá ser o mesmo tipo de aminoácido codificado pelo códon do RNA-m ao qual ele se liga. Veja a tabela e o exemplo a seguir:

Tríades no segmento de DNA usado para fabricar RNA-m	Códon correspondente no RNA-m	Anticódons correspondentes nos RNA-t	Informação traduzida
AAA	UUU	AAA	Aminoácido fenilalanina (Phe)
CAA	GUU	CAA	Aminoácido valina (Val)
CTT	GAA	CUU	Aminoácido ácido glutâmico (Glu)



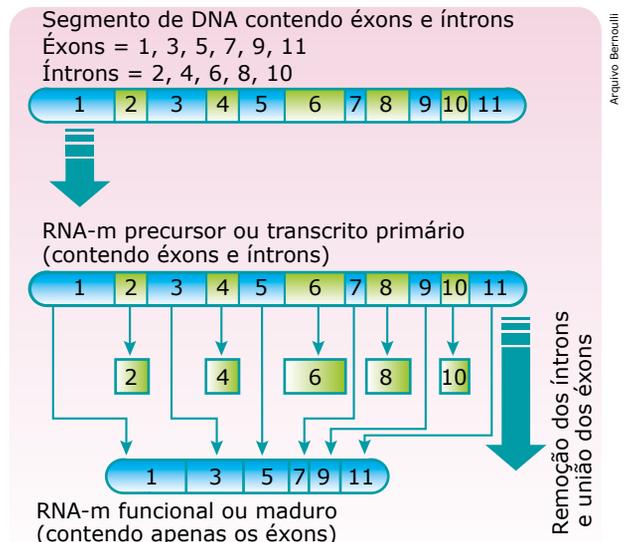
*Síntese de proteínas – Com os aminoácidos trazidos pelos RNA-t, o ribossomo vai fazendo a decodificação da mensagem que está no RNA-m, traduzindo os seus códons e unindo os aminoácidos de acordo com a sequência estabelecida por eles. Com o término da tradução, tem-se, então, a formação de uma determinada cadeia polipeptídica, que será responsável pela manifestação de uma característica genética.*

Resumidamente, pode-se dizer que um gene (segmento de DNA), ao entrar em atividade numa célula, irá proporcionar a síntese de uma determinada cadeia polipeptídica que será, então, responsável pela manifestação de uma determinada característica genética.



Pelo que se viu, em termos moleculares, um gene pode ser definido como uma sequência de nucleotídeos do DNA que é expressa em um produto funcional, ou seja, em uma molécula de RNA ou em uma cadeia polipeptídica.

O genoma (conjunto de todos os genes) das células dos eucariontes, no entanto, possui uma grande quantidade de sequências de DNA que não são convertidas em produtos funcionais, ou seja, não são traduzidas. Muitas dessas sequências não traduzidas estão localizadas entre os genes, separando-os de seus vizinhos. Outras, no entanto, estão presentes nos próprios genes. Nesse caso, as sequências de nucleotídeos que são traduzidas recebem o nome de **éxons**, enquanto as sequências não traduzidas são denominadas **íntrons**. Assim, quando ocorre a transcrição, todo o gene é transcrito em uma longa molécula de RNA-m (RNA-m precursor ou transcrito primário), que, depois, por meio de um processo denominado *splicing*, é reduzida de tamanho devido à retirada dos íntrons, e convertida na molécula de RNA-m funcional (RNA-m maduro ou RNA monocistrônico), que contém apenas os éxons, conforme mostra o esquema a seguir:



*Esquema de splicing – O splicing, realizado com a participação de diferentes enzimas, é um processo muito complexo e preciso, uma vez que a molécula de RNA-m precursora deve ser clivada (cortada) em locais exatos, e os éxons devem ser colados também de maneira exata para a formação do RNA-m funcional ou maduro que se ligará ao ribossomo.*



HCOG

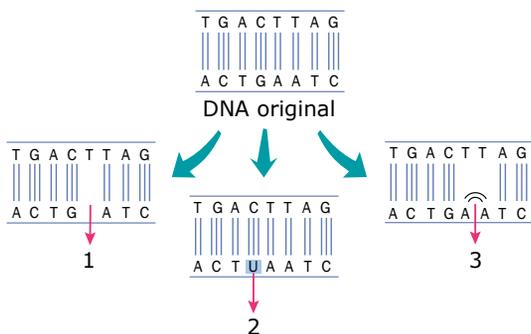
**Síntese de proteínas**

Nesse objeto de aprendizagem, você verá como se dão os processos de transcrição e tradução. Atente para os detalhes de ambos. Observe, também, as diferenças estruturais entre DNA e RNA e a forma como as bases nitrogenadas se pareiam no DNA.

## MUTAÇÕES GÊNICAS

Mutação (do latim *mutare*, mudar) é uma modificação. Mutação gênica é, portanto, uma mudança que ocorre no material genético. Essa mudança pode ocorrer espontaneamente ou pode ser induzida por certos agentes físicos e químicos, chamados de agentes mutagênicos. Radiações ionizantes (que levam à formação de íons dentro da célula), tais como raios X, raios gama, radiação ultravioleta e diversas substâncias químicas (ácido nitroso, LSD, gás mostarda e muitas outras) são exemplos de agentes mutagênicos.

Essas mudanças no DNA podem ser devido à transformação de uma base nitrogenada ou à substituição de uma base nitrogenada por outra; à perda ou adição de um ou mais pares de bases nitrogenadas na molécula de DNA; e também à união de duas bases adjacentes numa mesma cadeia do DNA.



*Mutações gênicas – 1. Mutação decorrente da perda de uma base nitrogenada em uma das fitas (cadeias) do DNA. 2. Mutação decorrente da transformação ou da troca de uma base nitrogenada em uma das cadeias do DNA. 3. Mutação decorrente da ligação entre duas bases nitrogenadas adjacentes numa mesma cadeia do DNA.*

A mutação que troca ou substitui uma base nitrogenada do DNA por outra nem sempre altera a informação que nele está codificada, isto é, nem sempre altera a sequência de aminoácidos na cadeia polipeptídica codificada. Lembre-se de que o código genético é degenerado, ou seja, tríades ou trinças diferentes do DNA podem codificar um mesmo tipo de aminoácido. O aminoácido glicina, por exemplo, é codificado por duas tríades distintas do DNA: CCG e CCT. Assim, se a troca da base ocorrer na tríade CCG, substituindo a última base (G) pela base T, o aminoácido codificado continuará a ser o mesmo, isto é, a glicina. Essas mutações que não alteram a estrutura primária do peptídeo sintetizado são ditas **mutações silenciosas**, que podem ser identificadas apenas pela comparação de sequência de bases entre os genes normais e mutantes.

Na maioria dos casos, porém, a substituição de uma base no DNA causa alteração do aminoácido e, conseqüentemente, altera a estrutura primária da proteína sintetizada, o que pode provocar alterações estruturais ou metabólicas, muitas vezes, graves. Quando as mutações provocam a substituição de um aminoácido por outro, elas são ditas **mutações de perda de sentido** (*missense*). Quando a substituição de uma base por outra produz um códon terminador, a mutação é dita **sem sentido** (*nonsense*).

## EXERCÍCIOS RESOLVIDOS

01. Observe a sequência de bases que compõe um trecho de um determinado DNA.

AAACTTCCTCAATTTCCCGGGATGTGC

Tríades do DNA	Códons do RNA-m	Informação codificada
AAA	UUU	Aminoácido fenilalanina
CAA	GUU	Aminoácido valina
CTT	GAA	Aminoácido ácido glutâmico
CCG	GGC	Aminoácido glicina
CCT	GGA	Aminoácido glicina

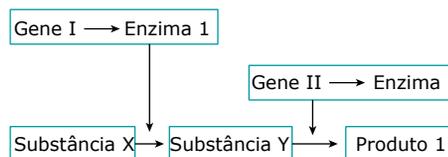
A) Considere que esse DNA sofreu uma mutação, trocando a primeira timina da segunda trinca por uma citosina. Qual é a consequência dessa alteração?

*Essa mutação produzirá uma proteína alterada, pois haverá troca de aminoácidos, onde deveria ser inserido um ácido glutâmico será inserido uma glicina.*

B) E se a mutação fosse a troca da timina da terceira trinca por uma guanina? Qual seria a consequência dessa alteração?

*Essa mutação não provocaria alterações, pois seria uma mutação silenciosa, uma vez que, a troca da base continua transcrevendo um mesmo aminoácido.*

02. Considere a rota metabólica a seguir:



A) Qual a consequência de uma mutação não silenciosa no gene I?

*Uma mutação não silenciosa no gene I, provoca uma alteração no RNA-m alterando a base que será inserida. Dessa forma, não será possível produzir corretamente a enzima 1 e conseqüentemente toda a cascata de produção do produto 1 ficará prejudicada.*

B) Uma vez detectada a mutação, como fazer para o organismo continuar sintetizando o produto 1?

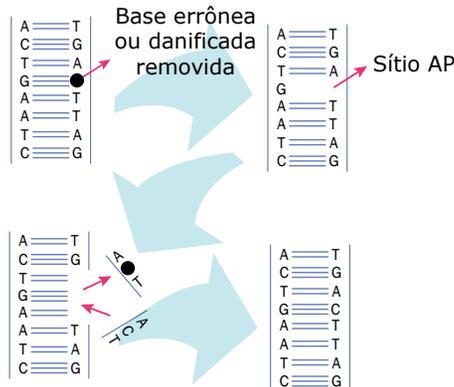
*Na ausência da enzima 1, é possível inserir a substância Y no meio. Uma vez fornecida essa substância, a cascata de reações continua a ser executada normalmente.*

As mutações, sejam elas espontâneas ou induzidas, podem fazer surgir novas características nos indivíduos dessa população. Essas novas características poderão ser vantajosas ou desfavoráveis aos indivíduos. Quando um gene mutante determina o surgimento de alguma característica vantajosa, ele tende a ser preservado na espécie por meio da seleção natural. Entretanto, se a mutação for deletéria (desfavorável, prejudicial), seus possuidores tendem a ser naturalmente eliminados da população com o passar do tempo.

As mutações gênicas que por ventura ocorram nas células somáticas do indivíduo não são transmitidas às gerações seguintes, entretanto, se ocorrerem nas células germinativas, isto é, nas células que darão origem aos gametas (células reprodutoras), poderão ser repassadas aos descendentes.

As mutações gênicas podem ocorrer em qualquer célula, de qualquer indivíduo, de qualquer espécie de ser vivo, em qualquer momento de sua vida. Entretanto, a frequência de mutações é muito baixa, uma vez que as próprias células dispõem de alguns mecanismos para reparar essas mudanças, ou seja, mecanismos que corrigem as alterações ocorridas no DNA. Assim, se uma mutação gênica eventualmente se manifesta num organismo, provavelmente, o mecanismo de reparação sofreu uma falha.

O mecanismo de reparação das mutações gênicas que ocorre no interior das células envolve a participação de enzimas especiais, chamadas por muitos autores de **enzimas de reparo** ou **enzimas de reparação**. Essas enzimas agem cortando o segmento ou trecho defeituoso do DNA, catalisando a produção de um novo segmento normal e ligando-o à molécula de DNA. Veja a ilustração a seguir:



*Mecanismo de reparo do DNA – Uma base danificada ou erroneamente incorporada é retirada por ação de enzimas, que deixam o local apurínico (sem uma purina) ou apirimidínico (sem uma pirimidina), chamado de sítio AP. Devido à ação de outras enzimas, o sítio AP e vários nucleotídeos vizinhos são retirados da molécula do DNA. A lacuna é preenchida pela síntese e pela ligação de novo segmento na posição original. O fenômeno de reparo do DNA explica a possibilidade de haver uma pequena síntese de DNA em células que não estão se preparando para a divisão.*

Em certos casos, devido à falta das enzimas reparadoras, o mecanismo de “conserto” do DNA não funciona. Um bom exemplo disso acontece na doença xeroderma pigmentar. Trata-se de uma doença bastante rara, que acomete a pele, determinando uma sensibilidade exagerada da epiderme aos raios solares. A pele cobre-se de manchas de pigmento, ocorrendo, em seguida, lesões que evoluem para tumores malignos (câncer). Demonstrou-se que, nas pessoas que desenvolvem essa doença, as células são incapazes de consertar os defeitos que as radiações solares provocam em seu DNA, isto é, as células não conseguem reparar o material genético afetado.

## PROJETO GENOMA HUMANO

Lançado nos Estados Unidos, em 1990, o Projeto Genoma Humano (PGH) teve por objetivo mapear o material genético humano, ou seja, todos os genes existentes nos cromossomos de nossas células. Mapear os genes significa determinar a posição que cada um ocupa em cada cromossomo, as sequências de bases nitrogenadas que possuem e com que características eles se relacionam. Isso é feito pedaço a pedaço, e as enzimas de restrição, que cortam o DNA em determinados pontos, são indispensáveis nesse estudo.

Pode-se comparar o genoma humano com um livro: “o livro da vida”, com as histórias de todas as nossas características genéticas. Nesse “livro”, há 23 capítulos, que são chamados cromossomos. A história de cada capítulo são os genes. Essas histórias são escritas com um alfabeto muito pequeno, constituído por apenas 4 tipos de letras: as bases nitrogenadas A (Adenina), T (Timina), G (Guanina) e C (Citosina). Essas bases formam o chamado alfabeto genético. Nesse alfabeto, cada palavra é formada por uma sequência de três bases consecutivas. Cada sequência de três bases consecutivas é uma tríade ou códon. No código genético do DNA, existem apenas 64 tipos diferentes de códon ou trincas de bases nitrogenadas. Entre 1961 e 1964, todo esse código já havia sido decifrado pelos bioquímicos N. W. Nirenberg, J. H. Matthaei e P. Lende. Quando traduzidos ou decifrados, a maioria dos códon corresponde a um tipo de aminoácido, existindo apenas três códon (ATT, ATC e ACT) cuja tradução não codifica nenhum aminoácido. Essas trincas correspondem ao término da síntese proteica.

O PGH constatou a presença de, aproximadamente, 25 mil genes, que geram mais de 100 mil proteínas. A razão para existirem mais proteínas do que genes se deve ao fato de que, nos seres eucariontes, ocorre o fenômeno do *splicing* alternativo, ou seja, a partir de um mesmo trecho de DNA, podem ser produzidos diferentes RNA-m funcionais, dependendo dos locais onde são feitas as clivagens (cortes) no RNA-m-precursor (transcrito primário) para a retirada dos íntrons e posterior união dos éxons.

Conhecer totalmente um gene não é apenas identificá-lo em um cromossomo. É preciso decifrar a sua “história” ou a sua “mensagem”, isto é, conhecer a sua sequência de bases nitrogenadas e as características com que se relaciona, ou seja, qual é o peptídeo sintetizado quando o mesmo entra em atividade. Por isso, cientistas de diversos países participaram do PGH, e por meio dele, foram localizados, por exemplo, genes causadores de doenças hereditárias que, no futuro, poderão ser prevenidas, tratadas ou até erradicadas por meio da tecnologia da Engenharia Genética. A correção ou o tratamento dessas doenças genéticas é o que se pode chamar de **geneterapia** ou **terapia gênica**. Um dos seus objetivos é o implante de genes para corrigir ou substituir o gene de uma pessoa que apresenta algum defeito. W. French Anderson, um dos pioneiros da geneterapia, acredita que, no futuro, uma vez diagnosticada a doença genética, o médico poderá “receitar” um pequeno segmento de DNA (correspondente a um gene normal) para inserir no paciente a fim de substituir o gene defeituoso ou ausente. Embora esteja ainda nos seus primeiros passos, a geneterapia abre grandes perspectivas à medicina do século XXI e o PGH, fornecedor de todo o nosso mapa genético, é uma peça de fundamental importância para o seu desenvolvimento.

Se, por um lado, o conhecimento do mapa genético traz contribuições importantes, por outro, pode criar alguns problemas éticos, sociais e jurídicos que precisam ser discutidos. A título de exemplo, as informações que revelem predisposições à certas doenças poderiam causar problemas psicológicos nas pessoas, gerar recusa de clientes por empresas de seguro de vida e saúde e excluir candidatos em processos de recrutamento. Portanto, é necessário ampliar a discussão sobre esses aspectos e, conseqüentemente, criar leis e procedimentos de bioética que impeçam discriminações. Dessa forma, esse conhecimento poderá ser canalizado para o bem, a fim de, cada vez mais, obter-se a melhoria do padrão de vida do homem no planeta.

# EXERCÍCIOS DE APRENDIZAGEM



**01.** (UFSCar-SP) Diz-se que o código genético é “degenerado” porque

- A) existe mais de um aminoácido para cada códon.
- B) se desorganiza na velhice.
- C) mais de um códon pode codificar um mesmo aminoácido.
- D) existem códons que não codificam qualquer aminoácido.
- E) o código é diferente no DNA e no RNA.

**02.** (UFAL) Um segmento de uma fita de DNA possui a trinca TAC. Assinale, no quadro a seguir, a alternativa que identifica corretamente o códon e o anticódon correspondentes.

	RNA-m	RNA-t
A)	ATG	TAC
B)	AUG	UAC
C)	UTC	AUG
D)	UAC	TAG
E)	UGA	TUG

**04.** (UFT-TO / Adaptado) O código genético é universal e degenerado, isto é, um mesmo códon corresponde a um mesmo aminoácido em todo e qualquer ser vivo, e diferentes códons podem corresponder a um mesmo aminoácido. Por exemplo, o códon UUU codifica a fenilalanina para os seres humanos, mosquitos, cogumelos, bunitis e todos os outros seres vivos. Ao mesmo tempo, tanto o códon UUU quanto o códon UUC codificam o aminoácido fenilalanina. Com base nas informações contidas no quadro a seguir, marque a alternativa que contém o último aminoácido expresso pela seguinte sequência de DNA:

- TACTTCGAACGACGATATCTTACCATT -

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

A) Tirosina

B) Triptofano

C) Metionina

D) Lisina

**03.**  
ENXQ



(UEL-PR) Considere as afirmativas a seguir sobre as propriedades do código genético.

- I. Existem vinte e quatro tipos de aminoácidos, que, agrupados em diversas sequências, formam todos os tipos de proteínas que entram na composição de qualquer ser vivo.
- II. O código genético é universal, pois vários aminoácidos têm mais de um códon que os codifica.
- III. A perda ou a substituição de uma única base nitrogenada na molécula de DNA pode alterar um aminoácido na proteína.
- IV. Nos organismos, a relação entre o número de nucleotídeos (a) de um mRNA e o número de aminoácidos da proteína formada (b) mostrou que  $a/b = 3$ .

Assinale a alternativa correta.

- A) Somente as afirmativas I e IV são corretas.
- B) Somente as afirmativas II e III são corretas.
- C) Somente as afirmativas III e IV são corretas.
- D) Somente as afirmativas I, II e III são corretas.
- E) Somente as afirmativas I, II e IV são corretas.

- 05.** (UFMG) O trecho CGACUG de uma molécula de RNA mensageiro é sintetizado a partir do seguinte trecho de DNA:
- A) CGACUG
  - B) CGGTCA
  - C) CUGCGA
  - D) GUCAGG
  - E) GCTGAC

## EXERCÍCIOS PROPOSTOS

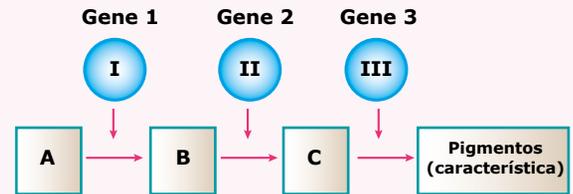


- 01.** (Unimontes-MG) Processamento do RNA ou *splicing* é a remoção de sequências não codificadoras de proteínas (introns), produzindo um RNA que é traduzido em uma proteína funcional. A teoria do *splicing* alternativo mostra que um mesmo mRNA pode ser clivado em diferentes locais, unindo os fragmentos em diferentes ordens e tamanhos.
- Considerando a informação apresentada e o assunto relacionado com ela, analise as afirmativas a seguir e assinale a alternativa incorreta.
- A) O tamanho do genoma é diretamente proporcional à quantidade de proteínas traduzidas.
  - B) Um gene pode corresponder a mais de um tipo de proteína.
  - C) O *splicing* alternativo é um dos mecanismos geradores de diversidade proteica.
  - D) A teoria do *splicing* alternativo altera o dogma "um gene – uma proteína".
- 02.** (OBC–2017) Responda com base nas informações do quadro a seguir, referente ao código genético.

		Segunda base de códon				
		U	C	A	G	
Primeira base de códon	U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
		Phe	Ser	Tyr	Cys	C
		Leu	Ser	STOP	STOP	A
		Leu	Ser	STOP	Trp	G
	C	Leu	Pro	His	Arg	U
		Leu	Pro	His	Arg	C
		Leu	Pro	Gln	Arg	A
		Leu	Pro	Gln	Arg	G
	A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
		Ile	Thr	Asn	Ser	C
		Ile	Thr	Lys	Arg	A
		Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U	
	Val	Ala	Asp	Gly	C	
	Val	Ala	Glu	Gly	A	
	Val	Ala	Glu	Gly	G	

- Para se incorporar um aminoácido leucina (Leu) à sequência de certa proteína, o códon no mRNA pode ser
- A) TTA.
  - B) AAU.
  - C) GAU.
  - D) CUA.
  - E) CTA.

- 03.** (UFMT) Observe a via metabólica esquematizada a seguir:



De acordo com a teoria "um gene – uma enzima", pode-se afirmar:

- A) Na conversão A → B, não há controle genético.
- B) Um indivíduo deficiente da enzima I não formará pigmentos, a menos que lhe seja fornecido o composto B.
- C) As etapas de reações sob a ação de I e II provavelmente não devem ser controladas por enzimas.
- D) Um indivíduo deficiente de I poderá formar pigmentos se lhe for fornecido o composto A pronto.
- E) Nesse esquema, há um único gene que atua na produção de pigmentos.

- 04.** (UFRGS-RS–2018) A sequência a seguir 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  
 3' T A C    G T G    G A G    T G A    G G A 5'

↑

DNA Mutante    1 2 3    4 5 6    7 8 9    10 11 12    13 14 15  
 3' T A C    G A G    G A G    T G A    G G A 5'

↑

Sobre a mutação que ocorreu na sequência de DNA anterior, é correto afirmar que

- A) gera uma cadeia polipeptídica com um aminoácido a menos.
- B) aumenta o número de códons do RNA-m.
- C) é silenciosa, aumentando a variabilidade genética da espécie.
- D) altera o módulo de leitura do RNA-m e o tamanho da proteína.
- E) causa a substituição de um aminoácido na proteína.

**05.** (UERJ) Uma única molécula de RNA-m, composta pelas bases adenina-A e citosina-C, foi sintetizada experimentalmente.

Sua estrutura está representada no esquema a seguir:

**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:

- A) 4
- B) 3
- C) 2
- D) 1

**06.** (UEG-GO-2017) Sequenciar um genoma é determinar a ordem de todas as bases nitrogenadas do genoma de um organismo. O primeiro projeto de sequenciamento genômico foi finalizado em 1995 em uma bactéria. Atualmente é possível encontrar o genoma sequenciado de boa parte dos organismos em plataformas virtuais, que estão disponibilizadas de forma gratuita, bastando para isso que tenhamos acesso à Internet. Um exemplo é uma plataforma criada pela Organização Mundial de Saúde, o TDR Targets ([www.tdrtargets.org/published](http://www.tdrtargets.org/published)), que abriga o genoma de agentes patogênicos de doenças tropicais negligenciadas. Sobre o sequenciamento genético e aplicações da genética molecular, tem-se o seguinte:

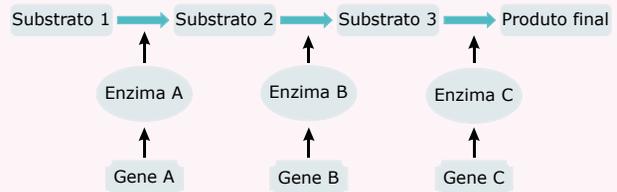
- A) No Brasil, bem como nos Estados Unidos, as pesquisas genéticas são realizadas por institutos de pesquisa sem aprovações de comitês de ética.
- B) Os organismos transgênicos são aqueles que sofreram mudanças específicas em seu mRNA, ocasionando mutações pontuais.
- C) Com a técnica de sequenciamento genômico é possível ligar um pedaço de DNA humano ao tRNA de um *Plasmodium falciparum*.
- D) O Projeto Genoma Humano foi finalizado em 1990 e procurou mapear e sequenciar todos os genes humanos.
- E) O sequenciamento de genomas permite identificar os genes que causam ou contribuem para ocasionar o câncer.

**07.** (UFSCar-SP) Um pesquisador, interessado em produzir em tubo de ensaio uma proteína nas mesmas condições em que essa síntese ocorre nas células, utilizou ribossomos de rato, RNA mensageiro de células de macaco, RNA transportador de células de coelho e aminoácidos ativos de células de sapo.

A proteína produzida teria uma sequência de aminoácidos idêntica à do

- A) rato.
- B) sapo.
- C) coelho.
- D) macaco.
- E) macaco e do rato.

**08.** (FUVEST-SP) No esquema seguinte, está representada uma via metabólica; o produto de cada reação química, catalisada por uma enzima específica, é o substrato para a reação seguinte.



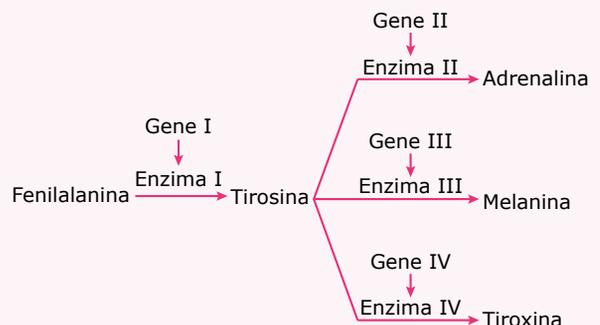
Num indivíduo que possua alelos mutantes que levem à perda de função do gene

- A) A, ocorrem falta do substrato 1 e acúmulo do substrato 2.
- B) C, não há síntese dos substratos 2 e 3.
- C) A, não há síntese do produto final.
- D) A, o fornecimento do substrato B não pode restabelecer a síntese do produto final.
- E) B, o fornecimento do substrato 2 pode restabelecer a síntese do produto final.

**09.** (PUC Rio) O termo "código genético" refere-se

- A) ao conjunto de trincas de bases nitrogenadas; cada trinca correspondendo a um determinado aminoácido.
- B) ao conjunto de todos os genes de um organismo, capazes de sintetizar diferentes proteínas.
- C) ao conjunto de proteínas sintetizadas a partir de uma sequência específica de RNA.
- D) a todo o genoma de um organismo, incluindo regiões expressas e não expressas.
- E) à síntese de RNA a partir de um dos filamentos de DNA.

**10.** (FCMSC-SP) Considere a seguinte sequência de reações:



Um indivíduo tem anomalias na pigmentação do corpo, e seu metabolismo é prejudicado pela falta de hormônio da tireoide; o funcionamento das glândulas suprarrenais, porém, é normal. De acordo com o esquema, os sintomas que apresenta se devem a alterações

- A) no gene I, exclusivamente.
- B) nos genes I e II.
- C) nos genes I e III.
- D) nos genes II e III.
- E) nos genes III e IV.

- 11.** (PUC-SP) Um trecho de uma das cadeias da molécula de DNA tem a seguinte sequência de bases nitrogenadas:



**ACATAGCCAAAA**

A seguir, temos os códons correspondentes a quatro aminoácidos:

Aminoácido	Códons
Cisteína	UGU, UGC
Fenilalanina	UUU, UUC
Glicina	GGU, GGC, CGA, GGG
Isoleucina	AUU, AUC

Suponha que, em um caso de mutação, a terceira base daquele trecho de DNA, que se encontra sublinhada (**A**), seja substituída pela base guanina.

Essa nova situação

- A) acarretaria modificação em parte da sequência de aminoácidos da proteína a ser sintetizada.
- B) acarretaria modificação em todos os códons subsequentes no trecho do RNA mensageiro correspondente.
- C) não acarretaria modificação na sequência de nucleotídeos do RNA mensageiro correspondente.
- D) não acarretaria modificação na sequência de aminoácidos da proteína a ser sintetizada.

- 12.** (UEL-PR) Em uma população, foi identificado um indivíduo que possui resistência genética a um vírus que provoca uma importante doença. Em um estudo comparativo, verificou-se que esse indivíduo produz uma proteína que confere tal resistência, com a seguinte sequência de aminoácidos: serina-tirosina-cisteína-valina-arginina.



A partir da tabela de código genético, a seguir:

AGU – serina	AGC – serina
UAC – tirosina	UAU – tirosina
UGC – cisteína	UGU – cisteína
GUA – valina	GUU – valina
AGG – arginina	CGA – arginina

E considerando que o RNA mensageiro deste gene contém: 46,7% de uracila; 33,3% de guanina; 20% de adenina e 0% de citosina, assinale a alternativa que apresenta a sequência correta de bases da fita-molde deste gene.

- A) TCA – ATA – ACA – CAA – TCC
- B) TCA – ATA – ACG – CAT – TCC
- C) TCA – ATG – ACA – CAT – TGG
- D) AGU – UAU – UGU – GUU – AGG
- E) AGC – UAC – UGC – CAA – CGA

## SEÇÃO ENEM

- 01.** (Enem–2018) 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

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

- 02.** (Enem) O formato das células de organismos pluricelulares é extremamente variado. Existem células discoides, como é o caso das hemácias, as que lembram uma estrela, como os neurônios, e ainda algumas alongadas, como as musculares.

Em um mesmo organismo, a diferenciação dessas células ocorre por

- A) produzirem mutações específicas.
- B) possuírem DNA mitocondrial diferentes.
- C) apresentarem conjunto de genes distintos.
- D) expressarem porções distintas do genoma.
- E) terem um número distinto de cromossomos.

**03.** (Enem) Os vegetais biossintetizam determinadas substâncias (por exemplo, alcaloides e flavonoides), cuja estrutura química e concentração variam num mesmo organismo em diferentes épocas do ano e estágios de desenvolvimento. Muitas dessas substâncias são produzidas para a adaptação do organismo às variações ambientais (radiação UV, temperatura, parasitas, herbívoros, estímulo a polinizadores, etc.) ou fisiológicas (crescimento, envelhecimento, etc.). As variações qualitativa e quantitativa na produção dessas substâncias durante um ano são possíveis porque o material genético do indivíduo

- A) sofre constantes recombinações para adaptar-se.
- B) muda ao longo do ano e em diferentes fases da vida.
- C) cria novos genes para biossíntese de substâncias específicas.
- D) altera a sequência de bases nitrogenadas para criar novas substâncias.
- E) possui genes transcritos diferentemente de acordo com cada necessidade.

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

Espécie	Nome comum	Tamanho estimado do genoma (Pb)	N. de proteínas descritas
<i>Oryza sativa</i>	Arroz	5 000 000 000	224 181
<i>Mus musculus</i>	Camundongo	3 454 200 000	249 081
<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

De acordo com as informações anteriores,

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

## SEÇÃO FUVEST / UNICAMP / UNESP



### GABARITO

Meu aproveitamento

#### Aprendizagem

Acertei \_\_\_\_\_ Errei \_\_\_\_\_

- 01. C
- 02. B
- 03. C
- 04. B
- 05. E

#### Propostos

Acertei \_\_\_\_\_ Errei \_\_\_\_\_

- 01. A
- 02. D
- 03. B
- 04. E
- 05. C
- 06. E
- 07. D
- 08. C
- 09. A
- 10. E
- 11. D
- 12. A

#### Seção Enem

Acertei \_\_\_\_\_ Errei \_\_\_\_\_

- 01. A
- 02. D
- 03. E
- 04. C



Total dos meus acertos: \_\_\_\_\_ de \_\_\_\_\_ . \_\_\_\_\_ %