



# Biologia Molecular e Computação

Prof. Luiz Cláudio Demes da Mata Sousa  
claudio.demes@gmail.com

UFPI 2019.I

# Processamento Pós-Transcricional (1/4)

- O produto imediato da transcrição, o **transcrito primário** não é, necessariamente, uma entidade funcional
  - Para se tornar funcional, a maioria deles precisa sofrer uma série de modificações que podem envolver adição ou remoção de nucleotídeos ou ainda, modificação de alguns nucleotídeos específicos.
- Tanto o mRNA como o tRNA ou rRNA podem ser alterados de diferentes formas para se transformarem num RNA funcional
- O conjunto das modificações sofridas pelo transcrito primário é conhecido por processamento **pós-transcricional**

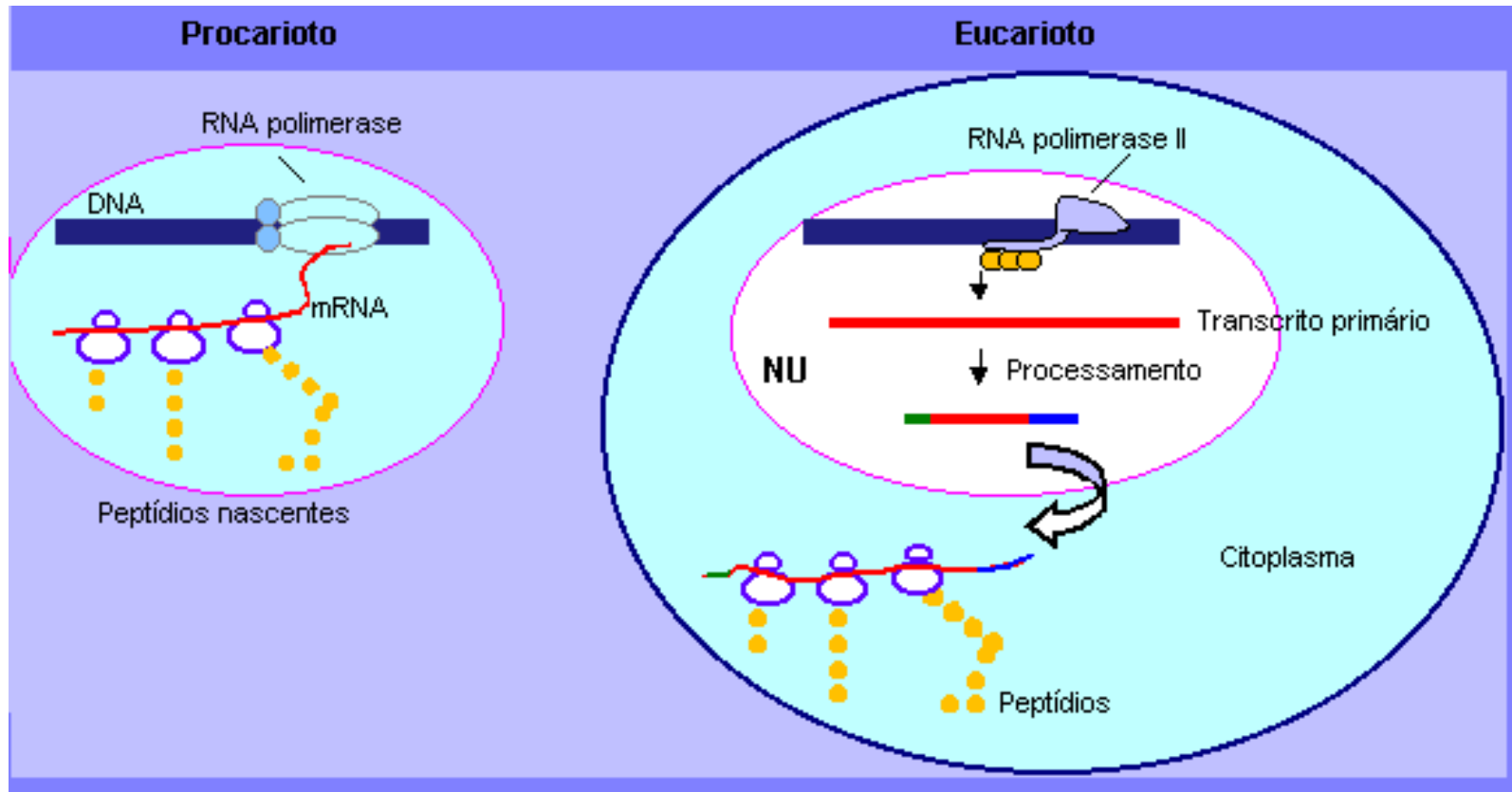
## Processamento Pós-Transcricional (2/4)

- A ausência de compartimentalização do genoma em **procariotos** permite que os processos de transcrição e tradução sejam acoplados de forma que, antes mesmo de terminar a transcrição a tradução já se inicia.
- Nos **eucariotos**, os processos de transcrição e tradução estão temporal e espacialmente isolados.
  - A transcrição do DNA ocorre no núcleo e a tradução no citoplasma
  - Os **transcritos primários** que originarão mRNAs, na sua migração do núcleo para o citoplasma, sofrem extensiva modificação antes de atravessarem a barreira imposta pela carioteca.

## Processamento Pós-Transcricional (3/4)

- As modificações que podem ocorrer nos transcritos nucleares são basicamente de três tipos:
  - Coroamento ("capping") do terminal 5' → Confere estabilidade e aumenta as chances de ser capturado pelo sistemas de tradução;
  - Poliadenilação do terminal 3' → Protége o RNA das exonucleases, adicionando a cauda poli-A;
  - Montagem de segmentos codificadores ("splicing")
- Este conjunto de modificações no transcrito nuclear originará o mRNA, pronto para migrar para o citoplasma.
- Transcritos originados na mitocôndria ou cloroplastos não sofreriam tais modificações = procariotos.

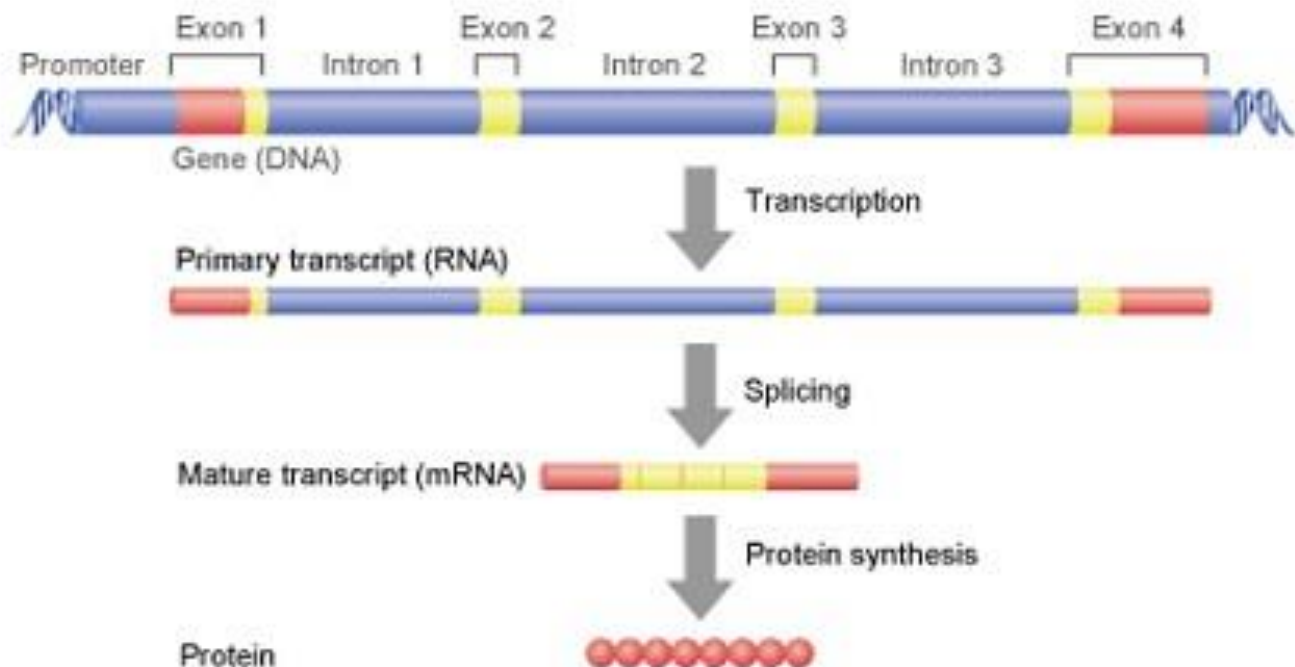
# Processamento Pós-Transcricional (4/4)



# Splicing do mRNA (1/2)

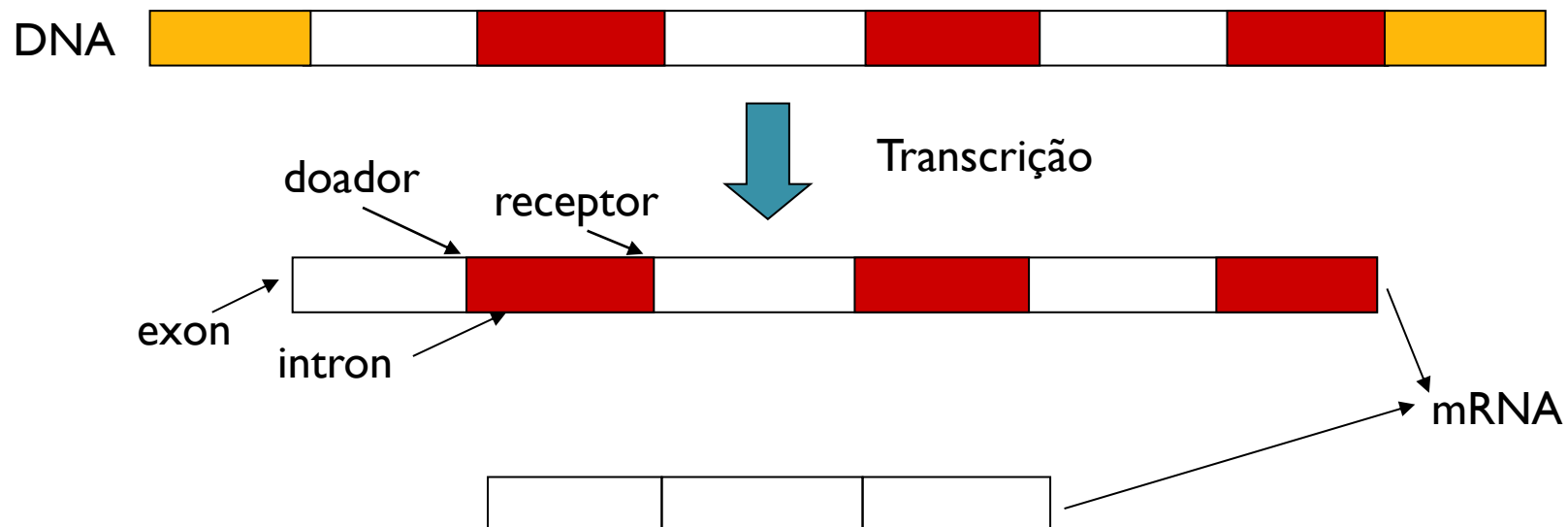
- Uma das características do genoma de eucariotos é que os genes podem ser **fragmentados** → Segmento do DNA (gene) possui *regiões codificadoras e não-codificadoras*.

Structure of a Gene

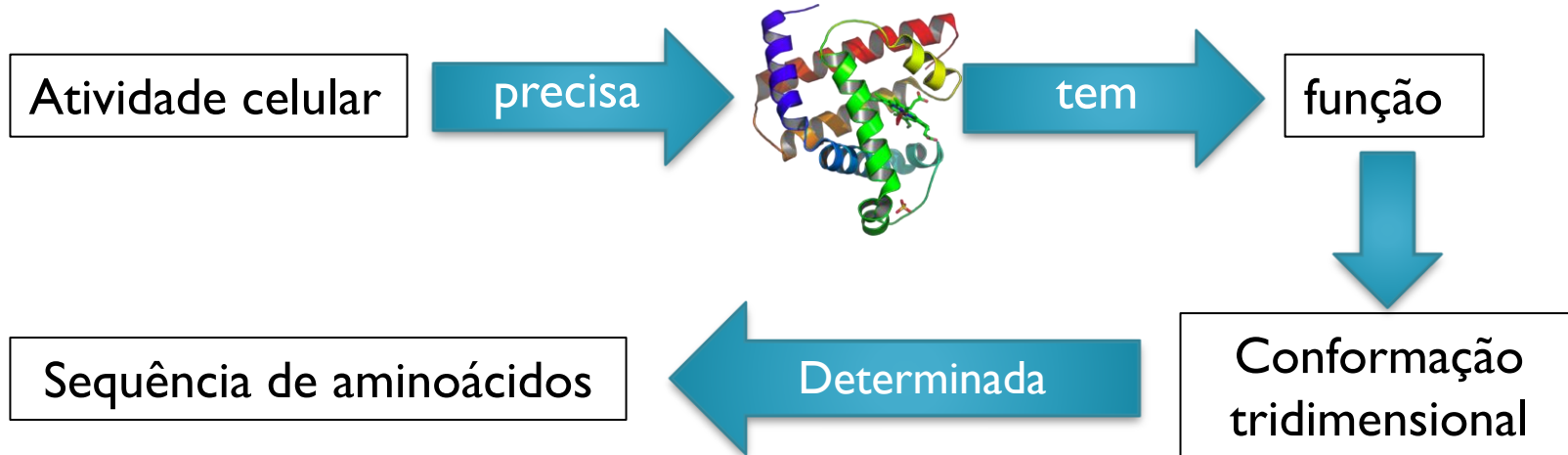


# Sítios de *splicing*

- Sítios de *splicing* (*splice-junctions*)
  - Fronteiras onde ocorrem junções de exons e introns
- Doadoras: bordas exon-intron
- Receptoras: bordas intron-exon



# Código Genético (1/3)



- A unidade básica (**códon**) do código para um aminoácido consiste em uma sequência de três pares de bases nucleotídicas (**códon de trincas**)
  - O código genético também inclui seqüências para o início (**códon iniciador**) e para o término (**códon finalizador**) da região codificadora
  - O código genético é universal: os mesmos códons são utilizados por diferentes organismos



## Código Genético (2/3)

- Código Genético ⇒ mapeamento dos códons em aminoácidos
    - 64 códons ( $4 \times 4 \times 4$ )
    - 20 aminoácidos
- } aminoácidos mapeados por mais de um códon
- 



Degeneração ou redundância do código genético

- 3 códons de parada: UAA, UAG e UGA.

# Código Genético (3/3)

		2ª base			
		U	C	A	G
1ª base	U	UUU (Phe/F) <b>Fenilalanina</b> UUC (Phe/F) <b>Fenilalanina</b> UUA (Leu/L) <b>Leucina</b> UUG (Leu/L) <b>Leucina</b>	UCU (Ser/S) <b>Serina</b> UCC (Ser/S) <b>Serina</b> UCA (Ser/S) <b>Serina</b> UCG (Ser/S) <b>Serina</b>	UAU (Tyr/Y) <b>Tirosina</b> UAC (Tyr/Y) <b>Tirosina</b> UAA "Ocre" ( <i>Stop</i> ) UAG "Âmbar" ( <i>Stop</i> )	UGU (Cys/C) <b>Cisteína</b> UGC (Cys/C) <b>Cisteína</b> UGA "Opala" ( <i>Stop</i> ) UGG (Trp/W) <b>Triptofano</b>
	C	CUU (Leu/L) <b>Leucina</b> CUC (Leu/L) <b>Leucina</b> CUA (Leu/L) <b>Leucina</b> CUG (Leu/L) <b>Leucina</b>	CCU (Pro/P) <b>Prolina</b> CCC (Pro/P) <b>Prolina</b> CCA (Pro/P) <b>Prolina</b> CCG (Pro/P) <b>Prolina</b>	CAU (His/H) <b>Histidina</b> CAC (His/H) <b>Histidina</b> CAA (Gln/Q) <b>Glutamina</b> CAG (Gln/Q) <b>Glutamina</b>	CGU (Arg/R) <b>Arginina</b> CGC (Arg/R) <b>Arginina</b> CGA (Arg/R) <b>Arginina</b> CGG (Arg/R) <b>Arginina</b>
	A	AUU (Ile/I) <b>Isoleucina</b> AUC (Ile/I) <b>Isoleucina</b> AUA (Ile/I) <b>Isoleucina</b> AUG (Met/M) <b>Metionina, Start</b>	ACU (Thr/T) <b>Treonina</b> ACC (Thr/T) <b>Treonina</b> ACA (Thr/T) <b>Treonina</b> ACG (Thr/T) <b>Treonina</b>	AAU (Asn/N) <b>Asparagina</b> AAC (Asn/N) <b>Asparagina</b> AAA (Lys/K) <b>Lisina</b> AAG (Lys/K) <b>Lisina</b>	AGU (Ser/S) <b>Serina</b> AGC (Ser/S) <b>Serina</b> AGA (Arg/R) <b>Arginina</b> AGG (Arg/R) <b>Arginina</b>
	G	GUU (Val/V) <b>Valina</b> GUC (Val/V) <b>Valina</b> GUA (Val/V) <b>Valina</b> GUG (Val/V) <b>Valina</b>	GCU (Ala/A) <b>Alanina</b> GCC (Ala/A) <b>Alanina</b> GCA (Ala/A) <b>Alanina</b> GCG (Ala/A) <b>Alanina</b>	GAU (Asp/D) <b>Ácido aspártico</b> GAC (Asp/D) <b>Ácido aspártico</b> GAA (Glu/E) <b>Ácido glutâmico</b> GAG (Glu/E) <b>Ácido glutâmico</b>	GGU (Gly/G) <b>Glicina</b> GGC (Gly/G) <b>Glicina</b> GGA (Gly/G) <b>Glicina</b> GGG (Gly/G) <b>Glicina</b>

## Exercício Prático em Grupo

- Escreva um programa em Python ou Java que simula um ribossomo.
- Input: Fita de RNA mensageiro (RNAm) e Código Genético
- Output: Cadeia de aminoácido
- Tempo estimado: 20 min

Teste: GGC.CGA.UUA.AUG.CUU.AAA.UGC.GGC.CUA.AAU.UAU

Upload do Programa no SIGAA!



# Biologia Molecular e Computação

Prof. Luiz Cláudio Demes da Mata Sousa  
claudio.demes@gmail.com

UFPI 2019.I