

# Set manipulável DNA 2D

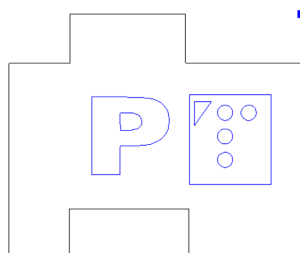
Um conjunto de arquivos Svg para a manufatura de modelos 2D de DNA/RNA manipuláveis com inscrições no alfabeto e em braille.

## Arquivos:

- 5-3.svg : Terminação de carbono das fitas
- A.svg : Adenina
- C.svg : Citosina
- D.svg : Desoxirribose
- G.svg : Guanina
- P.svg : Fosfato
- R.svg : Ribose
- T.svg : Timina
- U.svg :Uracila

## Instruções de fabricação:

O ideal é produzir essas peças em uma máquina de gravação e corte laser (CNC). O software utilizado para padronização e envio dos arquivos para a CNC foi o Autolaser. É importante lembrar que as letras em braille devem ficar em relevo. Desse modo, optou-se por fazer a gravação de um retângulo em torno dos caracteres em braille de forma que a inscrição fique “mais alta” em relação ao fundo.



Peça dentro do software utilizado(Autolaser)

## Observações

As peças P são as intermediárias entre um R e outro R, ou entre um D e outro D. Cada base nitrogenada(A,T,C,G) se conecta a um D ou R, sendo que o U só deve ser conectado ao R, embora as peças se encaixem.

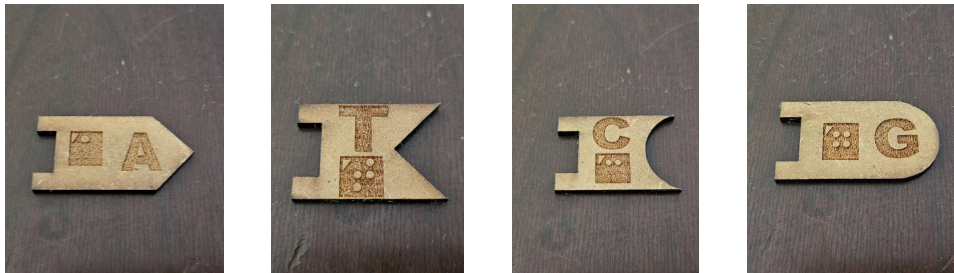
As bases nitrogenadas têm seus respectivos pares: A - T, C - G, e no caso de um Rna o U combina com o A, tomando lugar do T.

Cada fita simples necessita de um 5 e um 3, sendo que o 5 contém um P antes dele, e o 3 um D ou R.

## Sugestões de uso

- Estrutura simplificada do DNA

Para montar o modelo de uma molécula de DNA é preciso identificar as peças que compõem cada nucleotídeo e montá-los: a desoxirribose (peça identificada com a letra D), um grupo fosfato (P) e uma base nitrogenada (pode ser A, T, C ou G).



A estrutura do DNA é formada por duas fitas antiparalelas de nucleotídeos.

Para montar uma das fitas é necessário juntar os nucleotídeos, de forma que o fosfato (P) de um deles se conecte com a desoxirribose (D) do seguinte.

Como o DNA é formado por duas fitas, é preciso montar a fita complementar também. Essa ligação entre as fitas complementares é feita através das bases nitrogenadas, sendo que a base A pode se ligar com T e a base C pode se ligar a G. Como mencionado anteriormente, as fitas de uma molécula de DNA são antiparalelas. Notar que para que o pareamento ocorra, uma fita de DNA deve estar de ponta cabeça em relação a outra. Isso evidencia o arranjo antiparalelo das fitas.



- Transcrição do DNA para RNA

A transcrição gênica é a síntese de RNA, tendo a sequência de nucleotídeos do DNA como molde.

Para essa atividade, é necessário montar uma molécula de DNA (como descrito acima) e separar as duas fitas, representando a quebra das ligações de hidrogênio entre as bases nitrogenadas. A partir de uma das fitas do DNA, montar uma fita complementar de RNA, observando que em vez de desoxirribose (D), o RNA contém ribose (R).

Os pareamentos seguem as instruções da tabela abaixo:

| Se no DNA tiver | o RNA deve ter |
|-----------------|----------------|
| A               | U              |
| T               | A              |
| C               | G              |
| G               | C              |

- Transcrição do RNA para proteína

Com o auxílio de uma [tabela de aminoácidos](#), como a apresentada abaixo, transcrever uma fita de RNA em uma sequência de aminoácidos. Lembrar que para isso, o RNA deve ser lido em códon (sequências de três nucleotídeos) e cada um desses códon corresponde a um aminoácido.

|                        |   | Segunda base do códon                    |                                      |  |   |                  |                        |
|------------------------|---|--|--------------------------------------|--|---|------------------|------------------------|
|                        |   | U  | C                                    | A  | G   |                  |                        |
| Primeira base do códon | U | UUU } Phe<br>UUC }<br>UUA } Leu<br>UUG } | UCU }<br>UCC } Ser<br>UCA }<br>UCG } | UAU } Tyr<br>UAC }<br>UAA stop<br>UAG stop | UGU } Cys<br>UGC }<br>UGA stop<br>UGG Trp | U<br>C<br>A<br>G | Terceira base do códon |
|                        | C | CUU }<br>CUC } Leu<br>CUA }<br>CUG }     | CCU }<br>CCC } Pro<br>CCA }<br>CCG } | CAU } His<br>CAC }<br>CAA } Gln<br>CAG }   | CGU }<br>CGC } Arg<br>CGA }<br>CGG }      | U<br>C<br>A<br>G |                        |
|                        | A | AUU }<br>AUC } Ile<br>AUA }<br>AUG Met   | ACU }<br>ACC } Thr<br>ACA }<br>ACG } | AAU } Asn<br>AAC }<br>AAA } Lys<br>AAG }   | AGU } Ser<br>AGC }<br>AGA } Arg<br>AGG }  | U<br>C<br>A<br>G |                        |
|                        | G | GUU }<br>GUC } Val<br>GUA }<br>GUG }     | GCU }<br>GCC } Ala<br>GCA }<br>GCG } | GAU } Asp<br>GAC }<br>GAA } Glu<br>GAG }   | GGU }<br>GGC } Gly<br>GGA }<br>GGG }      | U<br>C<br>A<br>G |                        |

Arg – Arginina  
Asn – Asparagina  
Asp – Ácido aspártico  
Cys – Cisteína  
Gln – Glutamina  
Glu – Ácido glutâmico  
Gly – Glicina  
His – Histidina  
Ile – Isoleucina  
Leu – Leucina  
Lys – Lisina  
Met – Metionina (códon de início)  
Phe – Fenilalanina  
Pro – Prolina  
Ser – Serina  
Stop – Códon de parada  
Thr – Treonina  
Tyr – Tirosina  
Val – Valina

- Identificação de mutações

Usando as atividades sugeridas acima, é possível simular mutações pontuais, alterando um nucleotídeo do DNA e observando as mudanças correspondentes nas sequências do RNA e aminoácidos.