



BIOLOGIA

com Arthur Jones

Tradução, síntese protéica e Operon

TRADUÇÃO, SÍNTESE PROTÉICA E OPERON

GENÉTICA E EXPRESSÃO GÊNICA

O processo essencial da genética, conhecido como expressão gênica, inicia-se com a síntese de RNA a partir do DNA, numa etapa denominada transcrição. Este RNA, por sua vez, desempenha um papel crucial nos ribossomos, estruturas responsáveis pela síntese proteica. Dessa forma, o DNA assume dois papéis fundamentais:

- Ao controlar a síntese de RNA, regula diretamente a produção de proteínas;
- Através da síntese proteica, origina enzimas que desempenham um papel crucial no controle do metabolismo celular. Considerando que o DNA regula a síntese de enzimas, torna-se evidente seu papel no controle global do metabolismo celular.

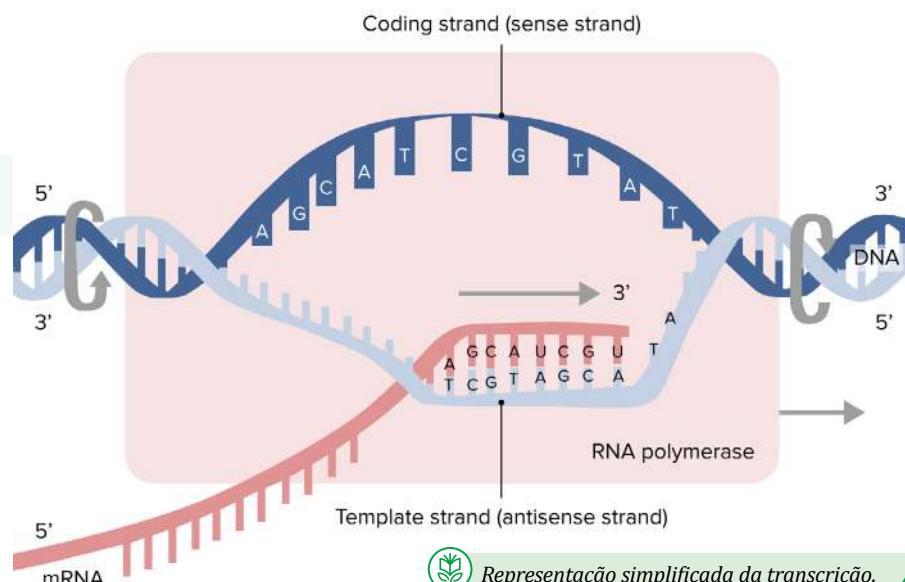
Em termos simples, o DNA não apenas armazena informações genéticas, mas também orquestra e coordena todas as funções vitais, desde os processos reprodutivos até os intricados mecanismos do metabolismo celular. Esse controle meticoloso destaca a importância central do DNA na governança das atividades celulares essenciais.

EXPRESSÃO GÊNICA E TRANSCRIÇÃO: UNIDADES E PROCESSOS

O conceito “1 Gene, 1 Proteína” evoluiu para “1 Gene, 1 Peptídeo” com a descoberta de proteínas de estrutura quaternária. Exemplificando, a hemoglobina é codificada por dois genes em cromossomos distintos. A definição clássica de gene persiste, abrangendo RNA ribossômico e transportador.

A unidade de transcrição gênica é um segmento de DNA transcrita continuamente, iniciando na região promotora e encerrando na sequência de término. O processo inicia-se com a **RNA polimerase** ancorando na região promotora, deslizando ao longo do filamento e formando uma molécula híbrida por pareamento de ribonucleotídeos. A fita complementar ao gene mantém a dupla hélice, mas não é transcrita.

À medida que a RNA polimerase avança, o pareamento preciso resulta em uma molécula de RNA complementar. Ao alcançar a sequência de término, a enzima se desvincula, concluindo a transcrição. A precisão assegura que o RNA transcrito seja complementar à sequência de DNA original.



Representação simplificada da transcrição.

Fonte: Lecturio.com

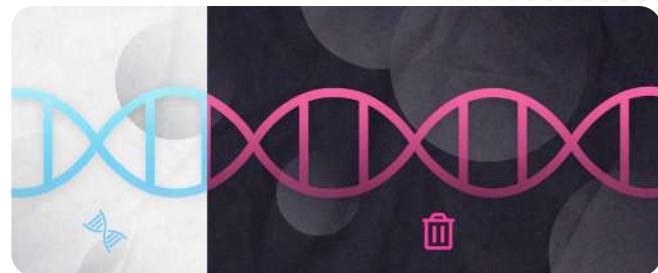
LIXO NUCLEICO: DNA NÃO CODIFICANTE: REGIÕES DE VARIAÇÃO GENÉTICA

Nos eucariontes, entre duas unidades de transcrição, encontram-se sequências de DNA não codificante, ou seja, trechos de bases nitrogenadas cuja informação não se converte em proteínas.

Inicialmente rotulados como “DNA lixo” devido à aparente falta de função, esse termo caiu em desuso com descobertas reveladoras sobre possíveis utilidades dessas regiões. No entanto, o termo “região hipervariável” persiste devido à notável variação nas sequências de bases nitrogenadas entre indivíduos. Essas variações são distintas entre diferentes pessoas, com exceção de clones, como gêmeos univitelinos. Assim, esses trechos desempenham um papel essencial nos exames de DNA, permitindo a diferenciação genética entre indivíduos, exceto em clones como gêmeos univitelinos.

Os genes determinam a sequência de aminoácidos em proteínas, sendo genes idênticos responsáveis pela produção de proteínas idênticas em uma espécie. Mutações nos genes, como no gene da insulina, podem levar à produção de proteínas defeituosas, resultando em danos graves, até mesmo a morte. Os genes são altamente conservados, mantendo-se idênticos entre indivíduos. Em contraste, o “DNA lixo” não codifica proteínas, permitindo que acumule mutações sem prejudicar o indivíduo.

Cerca de 98,5% do DNA humano é não codificante, sendo 1,5% representado por genes. Surpreendentemente, a maior parte do DNA não codificante não está entre genes, mas dentro deles, na forma de introns.

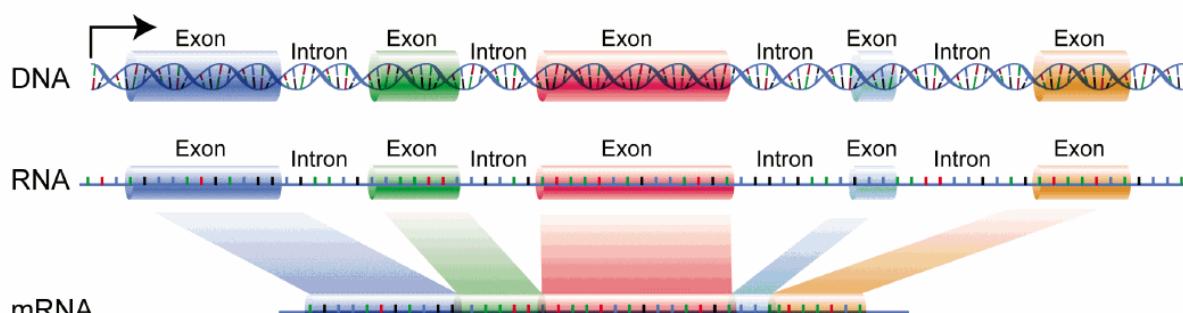


Fonte: MeuDNAadiz.com

Introns e exons: a complexidade dos genes

Em 1978, Walter Gilbert, renomado geneticista dos Estados Unidos, introduziu os termos “introns” (derivado de “intra-genic region,” região intragênica) para caracterizar as porções não codificantes do DNA localizadas dentro dos genes, muitas vezes associadas ao termo “DNA lixo” interno aos genes. De maneira correspondente, cunhou o termo “exons” (derivado de “expressed region,” região expressa) para se referir às regiões codificantes do DNA dentro dos genes, responsáveis pela tradução em sequências de aminoácidos nas proteínas.

Dessa forma, os genes em eucariontes são comumente descritos como “interrompidos,” já que introns estão presentes dentro dessas unidades genéticas. Essa perspectiva sublinha a intrincada complexidade dos genes, ressaltando que tanto suas porções codificantes quanto não codificantes desempenham funções distintas na regulação e expressão das informações genéticas.



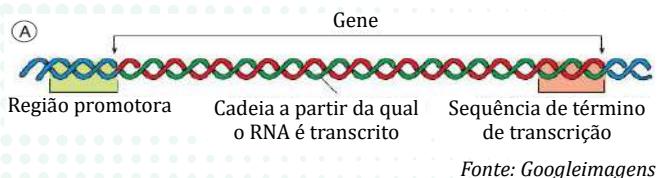
Fonte: Wikipédia.com

Amadurecimento do RNA ou mecanismo de Splicing alternativo

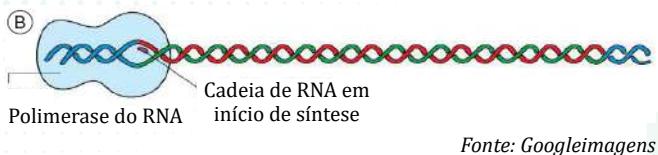
Nos eucariontes, o RNAm transscrito de um segmento de DNA ainda não está na sua forma definitiva e precisa sofrer várias modificações, passando pelo processo conhecido como **SPLICING ALTERNATIVO** ou **MECANISMO DE SPLICING**.

Splicing alternativo

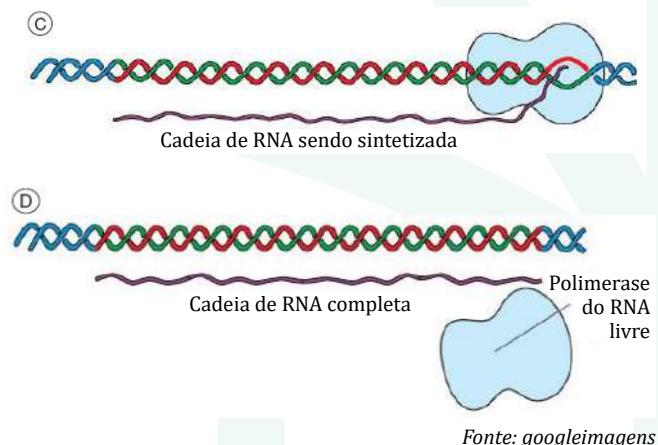
- Quem promove a formação do RNA é uma enzima chamada de RNA polimerase do tipo III. A RNA polimerase para poder sintetizar a fita simples de RNA, ela se encaixa no DNA em uma região chamada de Região promotora. A partir da região promotora a RNA polimerase sintetiza a fita de RNA referente ao gene de interesse transcrevional.



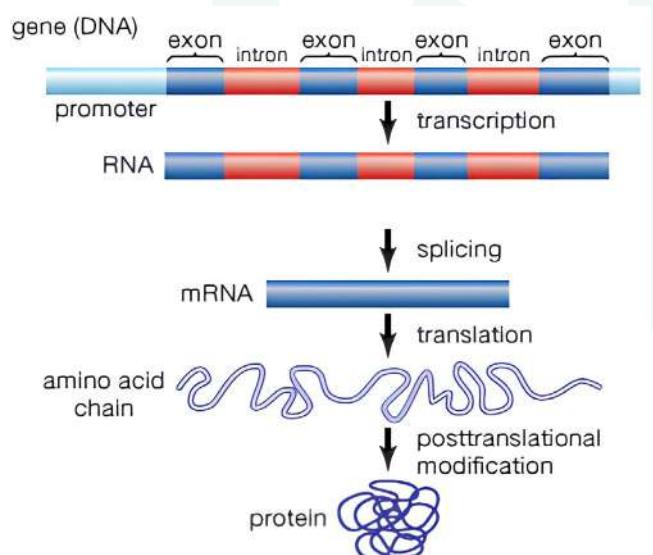
- B.** Na transcrição, a RNA polimerase transcreve a partir de um gene, ou seja, a partir de um pedaço do DNA que tem a informação para codificar uma proteína específica.



- C e D.** Síntese da cadeia de RNA e liberação da polimerase e do RNA imaturo recém transcrito.



Amadurecimento: íntrons e éxons



© 2008 Encyclopædia Britannica, Inc.

Fonte: Britannica

Logo após a transcrição o RNAm recém formado, também chamado de RNAm "Jovem" vai sofrer um processo de amadurecimento. Este processo é conhecido como Mecanismo de Splicing ou amadurecimento do RNA. Onde ele perde partes inativas chamadas de íntrons através da ação de enzimas de restrição (enzimas que fazem cortes específicos no RNA) conhecidas como Spliceossomos, e ocorre a união das partes ativas chamadas de Éxons.

O RNA maduro é formado pelos éxons.



Se liga

mamífero

RNA DE INTERFERÊNCIA OU RNA i

A interferência por RNA (RNAi) é um mecanismo de silenciamento gênico pós-transcricional conservado durante a evolução. Esse mecanismo, recentemente descrito, é mediado por pequenos RNAs de fita dupla (dsRNAs) capazes de reconhecer especificamente uma sequência de mRNA-alvo e mediar sua clivagem ou repressão traducional. O emprego da RNAi como uma ferramenta de terapia gênica tem sido muito estudado, especialmente em infecções virais, câncer, desordens genéticas herdadas, doenças cardiológicas e mesmo em doenças reumáticas. Aliados aos dados do genoma humano, os conhecimentos do silenciamento gênico mediado por RNAi podem permitir a determinação funcional de praticamente qualquer gene expresso em uma célula e sua implicação para o funcionamento e homeostase celular. Vários estudos terapêuticos in vitro e in vivo em modelos de doenças autoimunes vêm sendo realizados com resultados encorajadores. As vias de quebra de tolerância e inflamação são alvos potenciais para terapia com RNAi em doenças inflamatórias e autoimunes.

Texto retirado do artigo: Interferência por RNA: Uma nova alternativa para terapia nas doenças reumáticas

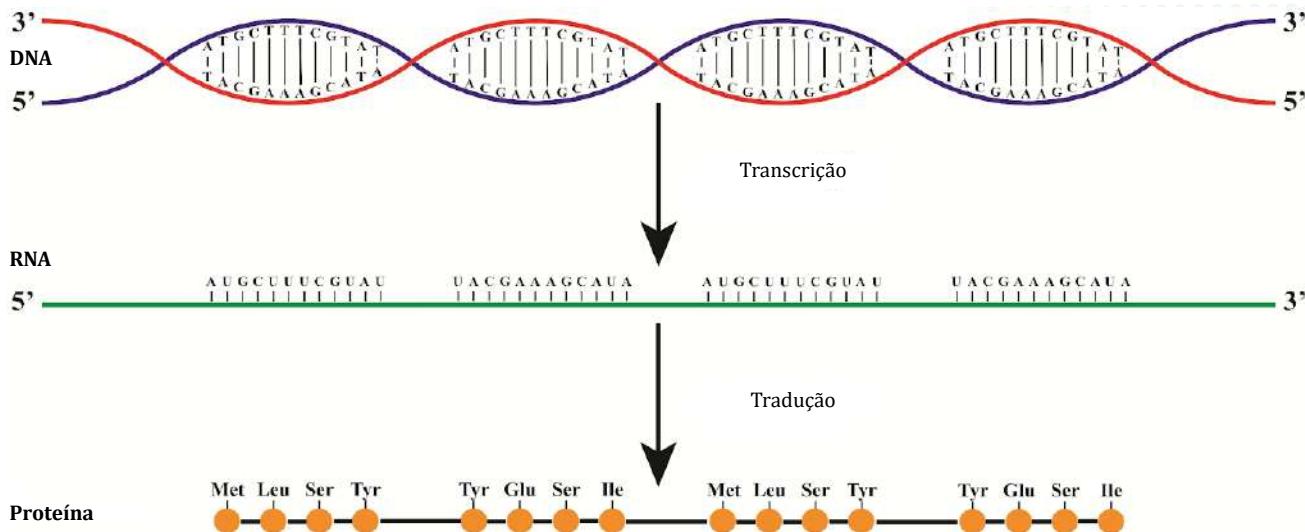
Fonte: <https://www.scielo.br/j/rbr/a/QMNDF9KH6tFqZhXfz6zjfGs/?lang=pt&format=pdf>

O CÓDIGO GENÉTICO E SUAS CARACTERÍSTICAS

Os ácidos nucléicos contêm, em sua estrutura, mensagens codificadas através da sequência de bases nitrogenadas encadeadas nas moléculas de DNA que são transcritas em RNA-m, que por sua vez, serão a instrução da célula no processo da síntese de proteínas específicas.



Anote aqui



Fonte: Proenem

Estas proteínas podem, inclusive, ser enzimas, capazes de exercer o controle de funções celulares.

As proteínas são cadeias formadas a partir de vinte tipos de aminoácidos. Para isso, deve haver uma informação codificada responsável pela mobilização de cada tipo de aminoácido na composição de uma molécula de proteína.

A composição do código genético é dada pelas letras (iniciais das bases nitrogenadas que compõem os nucleotídeos do RNA) A,U,G e C. Torna-se evidente que apenas quatro letras não são suficientes para codificar os vinte tipos de aminoácidos.

Observe a tabela a seguir:

Nº de letras	Nº aminoácidos	nº de letras do grupo	Nº de combinações possíveis
4	20	3	$4 \times 4 \times 4 = 64^*$

* Podemos concluir que um código tríplice é viável para codificar 20 diferentes tipos de aminoácidos.

Na década de 1960 os cientistas Niremberg e Mattei, fazendo experimentos com a bactéria E. coli descobriram que o conjunto de três bases nitrogenadas (trinca) do RNA UUU codificava o aminoácido fenilalanina.

Uma vez decifrado o código ficou estabelecida a correspondência entre cada trinca (também chamadas de códons) e um determinado aminoácido.

No RNA-m, a trinca constitui uma unidade de informação chamada **CÓDON**. Em virtude da ocorrência de 64 combinações (triplets = códons) e apenas vinte tipos de aminoácidos, pode haver mais de um códon especificando o mesmo aminoácido (**CÓDIGO REDUNDANTE OU CÓDIGO DEGENERADO**).

► Códon de iniciação

AUG é o códon que inicia todo o RNA mensageiro, este códon codifica o aminoácido metionina, ou seja, toda proteína inicia com o aminoácido metionina em sua cadeia polipeptídica.

► Códons de parada

Durante as pesquisas sobre a atribuição das “palavras” do código genético para os diferentes tipos de aminoácidos, descobriu-se que traz códons – UAG, UAA e UGA, não especificavam aminoácido algum. Algum tempo depois foi descoberto que se tratava de códigos finalizadores das mensagens genéticas.

► Código genético universal

As palavras do código genético (CODÓNS) são biologicamente universais, isto é, são idênticas para todos os seres vivos, desde o mais simples organismo até o mais complexo.

A tabela de códons

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

Fonte: Khanacademy

Phe: Fenilalanina	Ser: Serina	Gln: Glicina	Trp: Triptofano
Leu: Leucina	Pro: Prolina	Asn: Aspargina	Arg: Arginina
Ile: Isoleucina	Thr: Treonina	Lys: Lisina	Ser: Serina
Met: Metionina	Ala: Alanina	Glu: Ácido glutâmico	Gly: glicina
Val: Valina	Tyr: Tirosina	His: Histidina	Cys: Cisteína

O código genético não é tão universal assim, é só perguntar as mitocôndrias

O DNA mitocondrial (mtDNA) tem várias características singulares, diferentes daquelas do genoma nuclear, como um círculo compacto de cadeia dupla (16.569pb) com seu próprio código genético.

Códon	C. Universal	C. Humano mitocondrial
UGA	Stop	Trp
AGA	Arg	Stop
AGG	Arg	Stop
AUA	Ile	Met

c = código

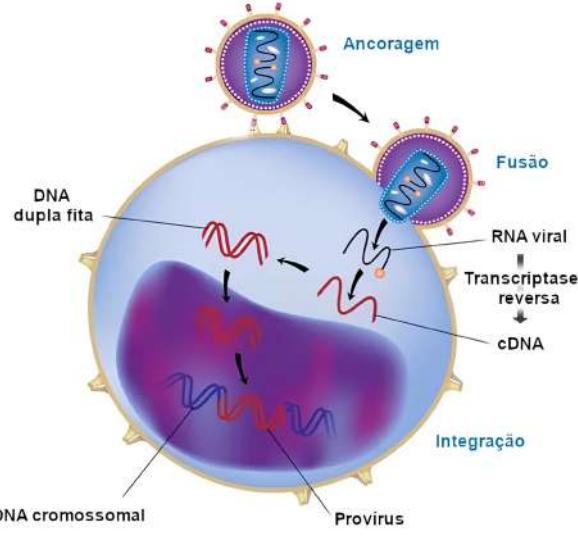
Tradução do código genético

A tradução do é um processo mediado por uma organela chamada de Ribossomo. Os ribossomos são responsáveis pela leitura do RNA mensageiro maduro que apresenta apenas EXÓNS em sua estrutura. Os ribossomos apresentam duas subunidades que se unem no citoplasma para a leitura do RNA mensageiro.

Vamos dividir as etapas da síntese de proteína em fases:

- **Fase de iniciação:** união do ribossomo ao RNAm, onde ocorre a adição do primeiro aminoácido e início da polimerização.
- **Fase de alongamento:** Etapa de construção da cadeia polipeptídica.
- **Fase de terminação:** O final da síntese pela presença dos códons de parada.

ao RNA original. No cenário da AIDS, o tratamento repousa sobre um coquetel anti-HIV, ou terapia antirretroviral, destacando-se os inibidores de transcriptase reversa. Estas drogas pioneiras, como o AZT e o DDC, combatem o HIV ao bloquear a transcriptase reversa, impedindo a formação de DNA viral. Vale notar que esses inibidores não eliminam o vírus, mas freiam sua reprodução, prolongando o período assintomático e retardando o surgimento de sintomas de imunodepressão.



Fonte: Brasilescola.com

Anote aqui



Se liga mamífero

TRANSCRIÇÃO REVERSA EM RETROVÍRUS: Umas Voltas na Estrada Genética

No reino dos vírus, as regras muitas vezes são divergentes. Alguns carregam DNA de fita simples, enquanto outros apresentam RNA de fita dupla. Identificá-los é uma tarefa singular. Em vírus de DNA de fita simples, a relação de Chargaff pode ser desconsiderada, desafiando a igualdade de teores entre A e T, bem como G e C. Em contraste, nos vírus de RNA de fita dupla, a obediência à relação de Chargaff é mantida, com U substituindo T, resultando em equivalência entre os teores de A e U, e G e C.

Na ordem natural, a informação genética flui do DNA para o RNA, mas há uma exceção intrigante: a transcrição reversa. Certos vírus, como os retrovírus, incluindo o HIV, desafiam a norma ao utilizar seu genoma de RNA como modelo para a síntese de DNA. A enzima transcriptase reversa do RNA assume o protagonismo, sintetizando uma molécula completa de DNA de fita dupla, complementar

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA:

- AMABIS, Jose Mariano. Fundamentos da Biologia Moderna. 3 ed. São Paulo: Moderna, 2002.
- BURNIE, David. Dicionário Temático de Biologia. São Paulo: Scipione, 2001.
- CORSON, Walter H. ed. Manual Global de Ecologia: o que você pode fazer a respeito da crise do meio ambiente. São Paulo: Augustos, 1996.
- FAVARETTO, Jose Arnaldo. Biologia. 2 ed. São Paulo: Moderna, 2003.
- MORANDINI, Clezio & BELLINELLO, Luiz Carlos. São Paulo: Atual, 1999.
- PAULINO, Wilson Roberto. Biologia. São Paulo: Ática, 1998.
- SILVA Jr, Cesar da & SASSON, Sezar. Biologia. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2003.
- SOARES, Jose Luis. Biologia. São Paulo: Scipione, 1997.
- UZUNIAN, Armenio. Biologia. 2 ed. São Paulo: Harbra, 2004.
- ZAMPERETTI, Kleber Luiz. Biologia Geral. Rio Grande do Sul: Sagra-dc Luzzatto, 2003.
- FUTUYMA, Douglas J. Biologia Evolutiva. 2 ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1993.
- GOWDAK, Demetrio. Biologia. São Paulo: FTD, 1996.
- MORANDINI, Clezio & BELLINELLO, Luiz Carlos. São Paulo: Atual, 1999.
- PAULINO, Wilson Roberto. Biologia. São Paulo: Ática, 1998.
- SILVA Jr, Cesar da & SASSON, Sezar. Biologia. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2003.
- SOARES, Jose Luis. Biologia. São Paulo: Scipione, 1997.
- UZUNIAN, Armenio. Biologia. 2 ed. São Paulo: Harbra, 2004.
- ZAMPERETTI, Kleber Luiz. Biologia Geral. Rio Grande do Sul: Sagra-dc Luzzatto, 2003.
- FAVARETTO, J. A . e MERCADANTE, C.. Biologia, Vol. Único. São Paulo, Moderna, 2000.
- LINHARES, S. e GEWANDSZNAJDER. Biologia Hoje. Vols. 1, 2 e 3. Editora Ática, 1996.
- LOPES, S, Bio, Volumes 1, 2 e 3., Saraiva, 1997.
- SOARES, J. L.. Biologia no Terceiro Milênio, vols. 1, 2 e 3., São Paulo, 1998.
- EDITORA
- CHEIDA, L.E. Biologia Integrada, Vol. 1, 2, 3 , São Paulo, Moderna, 2002.
- AMABIS e MARTHO, Fundamentos da Biologia Moderna, vol. Único, Moderna, São Paulo, 2003.
- PAULINO, W. R., Biologia, Vols. 1, 2, 3, Ática, São Paulo, 2002.



Estamos juntos nessa!



TODOS OS DIREITOS RESERVADOS.