

EXERCÍCIO DIDÁTICO – questões correspondentes aos conteúdos sobre RNAs

1) Em relação à figura acima, como se denominam as regiões na molécula de DNA acima indicadas com as letras A, B, C, D, E, F e G, que não se ligaram ao RNA mensageiro maduro (5' → 3'), sobreposto a esta fita molde (3' → 5')?

R: Íntrons.

2) Relacione a enzima que corresponda à respectiva função:

- a) RNAs polimerases I, II e III
- b) Aminoacil-tRNA sintetase
- c) Guanosiltransferase (guanosinatrifosfato transferase)
- d) Small nuclear RNA

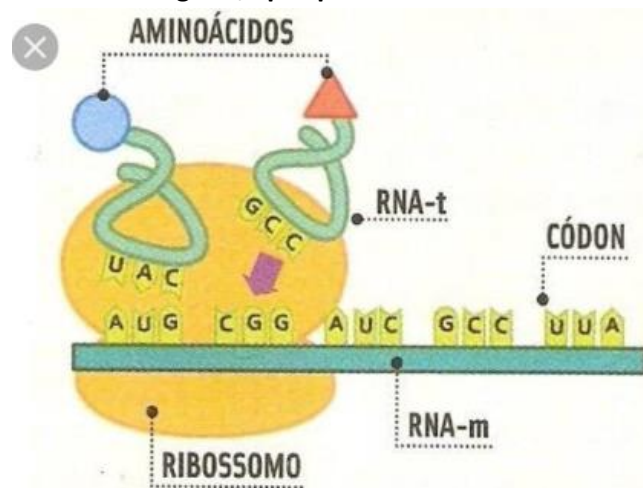
(A) Transcrevem tRNAs, a maioria dos rRNAs e RNAs codificantes.

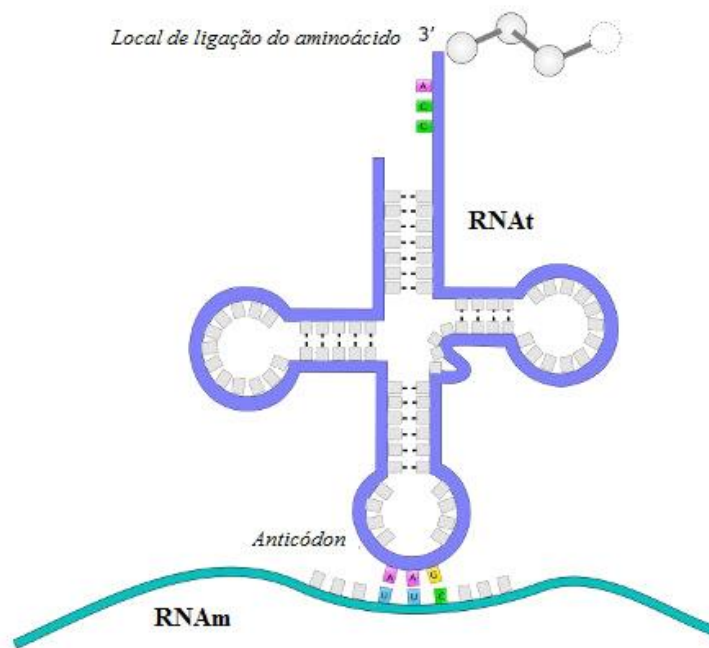
(B) Liga aminoácidos específicos aos RNAs de transferência.

(C) Adiciona o quepe (cap) na região 5' do RNA

(D) Remove os íntrons dos RNAs heterogêneos nucleares (transcritos primários)

3) Através de desenho esquematize a estrutura de um RNA transportador, RNA ribossômico 5S e RNA mensageiro, após processamento:





4) **Relacione as moléculas de RNA com a respectiva função:**

- a) Mensageiro
- b) Ribossômico
- c) Transportador
- d) Small nuclear
- e) Primário ou heterogêneo nuclear

(D) Pequenos RNAs nucleares envolvidos no processamento de RNAs.

(A) Codificam proteína.

(E) RNAs transcritos de eucariontes e ainda não processados, também denominados transcritos primários

(C) RNAs envolvidos na transferência de aminoácidos até os ribossomos.

(B) Formam o corpo dos ribossomos.

5) **Responda:**

a) Como se denomina o processo da síntese de RNAs em eucariotos?

R: Transcrição gênica.

b) Que função desempenham as regiões promotoras e reforçadoras neste processo?

R: Regiões do DNA que gerenciam o início da transcrição de um determinado gene. Na região promotora são ligadas proteínas denominadas “fatores de transcrição” e a região reforçadora liga-se através de uma alça à região promotora, reforçando a transcrição.

c) Que papel desempenham as RNAs polimerases neste processo?

R: A enzima RNA polimerase (RNAP) têm a função de sintetizar RNA. São capazes de reconhecer e se ligarem a sequências específicas de DNA; Desnaturam (desenovelam) a fita dupla de DNA; Mantêm as fitas de DNA separadas e a estabilidade do híbrido DNA-RNA na região da síntese; Renaturam o DNA na região imediatamente posterior à da síntese; Terminam a síntese do RNA.

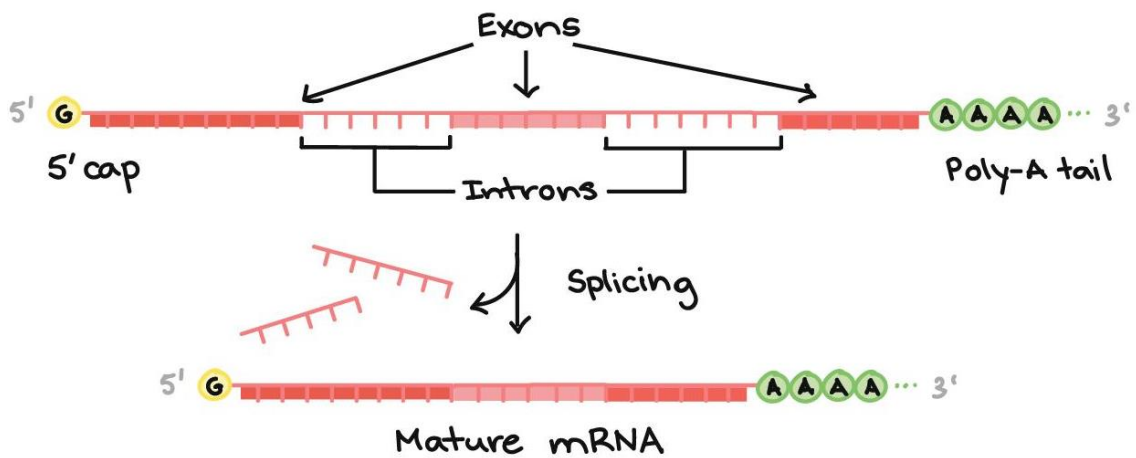
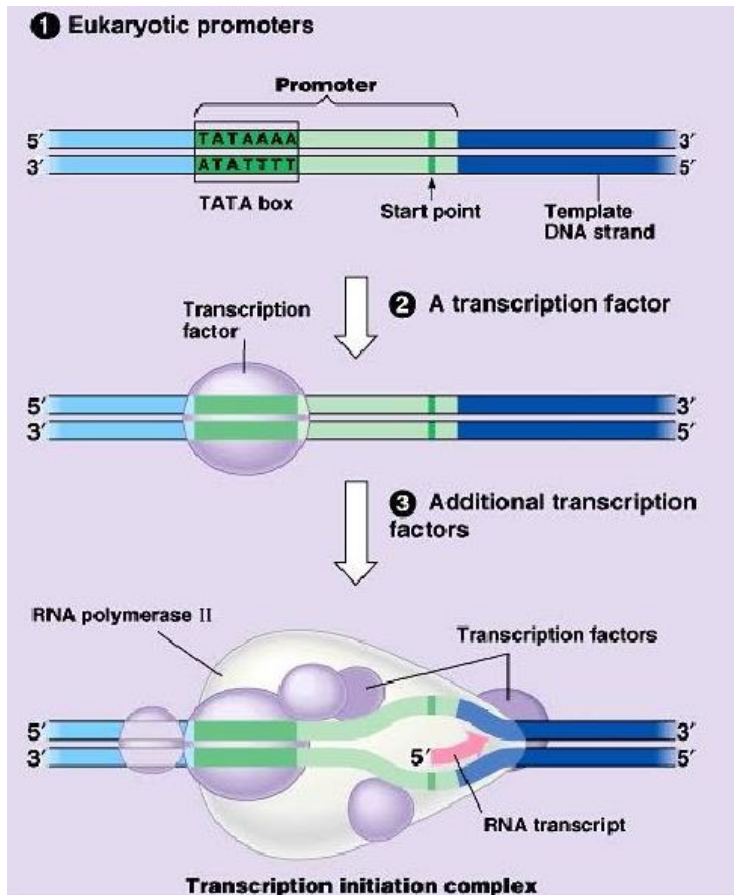
6) Descreva o processamento do transcrito primário em eucariontes, falando também sobre o spliceossomo.

Nas células eucarióticas, o DNA encontra-se no núcleo da célula, portanto, a transcrição ocorre no núcleo. Nos eucariotos os genes estruturais possuem éxons e íntrons. O RNA transcrito primário recém-sintetizado no núcleo deve passar por modificações (splicing ou processamento do RNA) até ser transformado em RNA maduro. Após o término dessas modificações o mRNA deve ser transportado para o citoplasma por pequenos poros existentes no envelope nuclear onde participará do processo da síntese de proteína. Após o processo de capeamento (onde o RNA recebe na posição 5' um nucleotídeo de guanosina trifosfatada) e poliadenilação (acrécimo de uma cauda com cerca de 200 nucleotídeos contendo adenina) na região 3'), os íntrons necessitam ser removidos durante o processamento do RNA primário (Splicing), neste caso os íntrons serão retirados do RNA primário e os éxons são reagrupados formando assim o RNA maduro ou seja o RNA funcional. Os spliceossomos são complexos proteína-e-RNA (RNPs, formado por pequenas unidades de RNAs “small nuclear” – snRNA) que removem os íntrons).

7) Em que consiste o processamento alternativo? Exemplifique:

Há situações em que um mesmo RNA precursor origina dois ou mais RNAs mensageiros maduros (mRNAs), dependendo da forma como ele é processado. Neste caso um éxon considerado em um tipo de processamento, pode ser considerado como um íntron em um outro splicing. O resultado final é que a partir de um splicing alternativo, a partir de um único gene, pode-se ter a formação de diferentes mRNA maduros, gerando assim diferentes proteínas com funções mais ou menos diferentes (isoformas).

8) Desenhe um gene eucariótico e seu produto de RNA transcrito primário e de RNA maduro, incluindo as seguintes partes: região promotora, sítios de início e término da transcrição, regiões 5' e 3' não-traduzidas, éxons e íntrons, partes inseridas e removidas do RNA maduro, identificando todas elas.



- 9) Descreva o processo de síntese de proteínas (tradução), abordando os principais elementos (RNAs) que participam do processo e as 3 fases que a tradução é didaticamente dividida.

A tradução envolve "decodificar" um RNA mensageiro (RNAm) e usar sua informação para produzir um polipeptídeo ou cadeia de aminoácidos. Em um RNAm, as instruções

para a produção de um polipeptídeo vêm em grupos de três nucleotídeos chamados códons. Os códons de um RNAm são lidos por ordem (da extremidade 5' para a extremidade 3') por moléculas chamadas de RNAs de transferência ou RNAt. Os RNAt se ligam aos RNAm dentro de uma estrutura de RNA e proteína chamada ribossomo. À medida que os RNAt preenchem os compartimentos do ribossomo e se ligam aos códons, seus aminoácidos são adicionados à cadeia crescente de polipeptídeos em uma reação química. O produto final é um polipeptídeo cuja sequência de aminoácidos reflete a sequência de códons no RNAm. A tradução possui 3 fases:

Iniciação ("começo"): nesta etapa, o ribossomo se junta ao RNAm e ao primeiro RNAt para que a tradução possa ter início. **Alongamento ("meio"):** nesta etapa, os aminoácidos são trazidos ao ribossomo pelos RNAt e são ligados entre si para formar uma cadeia. **Terminação ("fim"):** na última etapa, o polipeptídeo final é liberado para que possa cumprir sua função na célula.

10) A sequência de bases abaixo corresponde a uma parte do primeiro éxon do gene da cadeia alfa da hemoglobina. O trecho inicial deste gene, ou seja, a sequência de bases da fita sense (não molde) de DNA, correspondente ao primeiro éxon.

5' ...ACCCACC **ATG**GTGCTGTCTCCTGCCGACAAGACCAACGTC...3'

a) A partir da extremidade 5' da fita de DNA apresentada acima, há a indicação (em amarelo) da trinca de bases que corresponde ao ponto inicial onde começa a tradução (códon iniciador da região codificante), resultando assim no primeiro aminoácido da cadeia polipeptídica. Que sequências terão a fita molde de DNA (3' → 5') e a fita de RNA mensageiro (5' → 3'), respectivamente?

DNA: 3' ...TACCACGACAGAGGACGGCTGTTCTGGTTGCAG...5'

RNA: 5' ...AUG GUG CUG UCU CCU GCC GAC AAG ACC AAC GUC...3'

b) Quais são os **primeiros dez aminoácidos** da cadeia polipeptídica que será formada a partir da fita de RNA mensageiro (utilize o quadro do código genético seguinte) ? (Não esqueça que o primeiro códon traduzido é o iniciador!).

MET – VAL – LEU – SER – PRO – ALA – ASP – LIS – TRE – ASN – (10 PRIMEIROS).

11) Uma globina de 146 aminoácidos sofreu uma mutação no códon correspondente ao sexto aminoácido da cadeia. A análise do DNA indicou uma mudança de (3')...CTT...(5') para (3')...CAT...(5') na fita molde (anti-sense). Pergunta-se:

a) Qual a sequência do códon correspondente na fita sense (5')..._____(3'), após a mutação?

R: (5')... GUA ... (3')

b) A mutação provocou a troca de um aminoácido por outro? Em caso afirmativo, quais são esses aminoácidos? (Consulte a tabela do código genético acima).

R: Sim, mudou de ácido glutâmico (Glu) para valina (Val).

c) Caso a mudança ocorresse na terceira base do códon (3'...CTT...5') para (3'...CTC...5') na fita molde, qual a consequência desta alteração?

R: Não mudaria o aminoácido, pois trata-se uma mutação sinônima, ou silenciosa, pois embora a mutação tenha alterado o nucleotídeo, o aminoácido será o mesmo, uma vez que o código genético é degenerado, ou seja, tenha mais de um códon para o mesmo aminoácido!