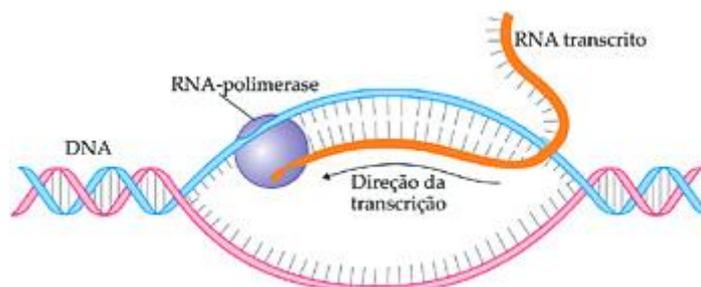


Transcrição da informação genética

A síntese de RNA (mensageiro, por exemplo) se inicia com a separação das duas fitas de DNA.

Apenas uma das fitas do DNA serve de molde para a produção da molécula de RNAm. A outra fita não é transcrita. Essa é uma das diferenças entre a duplicação do DNA e a produção do RNA.



As outras diferenças são:

- os nucleotídeos utilizados possuem o açúcar ribose no lugar da desoxirribose;
- há a participação de nucleotídeos de uracila no lugar de nucleotídeos de timina. Assim, se na fita de DNA que está sendo transcrita aparecer adenina, encaminha-se para ela um nucleotídeo complementar contendo uracila;

Imaginando um segmento hipotético de um filamento de DNA com a sequência de bases:

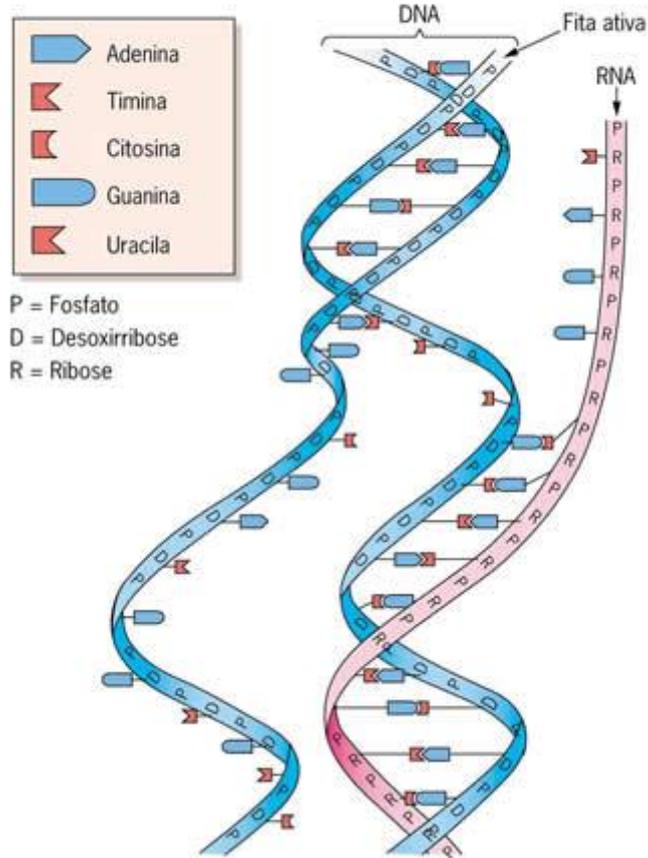
DNA - ATGCCGAAATTTGCG

O segmento de RNAm formado na transcrição terá a sequência de bases:

RNA - UACGGCUUUAACGC

Em uma célula eucariótica, o RNAm produzido destaca-se de seu molde e, após passar por um processamento, atravessa a carioteca e se dirige para o citoplasma, onde se dará a síntese protéica. Com o fim da transcrição, as duas fitas de DNA se unem novamente, refazendo-se a dupla hélice.

Transcrição: DNA faz RNA

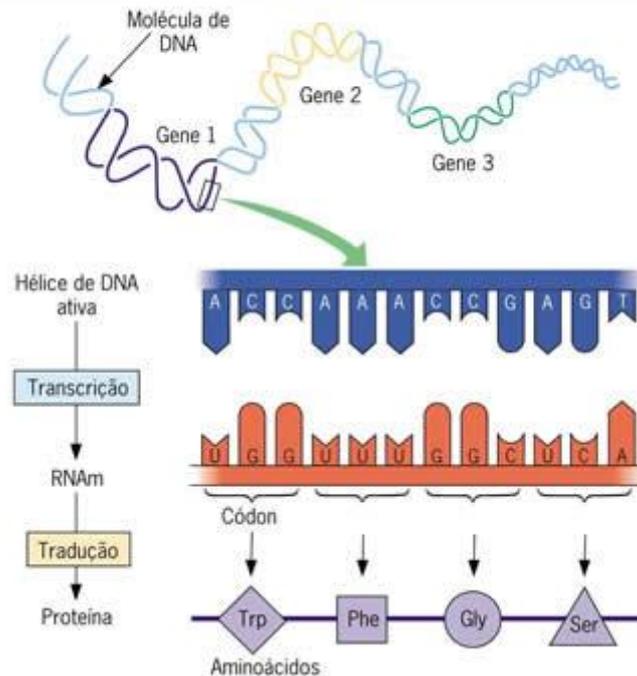


O código genético

A mensagem genética contida no DNA é formada por um alfabeto de quatro letras que correspondem aos quatro nucleotídeos: **A, T, C e G**.

Com essas quatro letras é preciso formar “palavras” que possuem o significado de “aminoácidos”. Cada proteína corresponde a uma “frase” formada pelas “palavras”, que são os aminoácidos. De que maneira apenas quatro letras do alfabeto do DNA poderiam ser combinadas para corresponder a cada uma das vinte “palavras” representadas pelos vinte aminoácidos diferentes que ocorrem nos seres vivos?

Correspondência entre as unidades do DNA e do RNA e os aminoácidos da proteína a ser sintetizada



Uma proposta brilhante sugerida por vários pesquisadores, e depois confirmada por métodos experimentais, foi a de que **cada três letras (uma trinca de bases) do DNA corresponderia uma “palavra”, isto é, um aminoácido**. Nesse caso, haveria **64 combinações possíveis de três letras**, o que seria mais do que suficiente para codificar os **vinte tipos diferentes de aminoácidos** (matematicamente, utilizando o método das combinações seriam, então, 4 letras combinadas 3 a 3, ou seja, $4^3 = 64$ combinações possíveis).

O código genético do DNA se expressa por trincas de bases, que foram denominadas **códons**. Cada códon, formado por três letras, corresponde a um certo aminoácido.

A correspondência entre o trio de bases do DNA, o trio de bases do RNA e os aminoácidos por eles especificados constitui uma mensagem em código que passou a ser conhecida como “código genético”.

Mas, surge um problema. Como são vinte os diferentes aminoácidos, há mais códonos do que tipos de aminoácidos! Deve-se concluir, então, que há aminoácidos que são especificados por mais de um códon, o que foi confirmado. A tabela abaixo, especifica os códonos de RNAm que podem ser formados e os correspondentes aminoácidos que especificam.

		Segunda Base				
		U	C	A	G	
Primeira Base 5'	U	UUU } Fenil-alanina UUC } UUA } Leucina UUG }	UCU } Serina UCC } UCA } UCG }	UAU } Tirosina UAC } UAA } Stop codon UAG } Stop codon	UGU } Cysteine UGC } UGA } Stop codon UGG } Tryptophan	Terceira Base U C A G U C A G U C A G U C A G
	C	CUU } Leucina CUC } CUA } CUG }	CCU } Prolina CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidina CAC } CAA } Glutamina CAG }	CGU } Arginina CGC } CGA } CGG }	
	A	AUU } Isoleucina AUC } AUA } Metionina AUG } start codon	ACU } Treonina ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagina AAC } AAA } Lisina AAG }	AGU } Serina AGC } AGA } Arginina AGG }	
	G	GUU } Valina GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanina GCC } GCA } GCG }	GAU } Ácido GAC } Aspártico GAA } Ácido GAG } Glutâmico	GGU } Glicina GGC } GGA } GGG }	

Dizemos que o código genético é universal, pois em todos os organismos da Terra atual ele funciona da mesma maneira, quer seja em bactérias, em uma cenoura ou no homem.

O códon AUG, que codifica para o aminoácido metionina, também significa início de leitura, ou seja, é um códon que indica aos ribossomos que é por esse trio de bases que deve ser iniciada a leitura do RNAm.

Note que três códons não especificam nenhum aminoácido. São os códons UAA, UAG e UGA, chamados de **códons de parada** durante a “leitura” (ou **stop códons**) do RNA pelos ribossomos, na síntese protéica.

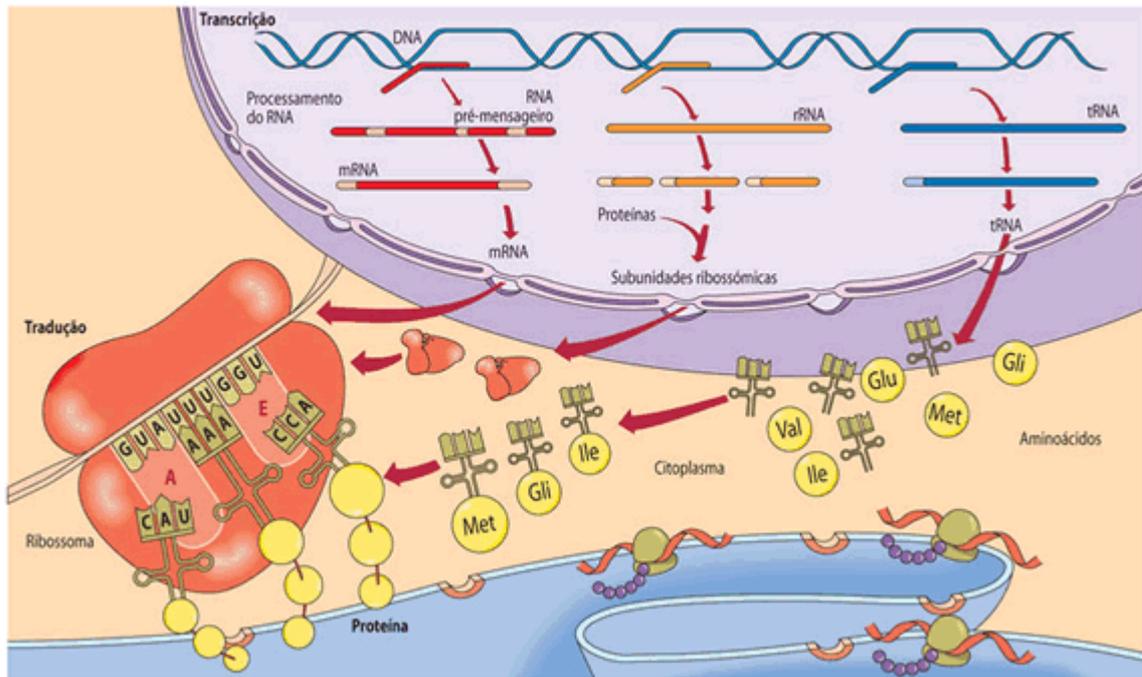
Diz-se que o código genético é degenerado porque cada “palavra” (entenda-se aminoácido) pode ser especificada por mais de uma trinca.

Tradução: Síntese de Proteínas

Tradução é o nome utilizado para designar o processo de síntese de proteínas. Ocorre no citoplasma com a participação, entre outros, de RNA e de aminoácidos.

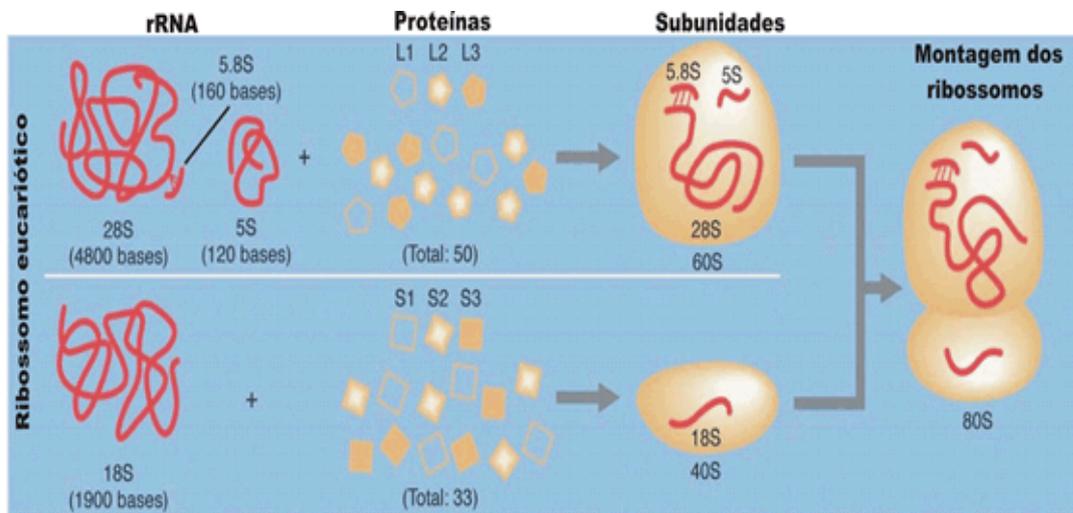
Quem participa da síntese de proteínas?

Cístron (gene) é o segmento de DNA que contém as informações para a síntese de um polipeptídeo ou proteína. O RNA produzido que contém uma sequência de bases nitrogenadas transcrita do DNA é um RNA mensageiro.



No citoplasma, ele será um dos componentes participantes da síntese de proteínas, juntamente com outros dois tipos de RNA, todos de fita simples e produzidos segundo o mesmo processo descrito para o RNA mensageiro:

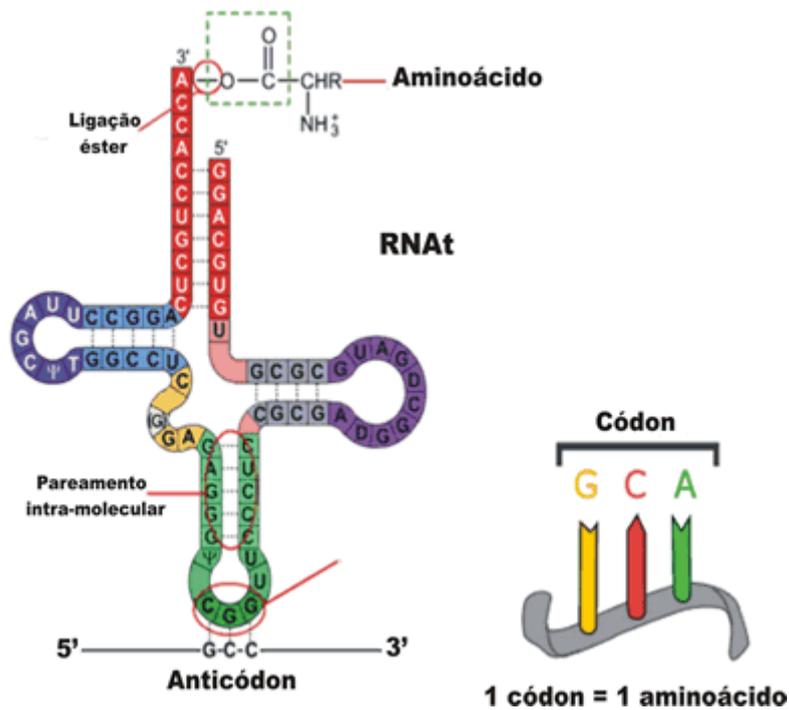
RNA ribossômico, RNAr. Associando-se a proteínas, as fitas de RNAr formarão os ribossomos, orgânicos responsáveis pela leitura da mensagem contida no RNA mensageiro;



RNAs transportadores, RNAt. Assim chamados porque serão os responsáveis pelo transporte de aminoácidos até o local onde se dará a síntese de proteínas junto aos ribossomos. São moléculas de RNA de fita simples, de pequeno tamanho, contendo, cada uma, cerca de 75 a 85 nucleotídeos. Cada fita de RNAt torce-se sobre si mesma, adquirindo o aspecto visto na figura abaixo.

Dois regiões se destacam em cada transportador: uma é o local em que se ligará o aminoácido a ser transportado e a outra corresponde ao trio de bases complementares (chamado anticódon) do RNAt, que se encaixará no códon correspondente do RNAm.

Anticódon é o trio de bases do RNAt, complementar do códon do RNAm.

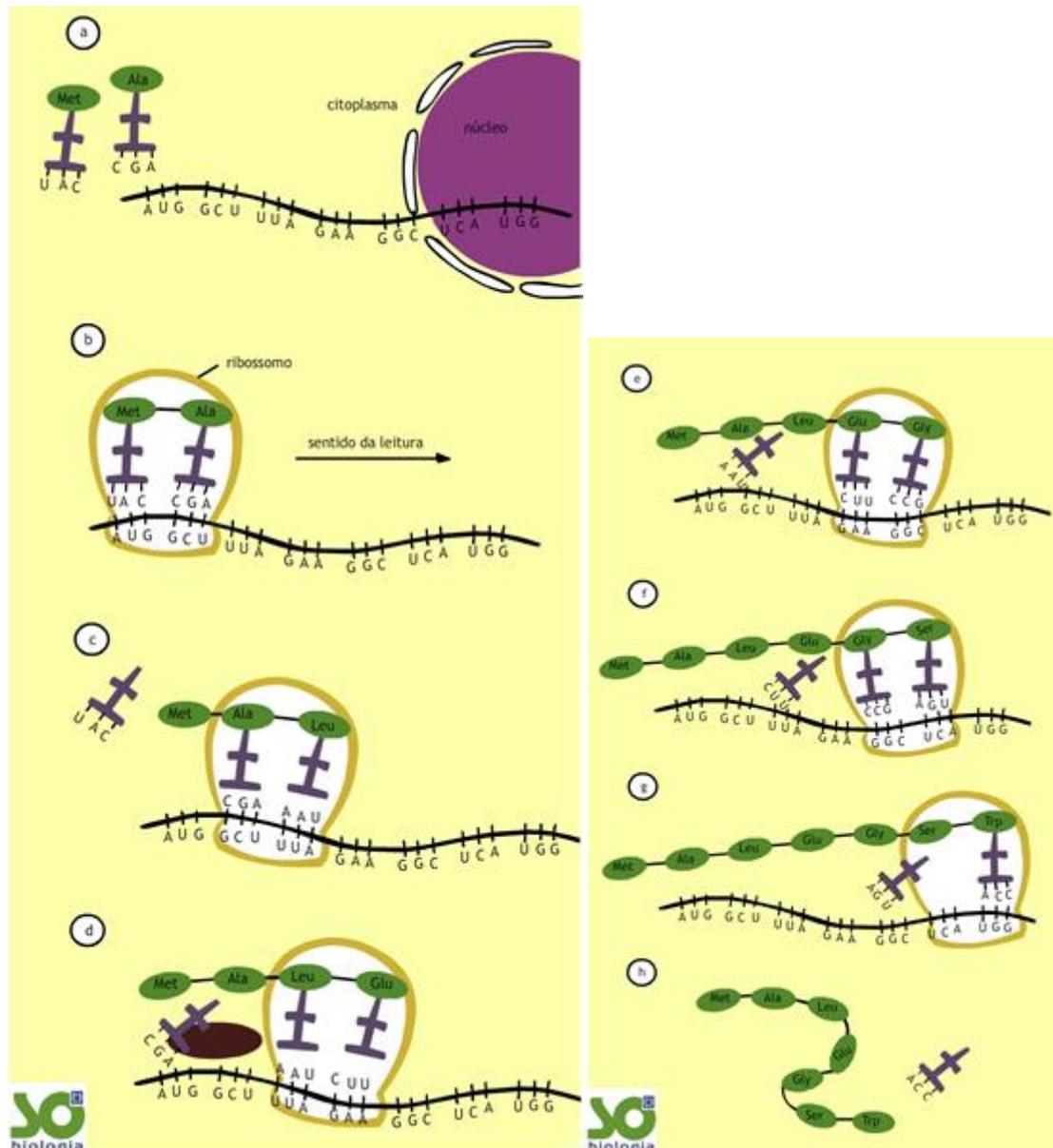


RNA - Tradução passo a passo

A tradução é um processo no qual haverá a leitura da mensagem contida na molécula de RNAm pelos ribossomo, decodificando a linguagem de ácido nucleico para a linguagem de proteína.

Cada RNAt em solução liga-se a um determinado aminoácido, formando-se uma molécula chamada aminoacil-RNAt, que conterà, na extremidade correspondente ao anticódon, um trio de códon do RNAm.

Para entendermos bem este processo, vamos admitir que ocorra a síntese de um peptídeo contendo apenas sete aminoácidos, o que se dará a partir da leitura de um RNAm contendo sete códons (21 bases nitrogenadas). A leitura (tradução) será efetuada por um ribossomo que se deslocará ao longo do RNAm.



Esquemáticamente na síntese proteica teríamos:

- Um RNAm, processado no núcleo, contendo sete códons (21 bases hidrogenadas) se dirige ao citoplasma.
- No citoplasma, um ribossomo se liga ao RNAm na extremidade correspondente ao início da leitura. Dois RNAt, carregando os seus respectivos aminoácidos (metionina e alanina), prendem-se ao ribossomo. Cada RNAt liga-se ao seu trio de bases (anticódon) ao trio de bases correspondentes ao códon do RNAm. Uma ligação peptídica une a metionina à alanina.
- O ribossomo se desloca ao longo do RNAm. O RNAt que carregava a metionina se desliga do ribossomo. O quarto RNAt, transportando o aminoácido leucina, une o seu anticódon ao códon correspondente do RNAm. Uma ligação peptídica é feita entre a leucina e a alanina.
- O ribossomo novamente se desloca. O RNAt que carregava a alanina se desliga do ribossomo. O quarto RNAt, transportando o aminoácido ácido glutâmico encaixa-se no

ribossomo. Ocorre a união do anticódon desse RNAt com o códon correspondente do RNAm. Uma ligação peptídica une o ácido glutâmico à leucina.

- Novo deslocamento do ribossomo. O quinto RNAt, carregando a aminoácido glicina, se encaixa no ribossomo. Ocorre a ligação peptídica da glicina com o ácido glutâmico.
- Continua o deslocamento do ribossomo ao longo do RNAm. O sexto RNAt, carregando o aminoácido serina, se encaixa no ribossomo. Uma ligação peptídica une a serina à glicina.
- Fim do deslocamento do ribossomo. O último transportador, carregando o aminoácido triptofano, encaixa-se no ribossomo. Ocorre a ligação peptídica do triptofano com a serina. O RNAt que carrega o triptofano se separa do ribossomo. O mesmo ocorre com o transportador que portava a serina.
- O peptídeo contendo sete aminoácidos fica livre no citoplasma. Claro que outro ribossomo pode se ligar ao RNAm, reiniciando o processo de tradução, que resultará em um novo peptídeo. Perceba, assim, que o RNAm contendo sete códons (21 bases nitrogenadas) conduziu a síntese de um peptídeo formado por sete aminoácidos.