

1. Que propriedades químicas possuem o DNA e as proteínas que permitem a marcação específica de uma ou de outra destas macromoléculas com um isótopo radioativo?
2. Qual a contribuição do experimento realizado por Hershey e Chase para a Genética? Como o objetivo foi alcançado?
3. Considere uma partícula viral contendo uma molécula de DNA com 200000pb (pares de bases).
 - a) Quantos nucleotídeos devem estar presentes?
 - b) Quantos átomos de fósforo?
4. Foi demonstrado experimentalmente que a maioria das seqüências altamente repetitivas de DNA de cromossomos eucariotos não são transcritas. O que isso indica a respeito da função deste tipo de DNA?
5. O que você entende por “orientação antiparalela das fitas de DNA”?
6. Os ácidos nucleicos são constituídos por cadeias polinucleotídicas. Descreva resumidamente este tipo de composto.
7. Cite as principais diferenças entre RNA e DNA quanto à estrutura de nucleotídeos.
8. Quais as principais características da molécula de DNA?
9. Explique o que é e porque ocorre a complementaridade de bases nitrogenadas.
10. Se uma fita de desoxirribonucleotídeos tiver a constituição 5'ATAAGCGTTAG 3', como será a molécula de DNA?
11. O DNA do fungo “*Neurospora crassa*” tem um conteúdo de A+T de 37%; qual o conteúdo de cada uma das quatro bases isoladas?
12. O DNA da bactéria “*Bacillus hipoteticus*” tem um conteúdo de C+T de 46%; qual o conteúdo de cada uma das quatro bases isoladas?
13. Num organismo diplóide um pesquisador verificou que uma molécula de DNA continua com 22% de GUANINA. Com base nestas informações determine qual o percentual de cada uma das outras bases.
14. Se o conteúdo de A + T em uma molécula de DNA é de 36%, quais são os conteúdos de todas as bases?
15. Um vírus, cujo material consiste de uma fita de RNA, tem aproximadamente 22% de seus RNA nucleotídeos constituídos de URACIL. Qual é a frequência de ADENINA?

16. Se um RNAm sintético conter 35% de ADENINA e 65% de GUANINA posicionados ao longo do polinucleotídeo, que aminoácidos são esperados para serem incorporados no polipeptídio e em que proporções?

17. Porque surgem os fragmentos de Okasaki?

18. Qual a importância do empacotamento do DNA e como ele se processa?

19. O isótopo radioativo do nitrogênio N^{15} pode ser usado para marcar radioativamente compostos que possuam nitrogênio na sua composição, como é o caso dos ácidos nucléicos. Uma cultura de *Escherichia coli* cresceu em um meio contendo exclusivamente N^{15} até que todo o DNA estivesse marcado. Então transferiu-se a colônia para um meio contendo nitrogênio comum N^{14} e deixou-s que crescesse por, exatamente, duas gerações. Fazendo-se então uma avaliação do DNA, quanto deveria ser encontrado contendo:

a) Somente N^{15} ?

b) Híbrido (uma fita N^{14} e outra N^{15})?

c) Somente N^{14} ?

RESPOSTAS

1. Isto é possível pelo fato de o DNA ser rico em fósforo e não possuir enxofre, enquanto que as proteínas são ricas em enxofre e não possuem fósforo.
2. Eles acompanharam a trajetória dos componentes virais (proteínas e DNA), marcando com isótopos radioativos em um processo normal de infecção, constatando que apenas o DNA penetra na célula infectada e é transmitido aos descendentes. Comprovaram assim que o material que possui atividade genética é o DNA.
3. a) 400000 b) 400000
4. Que estas seqüências não codificam proteínas, não possuindo atividade genética conhecida.
5. Significa que as duas cadeias polinucleotídicas de uma mesma molécula de DNA são invertidas uma em relação à outra, isto é, se em uma extremidade de uma delas se encontrar o radical fosfato (que ocupa a posição 5' do nucleotídeo), na mesma extremidade da outra será encontrado o radical oxidrila (da posição 3').
6. Cada nucleotídeo é constituído por uma base cíclica nitrogenada ligada a uma pentose. Na posição 3' da pentose encontra-se uma oxidrila e na posição 5' um radical fosfato. A união de vários nucleotídeos entre si é promovida por ligações fosfodiéster entre a oxidrila 3' de um nucleotídeo e o grupamento fosfato 5' do seguinte.
7. A pentose do RNA é uma ribose enquanto que a do DNA é uma desoxirribose, tendo perdido a oxidrila da posição 2'. No RNA encontra-se pirimidina uracil, que no DNA é substituída pela timina.
8. A molécula de DNA é constituída por duas cadeias polinucleotídicas, complementares uma à outra, orientadas antiparalelamente e espiraladas para a direita, formando uma dupla hélice. Possui a pirimidina timina e não uracila, além de seu açúcar ser uma desoxirribose.
9. A união das bases entre as duas fitas de DNA é sempre específica ocorrendo os pareamentos C-G e T-A. Tal especificidade é provocada pela habilidade de formação de pontes de hidrogênio (duas entre T e A e três entre C e G).
10. 5' ATAAGCGTTAG 3'
3' TATTCGCAATC 5'
11. A= 18,5%; T= 18,5%; C= 31,5%; G= 31,5%
12. Não é possível determinar uma vez que T e C não são complementares.
13. T= 28%; A= 28%; G= 22%; C= 22%
14. T= 18%; A= 18%; G= 32%; C= 32%
15. Não é possível determinar, pois o RNA é uma fita simples onde suas bases não são pareadas.

16. AAA – 4,28%; AGA – 7,96%; AAG – 7,96%; AGG – 14,78%; GAA – 7,96%; GGA – 14,78%; GAG – 14,78%; GGG – 27,46%

17. Quando ocorre a replicação do DNA, esta se dá bidirecionalmente, porém as DNA polimerases só conseguem trabalhar no sentido 5' para 3'. Então, a polimerização no sentido 3' para 5' ocorre pela síntese de pequenos fragmentos 5' para 3', os quais se chamam fragmentos de Okasaki.

18. O empacotamento é necessário pra permitir que moléculas extremamente longas caibam em um espaço muito pequeno como o núcleo. Este processo inicia-se com a formação da dupla hélice pela espiralização das duas fitas. A dupla hélice roda em torno do octômero de histonas formando um nucleossomo. Este se condensa sobre ele mesmo e forma um solenóide, que em seu grau máximo de condensação forma as cromátides dos cromossomos.

19. a) Nenhum b) 50% c) 50%

1. Compare e contraste a replicação, a transcrição e a tradução de procariontes e eucariontes?
2. Considere o segmento de fita de DNA abaixo:

3' AAAGAACGATGATTTCGGATTT 5'

- a) Qual a sequência de bases do RNAm correspondentes?
 - b) Quais os anti-códons dos tRNAs acima considerados?
 - c) Qual a sequência de aminoácidos codificados pelo RNAm?
3. Uma única adição de nucleotídeos e uma deleção aproximadamente 15 pontos distantes do DNA causam a mudança na sequência de uma proteína de:

LYS – SER – PRO – SER – LEU – ASN – ALA – ALA – LYS para

LYS – VAL – HIST – HIST – LEU – MET – ALA – ALA – LYS

- a) Quais as sequências de nucleotídeos do RNA velho e do novo?
 - b) Que tipo de RNA é?
 - c) Qual o nucleotídeo que foi deletado e qual foi adicionado?
4. Explique o processo de excisão de íntrons ou “SPLICING”
 5. Porque apenas 61 trincas (sequências de nucleotídeos) codificam aminoácidos?
 6. Considere a sequência de bases nitrogenadas abaixo como parte de uma molécula de ácido nucléico:

5' UGA – AUG 3'

 - a) De que ácido nucléico ela faz parte?
 - b) Quais os outros ácidos nucléicos relacionados com tal sequência e suas respectivas bases nitrogenadas?
 - c) Se a sequência dada resultar um segmento de proteína, quais os aminoácidos que estariam presentes?
 7. Como a transcrição é iniciada e terminada?
 8. Considerando-se a sequência de códons 5' AUG CGA 3' responda justificando:
 - a) De que molécula o ácido nucléico faz parte?

- b) Qual o anti-códon correspondente?
- c) De que molécula a resposta b) faz parte?
- d) Qual é a seqüência template (sense ou molde) correspondente?
- e) e a não templante?
- f) A que molécula as duas ultimas respostas pertencem?

9. Moléculas de rRNA são relativamente estáveis, enquanto que o mRNA é degradado rapidamente. Discuta possíveis causas e conseqüências desse fato.

10. Diga o que você sabe sobre as fitas sense e anti-sense do DNA.

11. Discuta as principais características do código genético.

12. Explique como o tRNA assegura a correta tradução de acordo com as leis do código genético.

13. O cromossomo de *E. coli* contém 4,7 milhões de pares de bases de DNA. Se a síntese de cada forquilha de replicação ocorrer a uma taxa de 1000 nucleotídeos por segundo, quanto tempo levará para completar a replicação do cromossomo de *E. coli* na replicação teta?

14. O que é replicação semiconservativa?

15. Desenhe uma molécula de DNA sofrendo replicação teta. Em seu desenho identifique (1) origem, (2) polaridade (pontas 5' e 3') de todos os filamentos molde e filamentos recém-sintetizados, (3) filamentos leading e lagging, (4) fragmentos de Okasaki e (5) localização dos primers.

16. Que similaridades e diferenças existem nas atividades enzimáticas das DNA polimerase I, II e III? Qual a função de cada tipo de DNA polimerase nas células bacterianas?

17. Por que é necessária a primase para a replicação?

18. Que partes do DNA constituem uma unidade de transcrição?

19. Descreva a estrutura da RNA polimerase bacteriana.

20. Desenhe e denomine um promotor bacteriano típico.

21. Quais os dois tipos básicos de finalizadores encontrados nas bactérias? Descreva a estrutura de cada.

22. A seguinte seqüência de nucleotídeos é encontrada em um molde de DNA unifilamentar:

ATTGCCAGATCATCCCAATAGAT

Suponha que a RNA polimerase percorra esse molde da esquerda para a direita:

- a) Qual ponta do molde de DNA é 5' e qual ponta é 3'?
- b) Cite as seqüências e marque as pontas 5' e 3' do RNA copiado desse molde.

23. Os seguintes nucleotídeos de DNA são encontrados próximos à ponta de uma unidade de transcrição. Encontre o finalizador dessa sequência e diga se esse finalizador é dependente de *rô* ou independente de *rô*.

3' AGCATACAGCAGACCGTTGGTCTGAAAAAAGCATACA 5'

24. Quais são os três elementos principais nas sequências de mRNA nas bactérias?

25. Qual é a função da sequência de consenso de Shine-Dalgarno?

26. O que é cap de 5'? Como o cap de 5' é adicionado ao pré-mRNA eucariótico? Qual a função do cap de 5'?

27. Como a cauda poli-A é adicionada ao pré-mRNA? Qual a finalidade da cauda poli-A?

28. O que constitui o spliceossomo? Qual a função do spliceossomo?

29. Explique o processo de processamento do pré-mRNA nos genes nucleares.

30. Explique como o tRNA é processado.

31. Defina os seguintes termos no modo com que se aplicam ao código genético: (a) matriz de leitura; (b) código superposto; (c) código não-superposto; (d) códon de iniciação; (e) códon de término; (f) códon com sentido; (g) códon sem sentido; (h) código universal; (i) códons não-universais.

32. Como é estabelecida a sequência de nucleotídeos de uma matriz de leitura?

33. Como os tRNA são ligados a seus aminoácidos correspondentes?

34. Que papel tem os fatores de iniciação na síntese de proteínas?

35. Como o processo de iniciação difere em bactérias e células eucarióticas?

36. Cite os fatores de alongamento usados na tradução bacteriana e explique o papel desempenhado por cada fator na tradução.

37. Que eventos causam o término da tradução?

38. Explique como alguns antibióticos funcionam afetando o processo de síntese de proteínas?

RESPOSTAS

1.

	Procariontes	Eucariontes
Replicação	- Realizada no citoplasma; - Desenrolamento do DNA por atuação de enzimas em uma ponta.	- Realizada no núcleo - Desenrolamento do DNA ocorre em vários pontos no mesmo momento.
Transcrição	- A molécula de RNA já constitui o RNAm, o qual é utilizado para a produção de proteínas e depois é degradado. O RNA não é processado	- É mais complexo, onde há várias modificações do RNA antes que ele possa ser traduzido (são retirados os íntrons e restam os exons).
Tradução	- Enzimas específicas de iniciação, alongamento e terminação próprias. - ribossomo 70S	- Enzimas específicas de iniciação, alongamento e terminação próprias. - ribossomo 80S

2. a) 5' UUU CUU GCU ACU AAA GCC UAA 3'

b) 3' AAA GAA CGA UGA UUU CGG AUU 5'

c) FEN – LEU – ALA – THR – LIS – ALA - TYR

3. a) velho: AAA AGU CCA UCA CUU AAU GCU GCU AAA

novos: AAA GUC CAU CAC UUA AUG GCU GCU AAA

b) mRNA

c) Foi deletado o primeiro nucleotídeo (A) do segundo códon e adicionado o último nucleotídeo do sexto códon (G).

4. O RNAm produzido pela transcrição em eucariotos contém regiões codificantes (exons) e não-codificantes (íntrons), sendo que este sofrerá um processamento no qual são cortadas as seqüências íntrons, para formar o RNAm final que será traduzido e formará uma enzima ou proteína.

5. Porque dos 64 códons, os 3 códons (UAA, UAG, UGA) codificam fim da síntese de proteínas e são denominados sem sentido. Eles são reconhecidos pelos fatores de liberação de proteínas, que promovem a ejeção das subunidades de ribossomos.

6. a) mRNA b) DNA molde – 3' ACT TCA 5' c) FIM e MET

7. a) A RNA polimerase reconhece e acopla-se à seqüência promotora do DNA.

b) A RNA polimerase reconhece uma seqüência de terminação no DNA, desconectando-se desta.

8. a) RNAm b) 5' UAC GCU 3' c) RNAt d) 3' TAC GCT 5' e) 5' ATG CGA 3' f) DNA

9. O RNAr é necessário permanentemente nas células pois participa de todo e qualquer processo de síntese. Já uma molécula de RNAm só é necessária para a síntese de uma determinada proteína quando esta for requerida pelo organismo. A degradação do RNAm impede o acúmulo excessivo tanto do próprio RNAm como também do seu produto específico.

10. A fita da molécula de DNA que serve de molde para a síntese de RNAm é a fita “sense”. Cada gene usa sempre a mesma fita como “sense” ou “template”, mas genes diferentes podem ser copiados de diferentes fitas da mesma molécula.

11. O código genético assegura a colinearidade de informações entra a molécula de DNA e a cadeia polipeptídica, isto é, a correspondência corretamente seqüenciada. É degenerado, o que significa que cada aminoácido pode ser codificado por mais de um códon, mas não é ambíguo e é universal (cada códon codifica sempre o mesmo aminoácido, mesmo em diferentes espécies). Não existe qualquer tipo de separação entre códons contíguos nem sobreposições, mas existem sinais específicos de início e fim de tradução (dois códons de iniciação e três de terminação).

12. O RNAt apresenta especificidade tanto para o aminoácido como para o códon, sendo complementar e antiparalelo. Deste modo, garante a inserção correta do aminoácido na cadeia polipeptídica, de acordo com a seqüência de códons presentes no RNAm.

13. 39,17 minutos.

14. Quando uma fita de DNA é replicada, formam-se duas fitas híbridas, isto é, as duas partes da velha fita pareiam com as novas fitas, formando dois “novos” DNA. Cada um dos filamentos iniciais de nucleotídeos permanecem intactos (conservados), porém não serão combinados na mesma molécula.

16. As DNA polimerases sintetizam DNA no sentido 5' → 3' adicionando novos nucleotídeos à ponta 3' de um filamento nucleotídico em crescimento.

DNA polimerase I – Remove primers de RNA e os substitui com DNA.

DNA polimerase II – Reparo do DNA; reinicia replicação após DNA danificado parar a síntese.

DNA polimerase III – Alonga um novo filamento de nucleotídeos a partir do grupo 3'-OH dado pelo primer.

17. A primase é responsável pela produção do primer, o qual fornece o 3'-OH para que o DNA polimerase III reconheça e inicie a replicação.

18. Uma unidade de transcrição é um trecho de DNA que codifica uma molécula de RNA e as seqüências necessárias para a transcrição. A unidade de transcrição inclui um promotor, uma região codificante de RNA e um finalizador.

19. A RNA polimerase bacteriana é uma grande enzima multimérica. No seu centro estão quatro subunidades que constituem a cerne da enzima: duas cópias de uma subunidade chamada alfa, uma cópia de beta e uma cópia de beta primo. O fator sigma controla a ligação de RNA polimerase ao promotor.

21. Há um finalizador que causa o término da transcrição por presença de uma proteína Rô e outro causa o término na ausência da proteína Rô.

22. a) 3' → 5'

b) RNAm 5' UAA CGG UCU AGU AGG GUU AUC UA 3'

23. Finalizador independente de rô.

24. As moléculas de RNA mensageiro contêm três regiões principais: uma região 5' não-traduzida, uma região codificante de proteína e uma região 3' não-traduzida. AS regiões 5' e 3' não-traduzidas não codificam os aminoácidos de uma proteína.

25. A região Shine – Dalgarno é responsável por regular o início da tradução. Ela possibilita a união do ribossomo a região 5' do RNAm, o que facilita o reconhecimento do códon no início da síntese de proteínas.

26. É a adição de um nucleotídeo à ponta 5' do RNAm e metilação pela adição de um grupo metil à base do nucleotídeo recém - adicionado. O Cap - 5' funciona no início da tradução e aumenta a estabilidade do RNAm.

27. São adicionados aproximadamente 10 nucleotídeos adenina e após uma proteína de ligação Poli-A aumentando a velocidade de poliadenilação. A estabilidade conferida pela cauda Poli – A é dependente das proteínas que se ligam à cauda. A cauda Poli- A confere estabilidade ao RNAm, aumentando o tempo em que ele permanece disponível para a tradução antes ser degradado pelas enzimas celulares.

28. O spliceossomo é um complexo grande, onde ocorre a recombinação, consiste de várias moléculas de RNA e muitas proteínas.

29. A processamento do RNA tem lugar no núcleo e deve ocorrer antes que o RNA possa se mover para o citoplasma. No processo de recombinação o pré-RNAm é cortado em duas etapas distintas. Na primeira etapa, o pré-RNAm é cortado no sítio de corte em 5'; este corte libera o exon 1 do intron, o intron dobra-se sobre si mesmo (sobre a Adenina), formando uma estrutura chamada de laço. Na segunda etapa, é feito um corte não sítio de corte 3' e, simultaneamente, a ponta 3' do exon 1 torna-se covalentemente ligada a ponta 5' do exon 2.

30. Os genes que produzem o tRNA podem ser dispersos pelo genoma ou podem estar em grupos. Os tRNAs contêm bases modificadas (xantina, hipoxantina entre outras) e são amplamente processados após transcrição tanto em células bacterianas quanto eucarióticas. O tRNA se liga ao aminoácido específico ao seu anticódon, pela aminoacil sintetase específica com gasto de energia (ATP).

31. Matriz de leitura: cada modo diferente de ler a sequência de nucleotídeos.

Código superposto: é um código em que um único nucleotídeo é incluído em mais de um códon. São encontrados em vírus.

Código não-superposto: Cada nucleotídeo pertence a apenas um códon.

Códon de iniciação: é o primeiro códon do RNAm a especificar o aminoácido.

Códon de termino: Não codificam aminoácidos e indicam o final da proteína.

Códon com sentido: São todos os códons, menos o códon de termino.

Códon sem sentido: também denominado de códon de termino.

Código universal: cada códon especifica o mesmo aminoácido em todos os organismos.

Código não-universal: o códon especifica aminoácidos diferentes em organismos diferentes. Os mais comuns são os finalizadores.

32. As matrizes de leitura têm conjuntos completamente diferentes de códons e, portanto irão especificar proteínas com seqüências de aminoácidos totalmente diferentes.

33. Os aminoácidos são ligados a RNAt específicos pela aminoacil-tRNA sintetase em uma reação de duas etapas que requer ATP.

34. Os fatores de iniciação são essenciais para o início da tradução. O fator de iniciação 1, acentua a dissociação das subunidades maior e menor dos ribossomos. O fator de iniciação 2, forma um complexo com o GTP. O fator de iniciação 3, liga-se a subunidade menor do ribossomo e impede a ligação da subunidade maior durante a iniciação.

35. Eucariótica: requer mais fatores de iniciação, o Cap – 5' do RNAm tem função e iniciação da tradução e a cauda Poli – A também.

Procariótica: As seqüências do RNAr 16S da subunidade menor liga-se a seqüência Shine – Dalgarno do RNAm.

36. Os Fatores de alongamento Tu e Ts – participam da primeira etapa do alongamento, que é levar o RNAt carregado para o sítio A. Fator de Alongamento G – participa da terceira etapa, que é posicionar o ribossomo no códon seguinte.

37. O termino ocorre quando o ribossomo atinge o códon de término (UAA, UAG, UGA). Os fatores de liberação ligam-se ao códon de término, causando a liberação da proteína do último RNAt, o RNAt do ribossomo e o RNAm do ribossomo.

38. A tradução é o alvo dos antibióticos, pois ela é essencial para os organismos e difere entre bactérias e células eucarióticas. Os antibióticos ligam-se aos ribossomos bacterianos e inibem varias etapas da tradução.

1. Porque o mecanismo do triptofano é dito negativo e da lactose é dito positivo?
2. O modelo do operon, formulado por Jacob e Monod, serve para explicar a regulação gênica das enzimas que degradam a lactose em *E. coli*. Explique o que ocorre se houvesse:
 - a) A presença de triptofano no meio celular;
 - b) Uma mutação do tipo substituição de bases silenciosa do gene operador (O);
 - c) Uma mutação do tipo deleção de base nos genes estruturais (Z, Y, A);
 - d) Presença de glicose no meio celular;
 - e) Uma mutação de sentido errado no primeiro gene estrutura.
3. Considerando os operons Lac e Trp como modelos de indução e repressão, respectivamente, descreva:
 - a) A condição mais freqüente de cada um destes operons;
 - b) As alterações ocorridas quando moléculas efetoras estão presentes.
4. Os operon, que regulam eficientemente a expressão de conjuntos de genes estruturais relacionados entre si são comuns em bactérias, mas ausentes em eucariotos, isto implica que estes não controlam a expressão de seus genes? Justifique.
5. Uma mutação é a alteração na seqüência de nucleotídeos de um gene, de um promotor ou de um operador. Explique os efeitos de cada uma das mutações abaixo no operon lac da *E. coli*:
 - a) Mutação no operador, impedindo a ligação do repressor;
 - b) Mutação em lac i (gene regulador), impedindo a sua transcrição;
 - c) Mutação no promotor impedindo o acoplamento da RNA polimerase;
 - d) Mutação em lac i, inibindo o acoplamento do repressor à lactose;
 - e) Mutação sem sentido em lac y;
 - f) Mutação de localização desconhecida, que impede a degradação de RNAm lac.
6. Diferencie repressores e indutores.
7. O operon triptofano é responsável pela produção de enzimas que participam da reação metabólica de síntese de triptofano e é constituído por 5 genes estruturais, um operador que responde à um complexo

repressor/co-repressor, e um promotor. O seu gene regulador situa-se em um outro ponto do DNA. Na ausência de triptofano ocorre síntese enzimática? Porquê?

8. Em *E. Coli* o operon da lactose compreende 3 genes estruturais: galk, galt e galé, cujos produtos estão envolvidos no metabolismo do açúcar galactose. Galr codifica um repressor e a galactose é um indutor do sistema. Descreva a sequencia de processos:

- a) Na ausência de galactose;
- b) Na presença de galactose.

9. Existem 40 cromossomos nas células somáticas do rato.

- a) Quantos cromossomos um rato deve receber de sua mãe?
- b) Qual o numero haplóide do rato?

10. O numero haplóide de um organismo é 12. Quantos cromossomos devem ser encontrados em:

- a) Um monossômico?
- b) Um trissômico?
- c) Um tetrassômico?
- d) Um trissômico duplo?
- e) Um mulissômico?
- f) Um monoplóide (ou haplóide)?
- g) Um triplóide?
- h) Um tetraplóide?

11. Considerando um cromossomo normal com a sequencia de bandeamento 12345678, determine o tipo de alteração e o provável esquema de pareamento com o homólogo normal em casa uma das situações abaixo:

- a) 12365478;
- b) 125678;
- c) 1234345678;
- d) 12345876.

12. Classifique os arranjos cromossômicos simbolizados abaixo:

- a) n
- b) $2n$
- c) $2n + 1$
- d) $2n - 1$

e) $2n + 2$

f) $3n$

g) $4n$

h) $2n + 1 + 1$

i) $2n - 2$

13. Desenhe um quadro ilustrando a estrutura geral de um operon e identifique suas partes.

14. O que é RNA anti-sentido? Como ele controla a expressão gênica?

15. Que mudanças ocorrem na estrutura da cromatina e que papel estas mudanças têm na regulação gênica eucariótica?

16. Explique resumidamente como as proteínas ativadoras transcricionais e os repressores afetam o nível de transcrição de genes eucarióticos.

17. O que é um insulador?

18. O que é um elemento de resposta? Como os elementos de resposta causam a expressão coordenada de genes eucarióticos?

19. Defina silenciamento do RNA.

20. Como surgem as inserções e as deleções?

21. Como os análogos de bases levam a mutações?

22. Que tipos de mutações são produzidos pela radiação ionizante e radiação UV?

23. Cite pelo menos três tipos diferentes de reparo de DNA e explique resumidamente como cada um é feito.

24. Um códon que especifica o aminoácido Gli sofre uma substituição de uma só base para se tornar uma mutação sem sentido. De acordo com o código genético, essa mutação é uma transição ou uma transversão? Em que posição do códon ocorre a mutação?

RESPOSTAS

1. Porque o operon só estará ativado na presença de lactose e desativado na ausência de triptofano, ou seja, a lactose é indutora e o triptofano é um repressor.

2. a) Não ocorreria nada no operon da lac.

b) Nada ocorreria pois foi uma mutação silenciosa, continuando a ler os genes Z, Y e A e degradação da lactose, pois tanto o códon mutante quanto o original codificam o mesmo aminoácido, não alterando a leitura.

c) A degradação da lactose não ocorreria, pois a produção das determinadas enzimas estaria impedida.

d) Com a presença de glicose, o operon lac não será ativado e não haverá produção das enzimas pelos genes Z, Y e A.

e) A lactose não será degradada.

3. a) Lac – O operon permanece inativado porque a proteína repressora, sintetizada pelo gene regulador, se liga ao sítio operador, inibindo o promotor. Isto impede o acoplamento da RNA polimerase, e deste modo, não há transcrição nem tradução.

Trp – A proteína reguladora é inativa, não sendo capaz de se ligar ao sítio operador do operon. Assim, a RNA polimerase acopla-se ao promotor, ocorrendo transcrição e tradução.

b) Lac – Se a lactose está presente, estabelece um complexo com a proteína reguladora, inativando-a. Esta perde a capacidade de se ligar ao operador, liberando assim o promotor, o que faz com que haja transcrição e tradução.

Trp – O triptofano age como co-repressor que se liga ao repressor ativando-o. O complexo repressor/co-repressor ocupa o sítio operador, inibindo o promotor, que não aceita a ligação da RNA polimerase. Não há tradução nem transcrição.

4. Os operons são sistemas de regulação que respondem a estímulos diretos do meio externo. Sendo eficientemente tamponados contra a maioria das influencias externas os eucariotos não necessitam de mecanismos de resposta direta mas, por outro lado, uma vez que comportam reações metabólicas muito mais complexas, também necessitam de sistemas de regulação gênica muito mais elaborados, o que assegurados pelos chamados “circuitos pré programados de expressão gênica”. Nestes, que comportam vários escalões de gene, a ativação sempre ocorre em cadeia, e a regulação processa-se tanto a nível de transcrição como de processamento de hnRNA.

5. a) Ocorrerá a produção contínua das enzimas de degradação da lactose, na ausência ou presença desta, gastando energia desnecessária quando a lactose não estiver presente.

b) Idem, pois a proteína reguladora não será produzida.

c) o operon da lactose não funcionará, pois não será possível ocorrer transcrição e tradução para a produção das enzimas de degradação da lactose.

d) Idem, pois a proteína reguladora estará sempre ativa, ligando-se ao operador e impedindo a ligação da RNA polimerase.

e) Para a transcrição, não transcrevendo completamente a permease e não totalmente a transacetilase.

f) Acumulo de mRNA na célula, ocorrendo produção contínua de β - galactosidase, permease e transacetilase.

6. Repressor – é uma proteína sintetizada pelos genes reguladores e é específica para cada operon. A sua função é ligar-se ao sítio operador inibindo a expressão do operon.

Indutor – é uma molécula efetora que atua nos sistemas de indução e, uma vez presente, forma um complexo com o repressor, impedindo a sua ligação ao operador, deprimindo assim o operon.

7. Sim, pois em sua ausência há produção de 3 enzimas para formar triptofano a partir de corismato. Só será inibida a produção destas na presença de triptofano, o qual se ligaria a proteína reguladora, ativando-a e impedindo a transcrição e tradução das enzimas.

8. a) Galr sintetiza o repressor que se liga ao operador, isto provoca a inibição do promotor, que não aceita a ligação da RNA polimerase e, portanto, não há expressão do operon, pois não haverá transcrição nem tradução.

b) Como indutor, a galactose liga-se ao repressor sintetizado pó galr, impedindo sua ligação ao operador. Logo haverá o acoplamento da RNA polimerase e a conseqüente transcrição e tradução do operon.

9. a) 20 **b)** 20

10. a) 23; **b)** 25; **c)** 26; **d)** 26; **e)** 22; **f)** 12; **g)** 36; **h)** 48.

11. a) Inversão intercalar heterozigota;

b) Deleção intercalar heterozigota;

c) Duplicação intercalar heterozigota;

Inversão terminal heterozigota.

12. a) Haploidia ou monoploidia; **b)** Diploidia; **c)** Trissomia; **d)** Monossomia; **e)** Tetrassomia; **f)** Triploidia; **g)** Tetraploidia; **h)** Dupla trissomia; **i)** Nulissomia.

14. O RNA anti-sentido é completar a outro RNA ou a seqüência de DNA. Ele controla a expressão gênica ligando-se a seqüências no RNAm e inibindo a tradução.

15. Aumento na sensibilidade da cromatina à degradação pela DNase I. Acetilação, a adição de grupos acetil a proteínas histonas.. Metilação das bases citosina (do DNA), que produz 5- metilcitosina. A sensibilidade à digestão com DNase I sugere que o DNA transcrito adota uma configuração aberta antes da transcrição. A acetilação das proteínas histona perturba a estrutura do nucleossomo e pode facilitar a transcrição. A ativação da transcrição em geral é precedida pela desmetilação do DNA. As seqüências metiladas podem atrair desacetilases, que removem os grupos acetil das proteínas histona, estabilizando a estrutura da cromatina e reprimindo a transcrição.

16. As proteínas ativadoras transcricionais estimulam a transcrição facilitando a montagem ou a ação do aparelho basal de transcrição no cerne promotor. Elas são capazes de se ligar ao DNA em uma seqüência específica de bases. Também tem a habilidade de interagir com outros componentes do aparelho transcricional e influenciar a taxa de transcrição.

17. São seqüências de DNA que bloqueiam ou insulam o efeito dos acentuadores de um modo dependente da posição.

18. São seqüências de DNA regulatórias em comum nos promotores ou acentuadores.

19. O silenciamento do RNA é iniciado por moléculas bifilamentares de RNA que são cortadas e processadas. Os pequenos RNA interferentes resultantes ligam-se a seqüências complementares no RNAm e causam seu corte e decomposição. Os pequenos RNA interferentes também podem estimular a metilação de seqüências complementares no DNA.

20. Surgem por adição ou a remoção, de um ou mais pares de nucleotídeos.

21. Análogos de bases são substâncias com estruturas similares às de qualquer uma das quatro bases padrões de DNA. As DNA polimerases não podem distinguir esses análogos das bases padrões. Assim, se o análogo de base estiver presente durante a replicação, ele pode ser incorporado em moléculas de DNA recém-sintetizadas.

22. Radiações ionizantes (raio X , raios gama...): danificam o DNA deslocando elétrons dos átomos, sendo que esses elétrons então quebram ligações fosfodiéster e alteram a estrutura das bases.

Luz ultravioleta: causa mutações primariamente produzindo dímeros de pirimidina que perturbam a replicação e a transcrição.

23. O sistema permite que o bloqueio da replicação seja superado, mas, no processo, comete muitos erros e aumenta muito a taxa de mutação.

24. Reparo de mau pareamento: detecta bases incorretamente pareadas, corrige pequenas alças não-pareadas no DNA.

Reparo direto: mudam os nucleotídeos de volta a suas estruturas originais..

Reparo por excisão de Bases: as bases modificadas são primeiro excisadas e então todo nucleotídeo é substituído.

25. É uma transversão. Ocorre uma mutação na primeira base do códon, de G para U, trocando GGA por UGA.