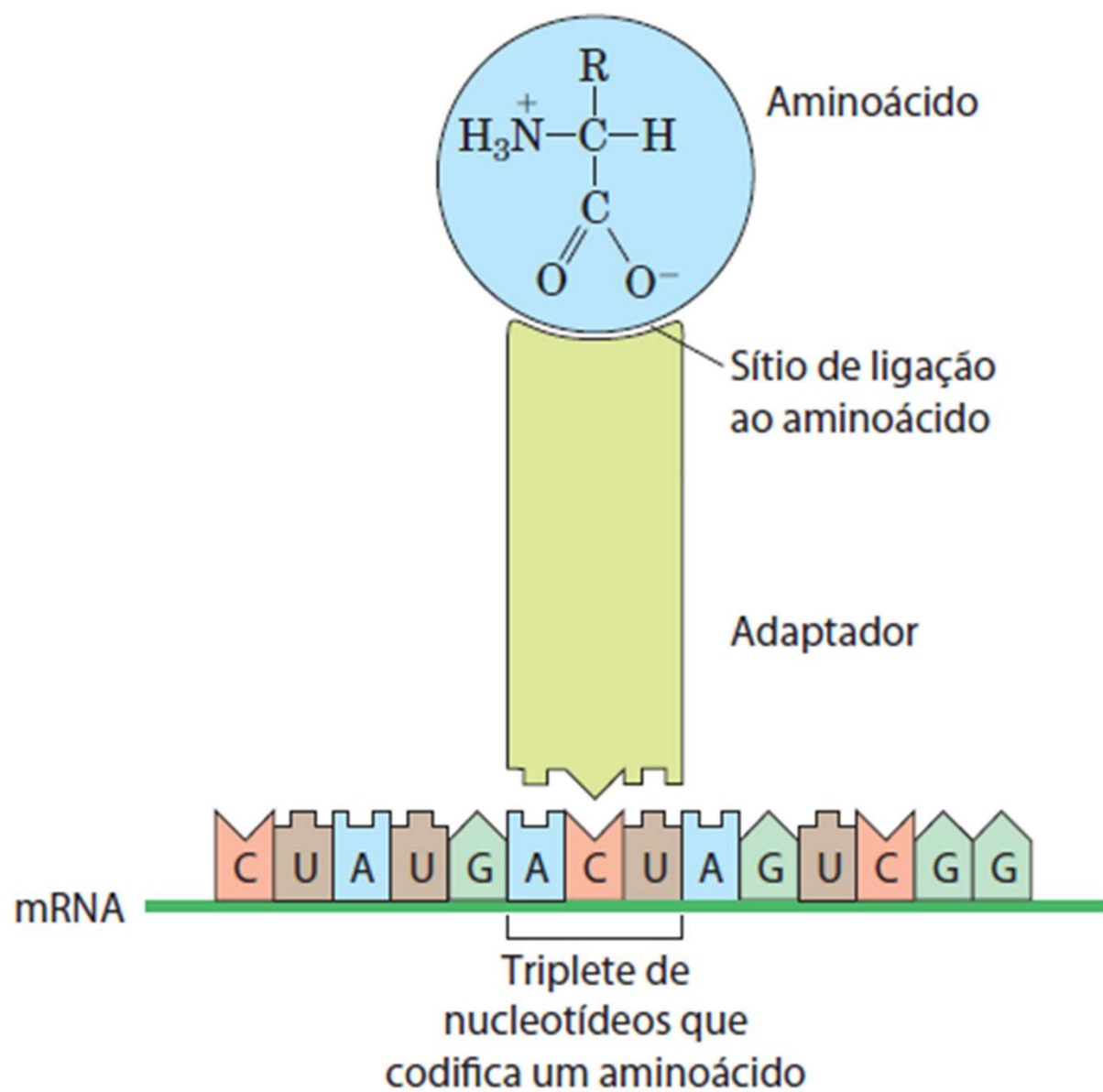


Código Genético



Códigos genéticos com e sem sobreposição.

Código não
sobreposto

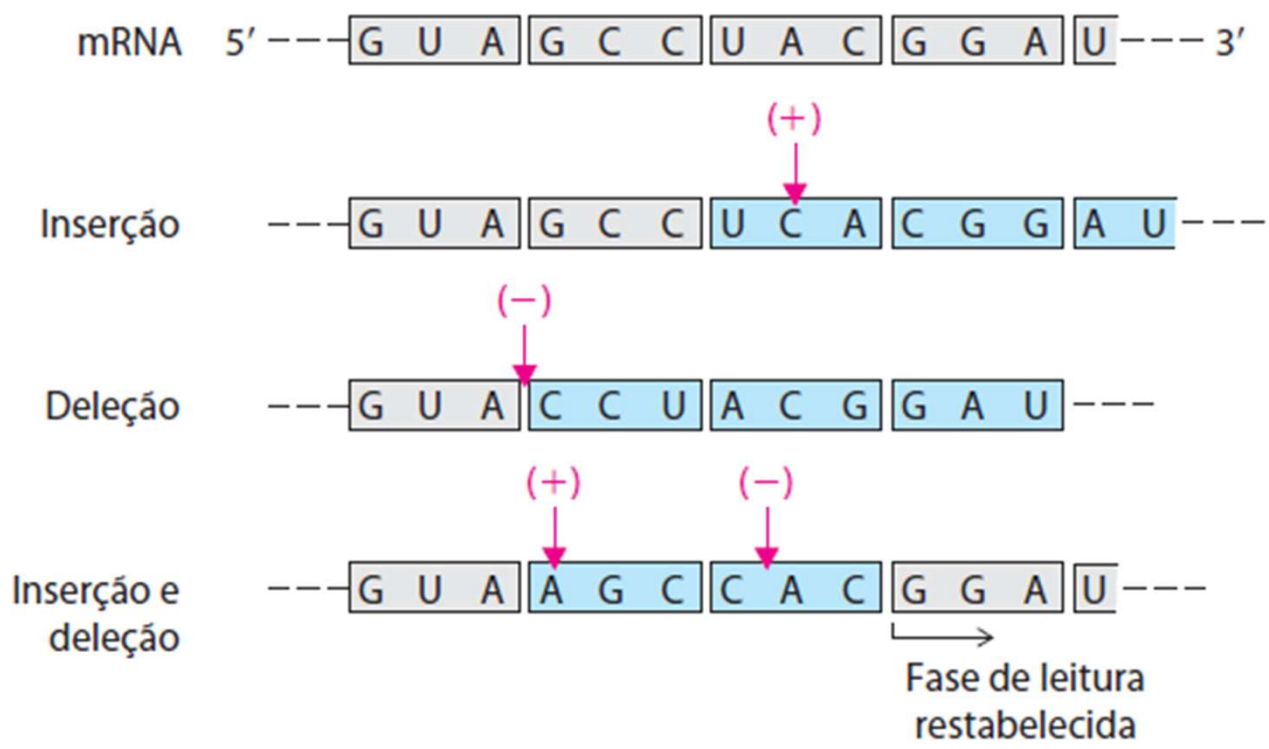
A U A | C G A | G U C | _ _ _ _
1 2 3

Código
sobreposto

A U A | C G A G U C
1

 2

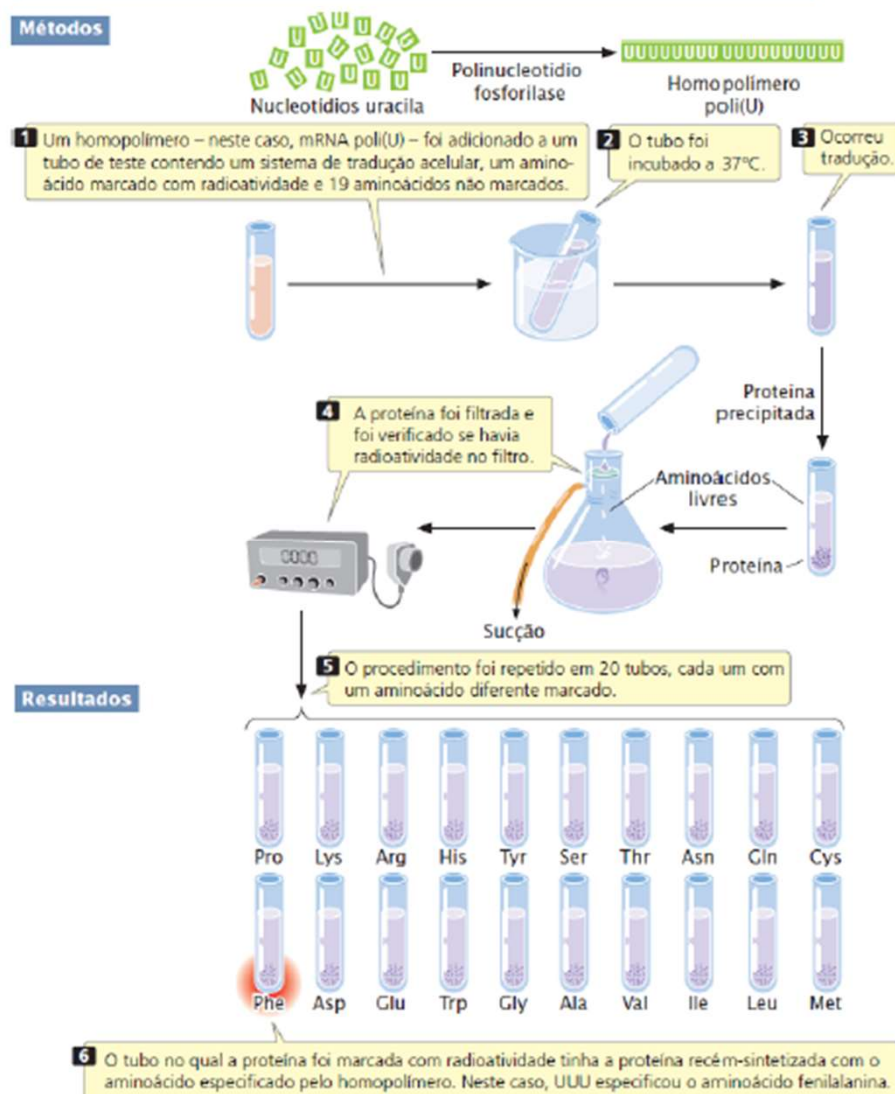
 3



Experimento

Pergunta: Quais aminoácidos são especificados pelos códons compostos por apenas um tipo de base?

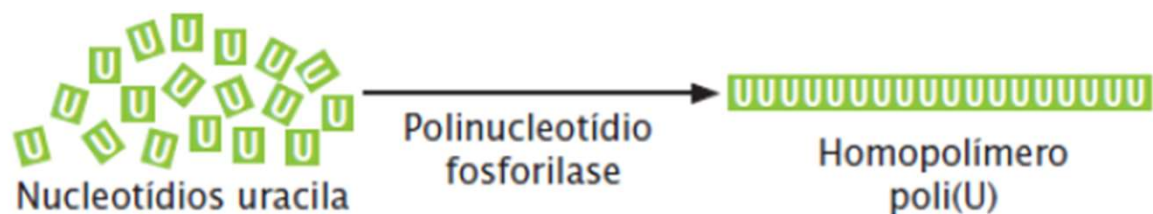
Métodos



Resultados

Conclusão: UUU codifica fenilalanina; em outros experimentos, AAA codificou lisina e CCC codificou prolina.

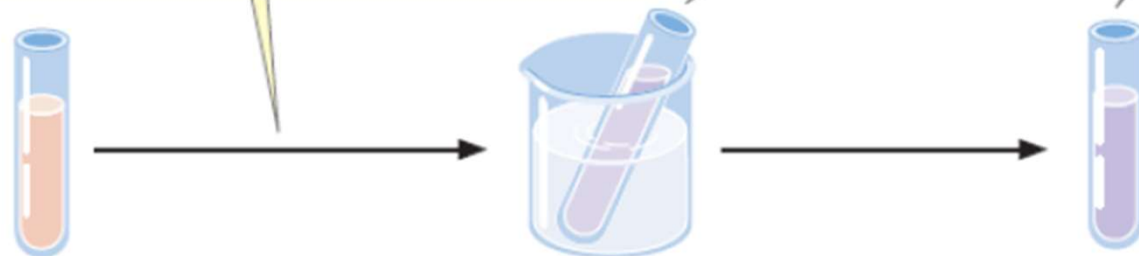
Métodos



1 Um homopolímero – neste caso, mRNA poli(U) – foi adicionado a um tubo de teste contendo um sistema de tradução acelular, um aminoácido marcado com radioatividade e 19 aminoácidos não marcados.

2 O tubo foi incubado a 37°C.

3 Ocorreu tradução.

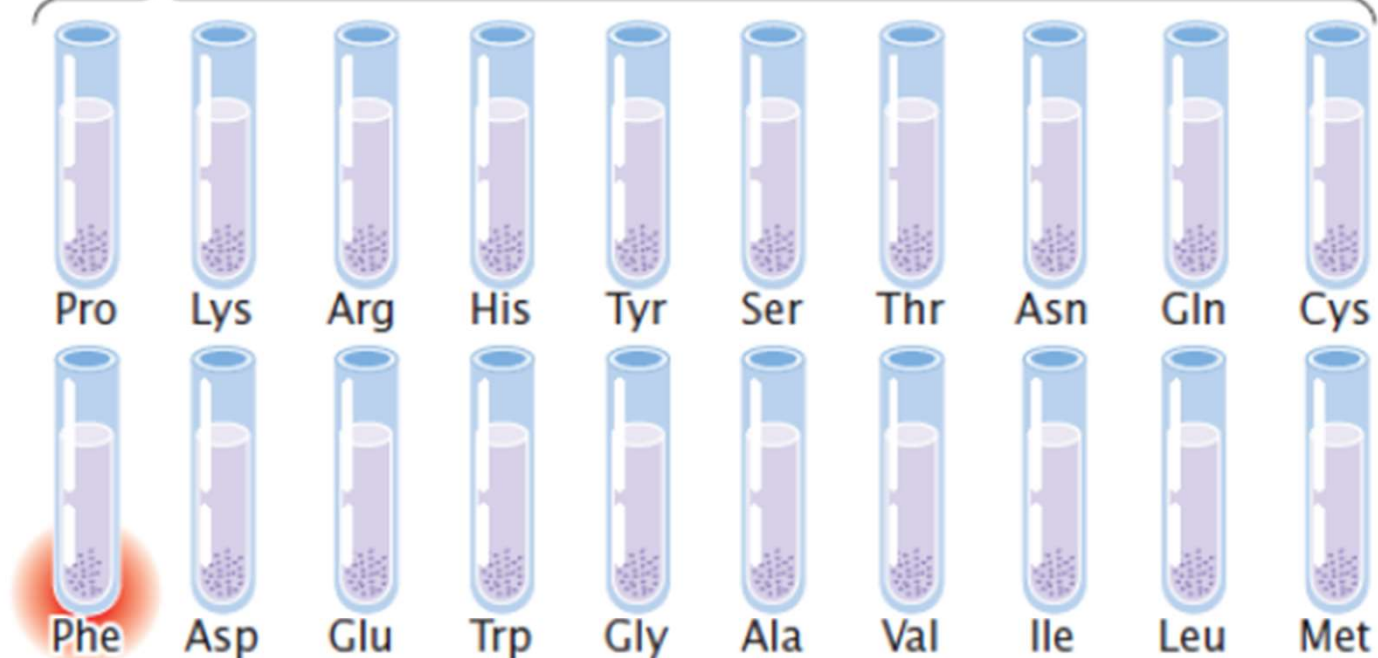


4 A proteína foi filtrada e foi verificado se havia radioatividade no filtro.



Resultados

5 O procedimento foi repetido em 20 tubos, cada um com um aminoácido diferente marcado.

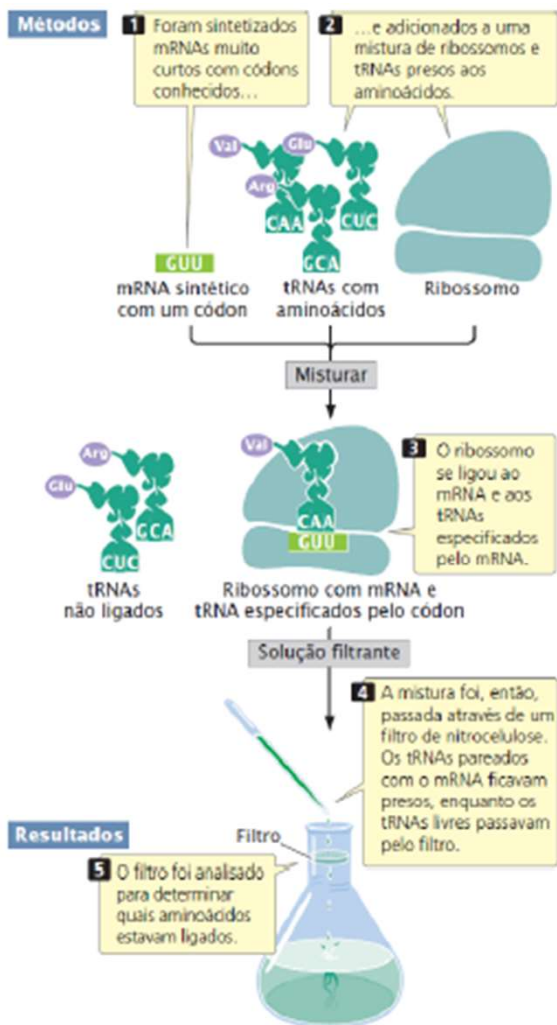


6 O tubo no qual a proteína foi marcada com radioatividade tinha a proteína recém-sintetizada com o aminoácido especificado pelo homopolímero. Neste caso, UUU especificou o aminoácido fenilalanina.

Conclusão: UUU codifica fenilalanina; em outros experimentos, AAA codificou lisina e CCC codificou prolina.

Experimento

Pergunta: Com o uso de tRNAs, quais outras combinações entre códons e aminoácidos poderiam ser determinadas?



Conclusão: Quando um mRNA com GUU foi adicionado, os tRNAs no filtro estavam ligados à valina; portanto, o códon GUU especifica valina. Muitos outros códons foram determinados usando este método.

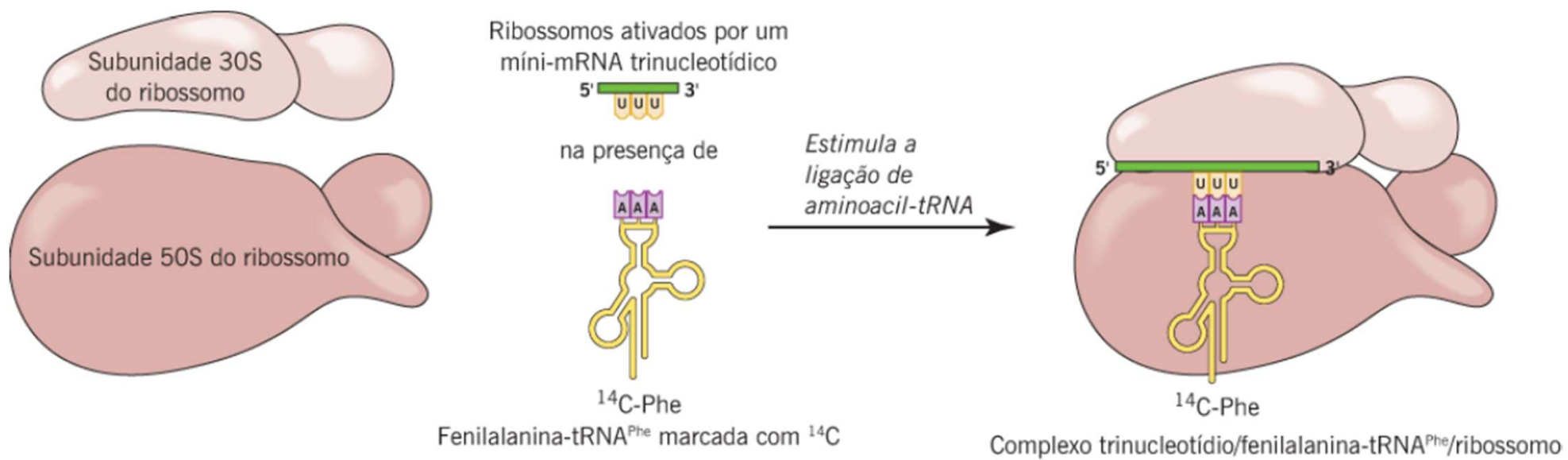


TABELA 27-2

Trinucleotídeos que induzem a ligação específica de aminoacil-tRNA aos ribossomos

Trinucleotídeo	Aumento relativo da ligação ao ribossomo de aminoacil-tRNA marcado com ^{14}C *		
	Phe-tRNA ^{Phe}	Lys-tRNA ^{Lys}	Pro-tRNA ^{Pro}
UUU	4,6	0	0
AAA	0	7,7	0
CCC	0	0	3,1

Fonte: Modificada de Nirenberg, M. & Leder, P. (1964) RNA code words and protein synthesis. *Science* **145**, 1399.



*Cada número representa o fator de aumento da quantidade de ^{14}C ligado quando o trinucleotídeo indicado estava presente, em relação ao controle sem trinucleotídeo.



Tabela 12.1

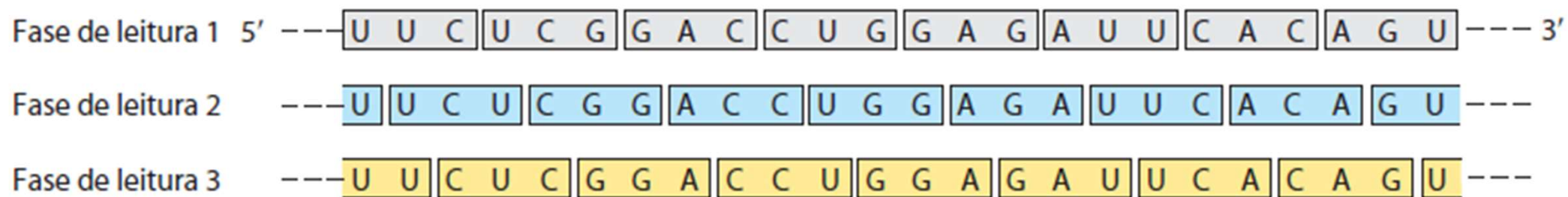
Código genético.^a

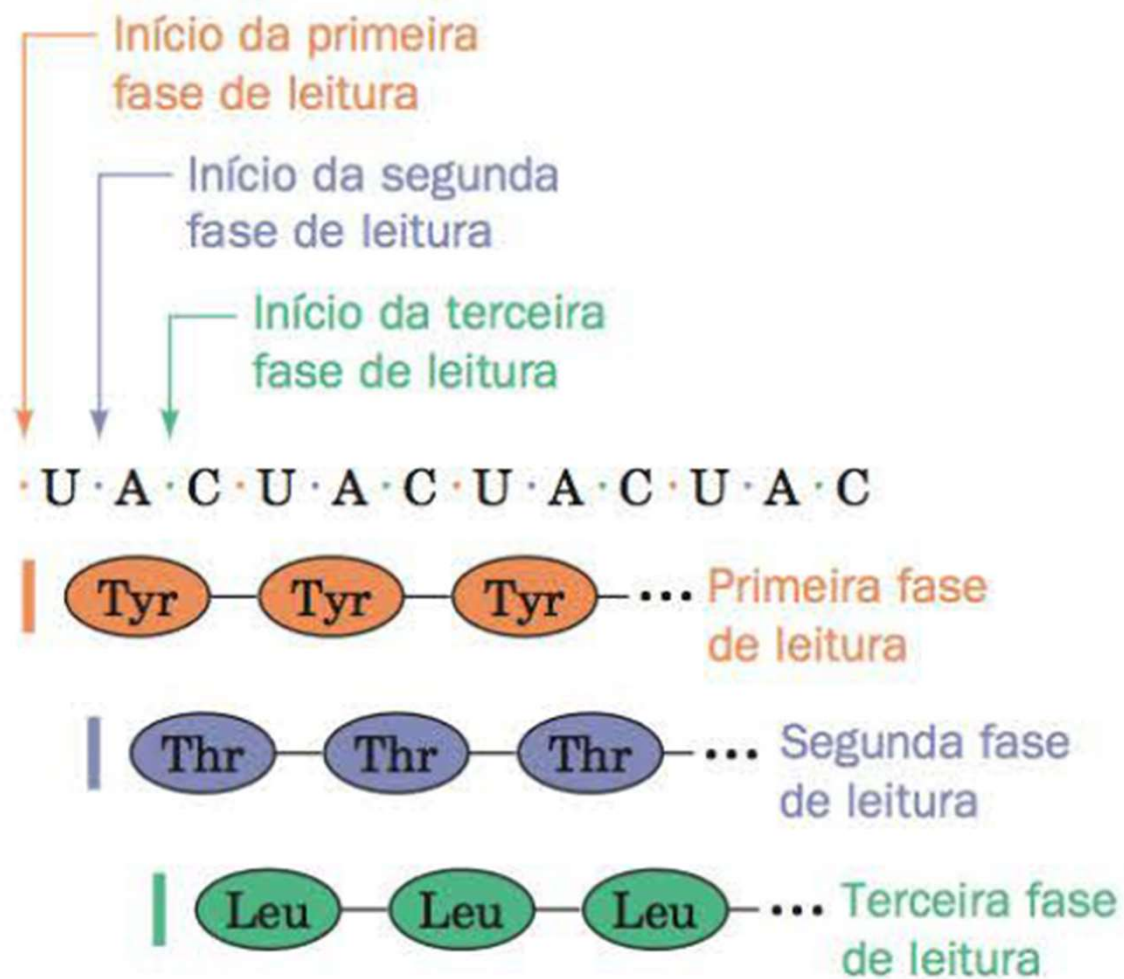
		Segunda letra				
		U	C	A	G	
Primeira letra (5')	U	UUU } Phe (F) UUC } UUA } Leu (L) UUG }	UCU } UCC } Ser (S) UCA } UCG }	UAU } Tyr (Y) UAC } UAA Parada (terminador) UAG Parada (terminador)	UGU } Cys (C) UGC } UGA Parada (terminador) UGG Trp (W)	U C A G
	C	CUU } CUC } Leu (L) CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro (P) CCA } CCG }	CAU } His (H) CAC } CAA } Gln (Q) CAG }	CGU } CGC } Arg (R) CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } AUC } Ile (I) AUA } AUG Met (M) (iniciador)	ACU } ACC } Thr (T) ACA } ACG }	AAU } Asn (N) AAC } AAA } Lys (K) AAG }	AGU } Ser (S) AGC } AGA } Arg (R) AGG }	U C A G
	G	GUU } GUC } Val (V) GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala (A) GCA } GCG }	GAU } Asp (D) GAC } GAA } Glu (E) GAG }	GGU } GGC } Gly (G) GGA } GGG }	U C A G

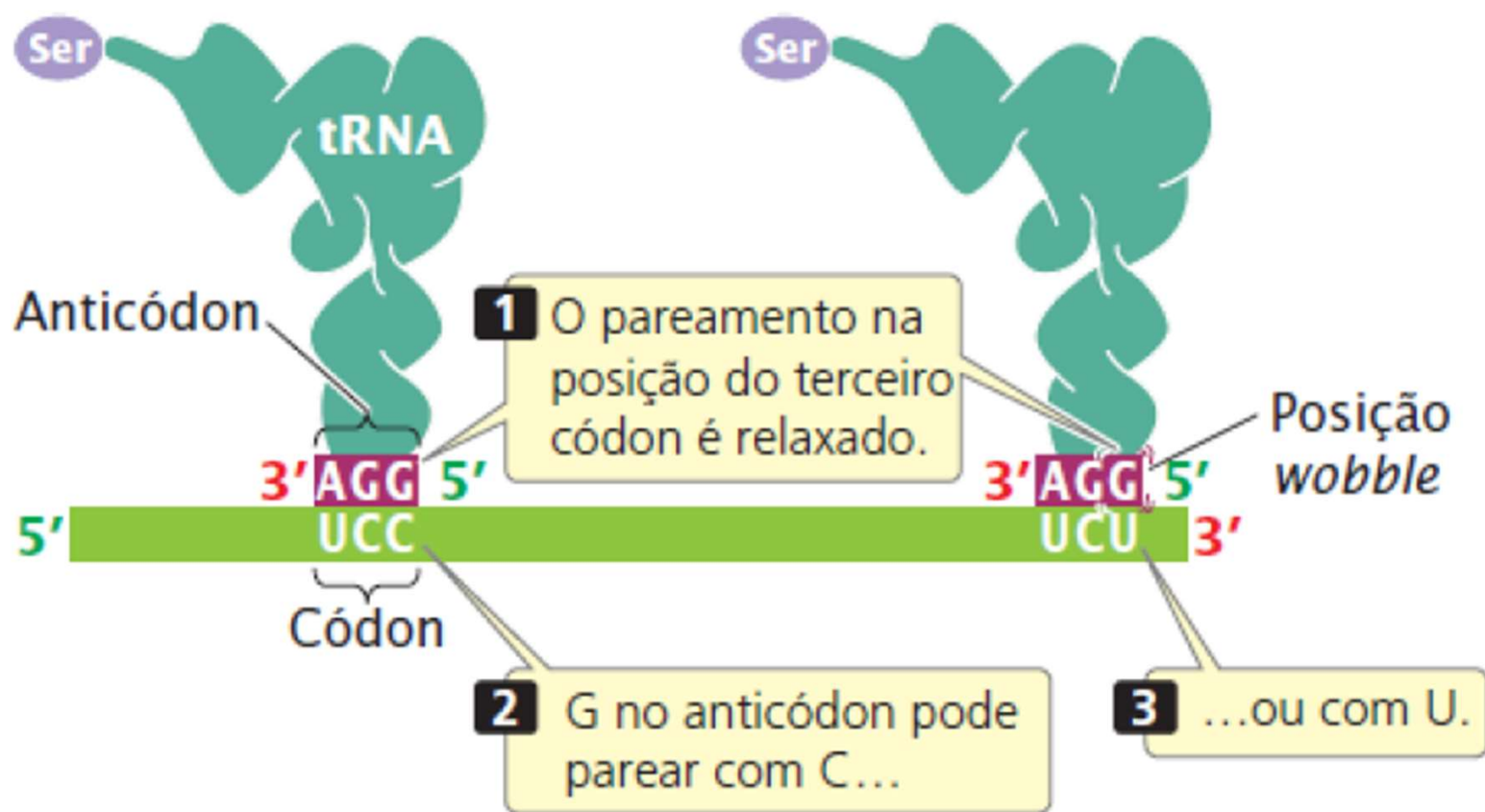
-  = Códon de iniciação da cadeia polipeptídica
-  = Códon de término da cadeia polipeptídica

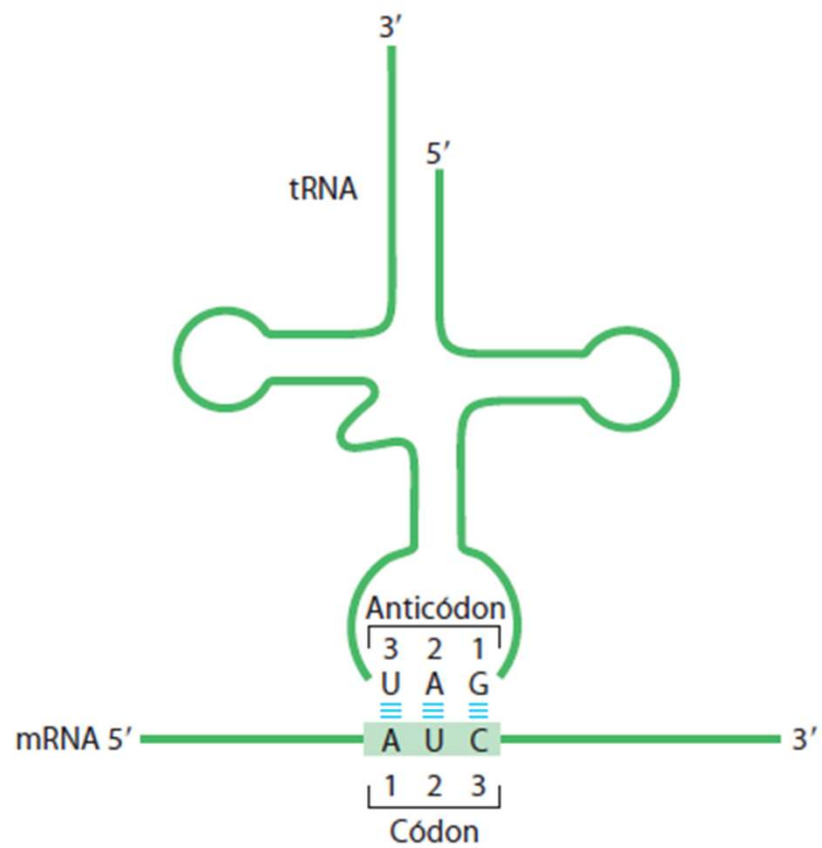
^aCada sequência trinucleotídica ou códon é a sequência nucleotídica no mRNA (não no DNA) que especifica a incorporação do aminoácido indicado ou o término da cadeia polipeptídica. Os símbolos de uma letra para os aminoácidos estão entre parênteses depois das abreviaturas padronizadas de três letras.

	AGA									UUA					AGC					
	AGG									UUG					AGU					
GCA	CGA						GGA			CUA				CCA	UCA	ACA			GUA	
GCC	CGC						GGC		AUA	CUC				CCC	UCC	ACC			GUC	
GCG	CGG	GAC	AAC	UGC	GAA	CAA	GGG	CAC	AUC	CUG	AAA		UUC	CCG	UCG	ACG		UAC	GUG	
GCU	CGU	GAU	AAU	UGU	GAG	CAG	GGU	CAU	AUU	CUU	AAG	AUG	UUU	CCU	UCU	ACU	UGG	UAU	GUU	
Ala	Arg	Asp	Asn	Cys	Glu	Gln	Gly	His	Ile	Leu	Lys	Met	Phe	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val	Término
A	R	D	N	C	E	Q	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V	

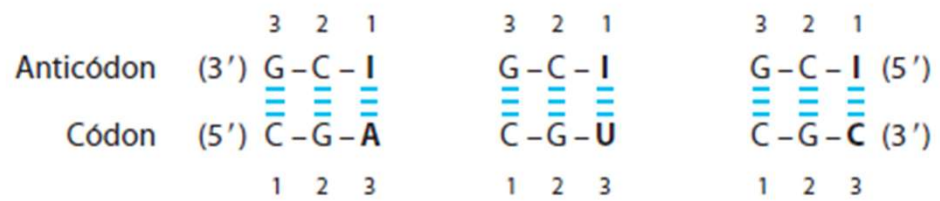








(a)

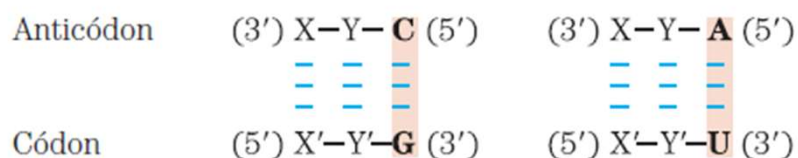


(b)

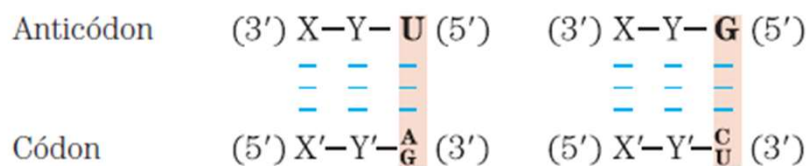
TABELA 27-4

Como a base oscilante do anticódon determina o número de códon que um tRNA pode reconhecer

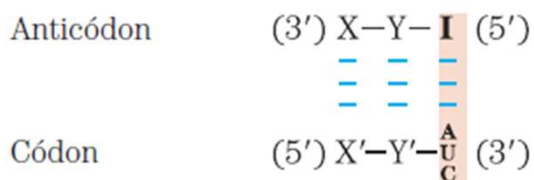
1. Um códon reconhecido:



2. Dois códon reconhecidos:



3. Três códon reconhecidos:



Nota: X e Y são bases complementares capazes de parear fortemente segundo o pareamento de Watson-Crick com X' e Y', respectivamente. As bases oscilantes – na posição 3' dos códon e 5' dos anticódon – estão sombreadas em branco.

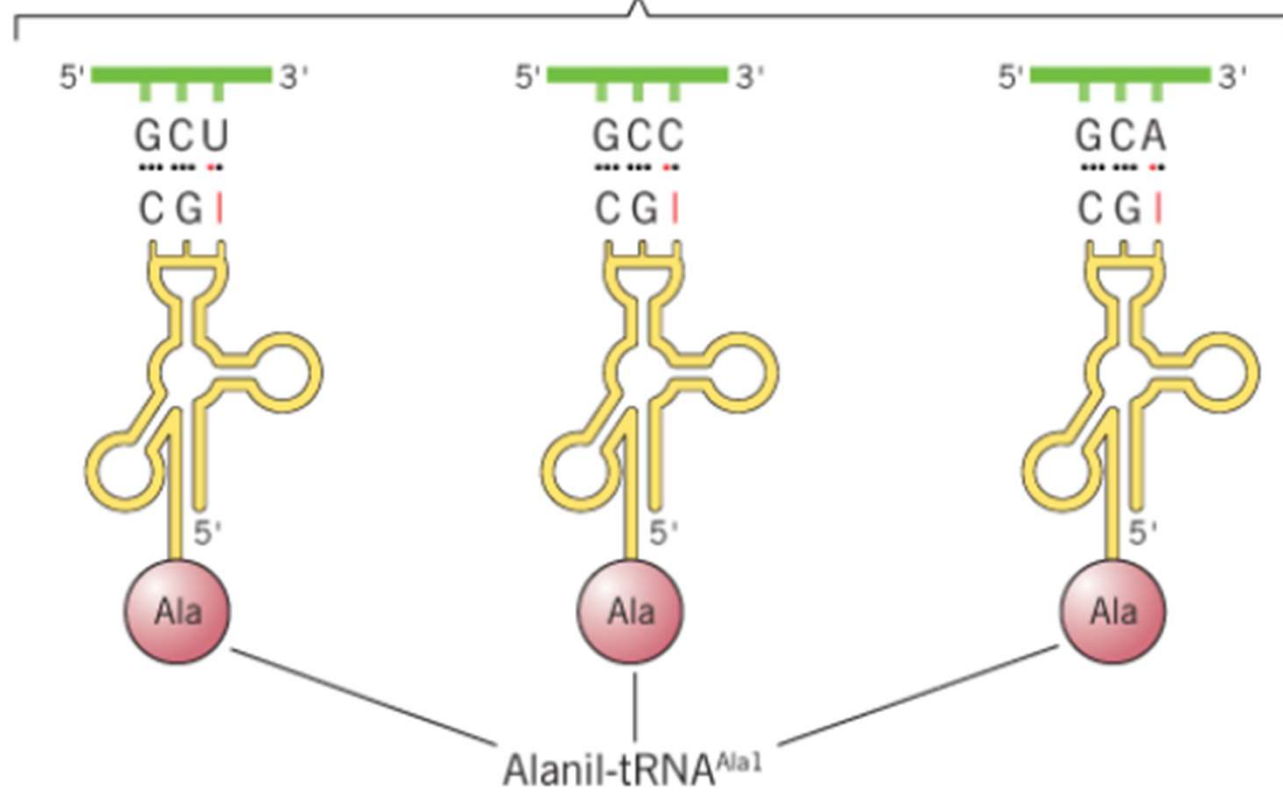


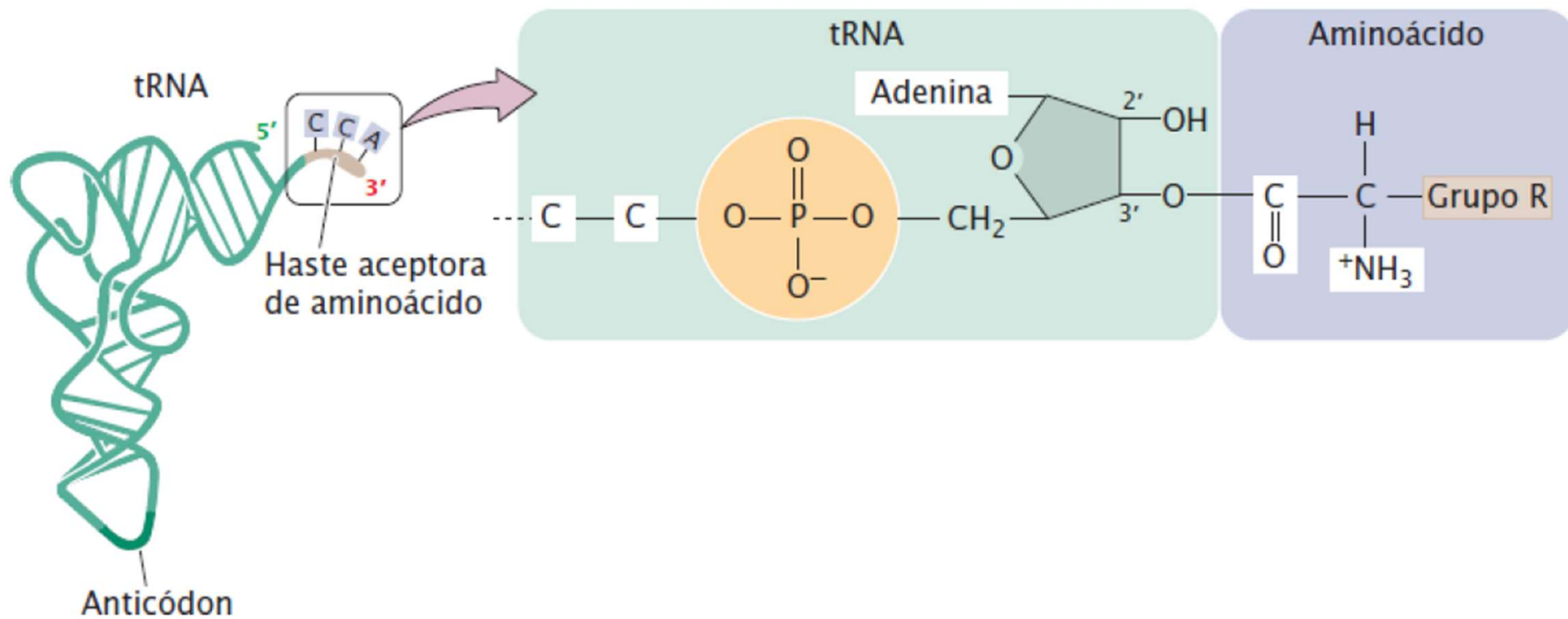
Tabela 12.2

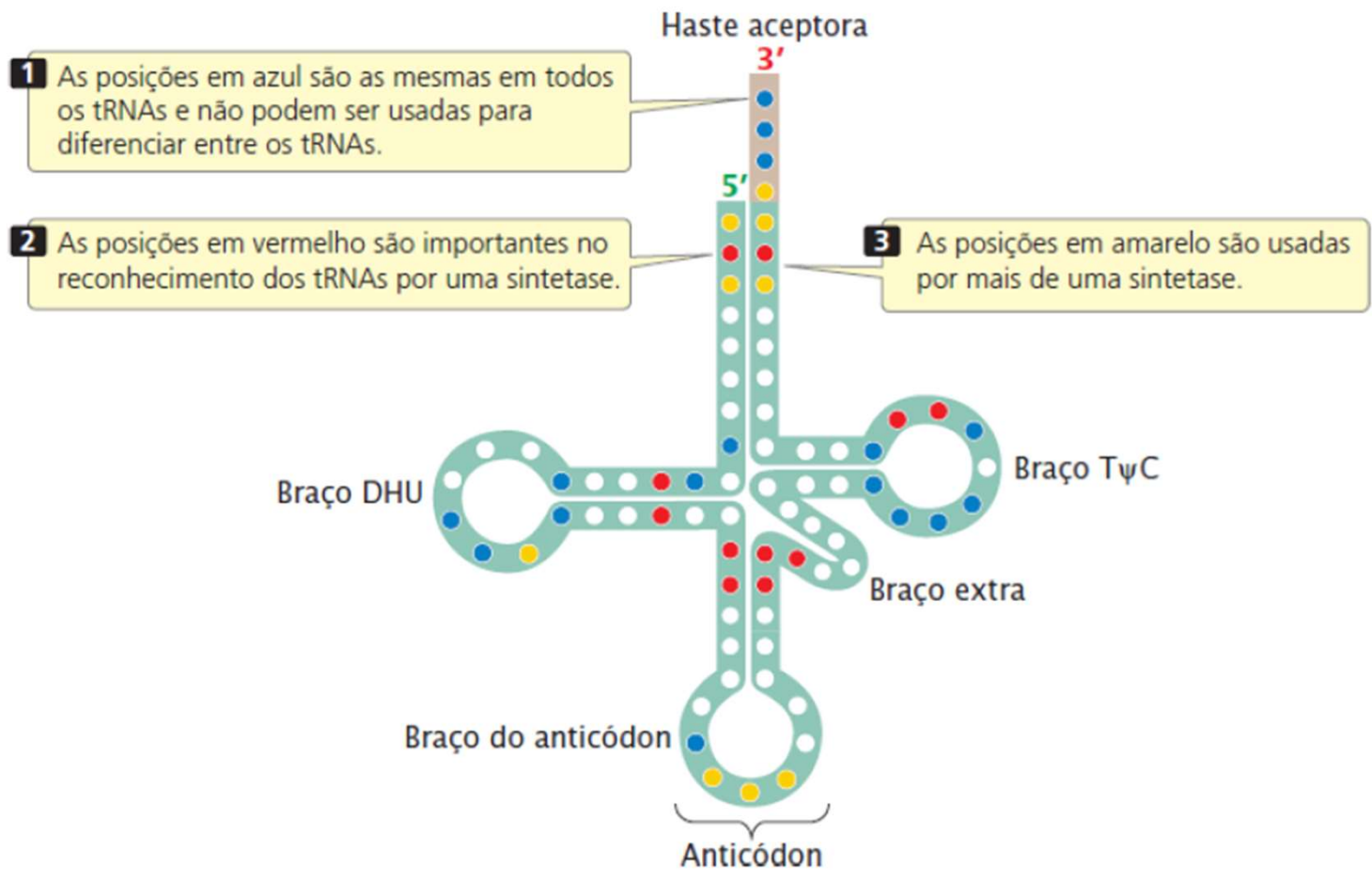
Pareamento entre a base 5' dos anticódons de tRNA e a base 3' dos códons de mRNA de acordo com a hipótese da oscilação.

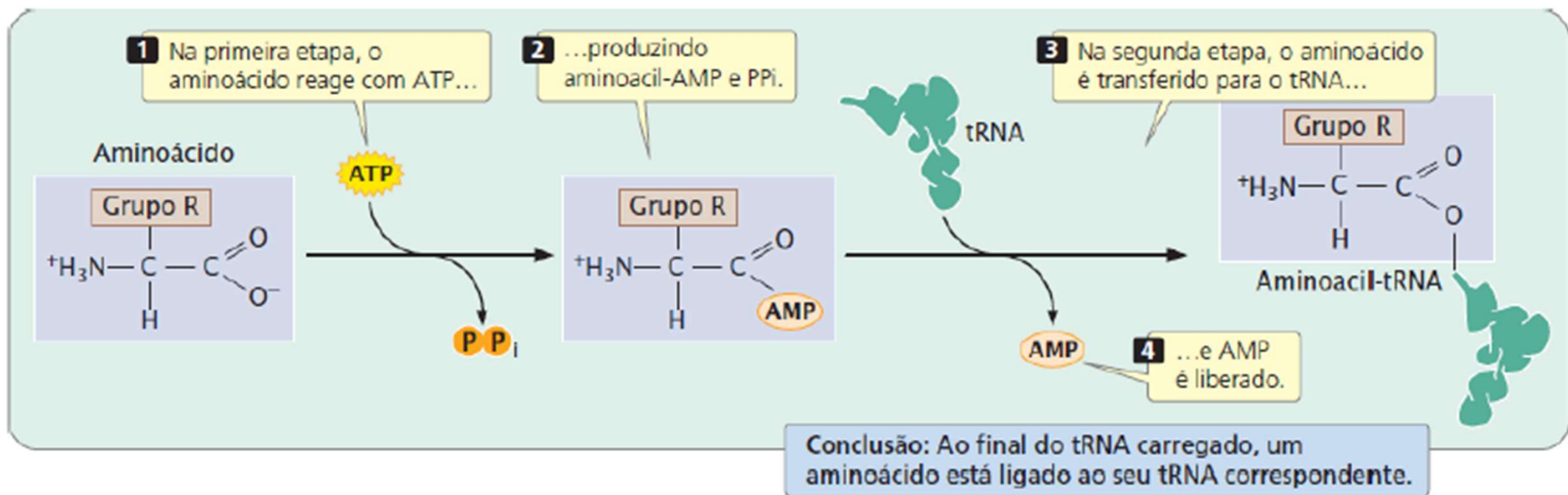
Base no anticódon	Base no códon
G	U ou C
C	G
A	U
U	A ou G
I	A, U ou C

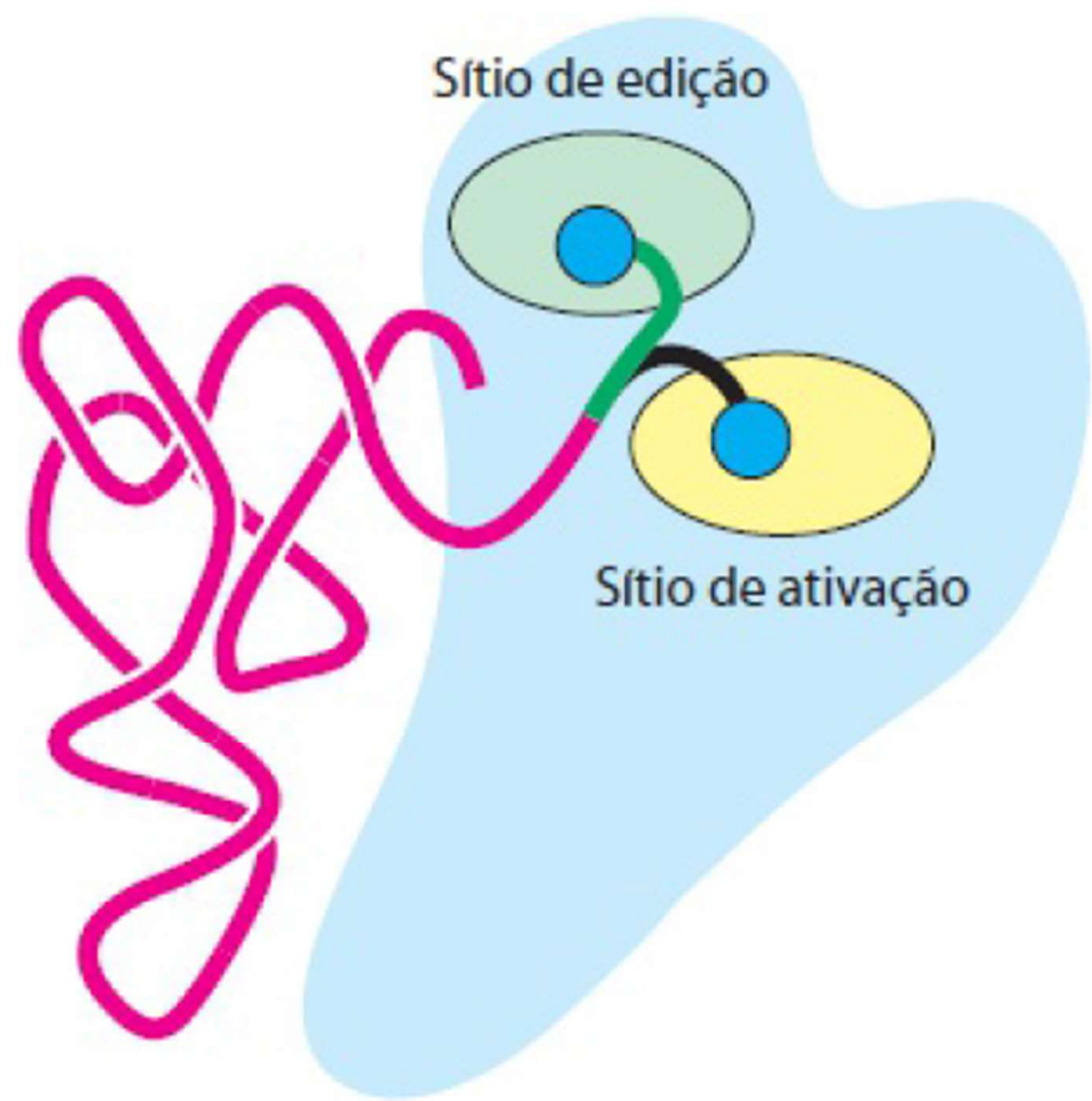
Códons de mRNA

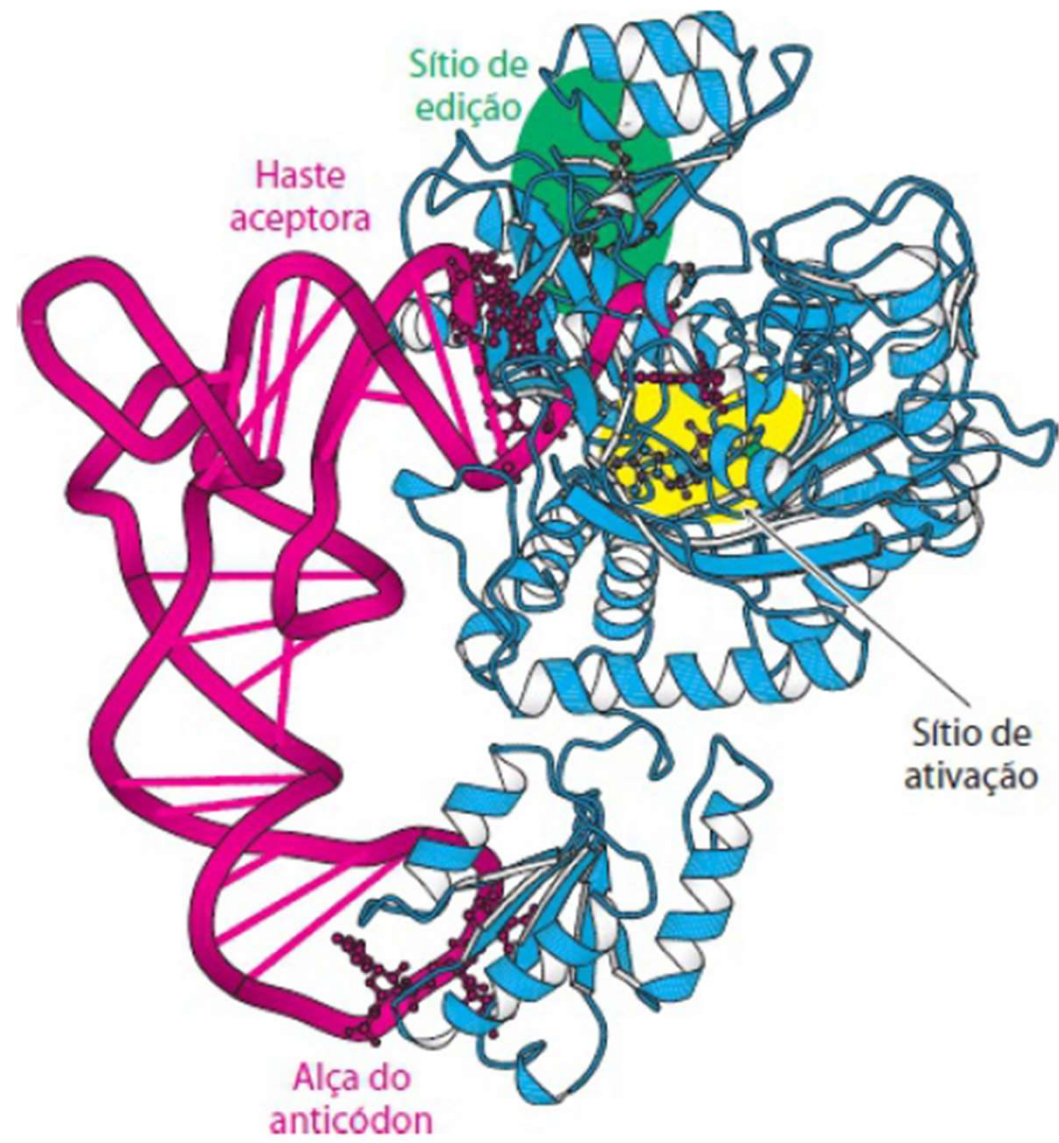




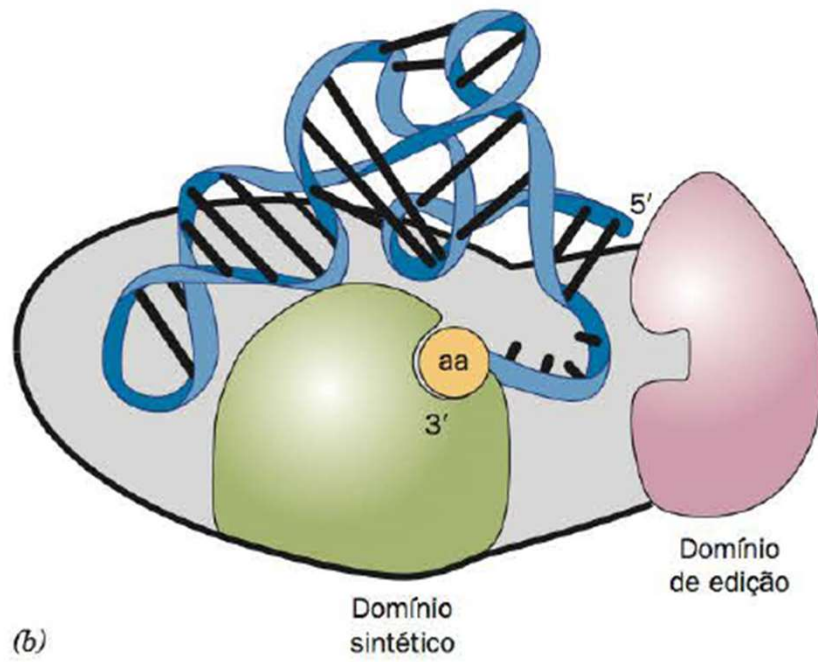




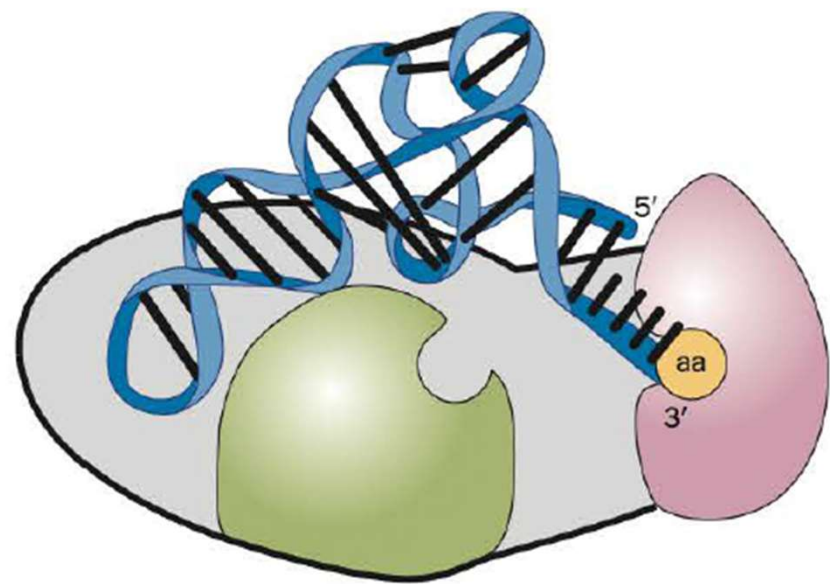




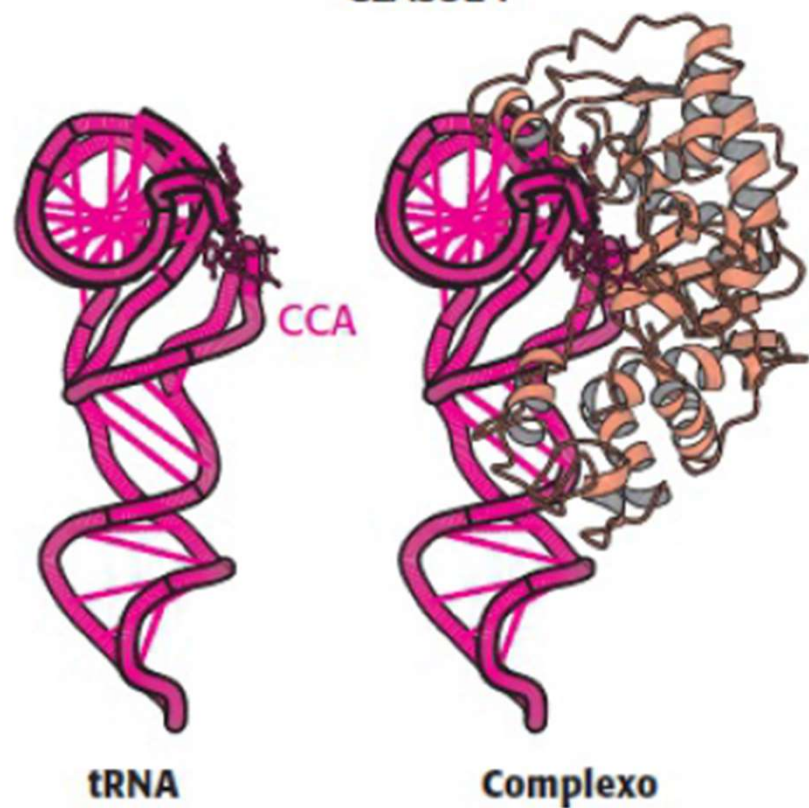
Modo sintético



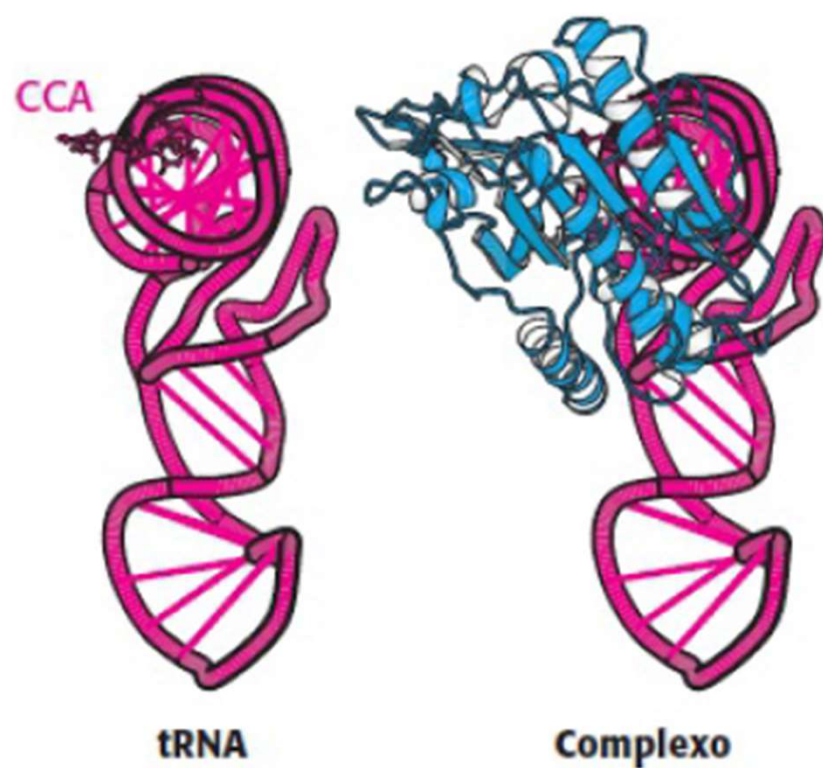
Modo de edição

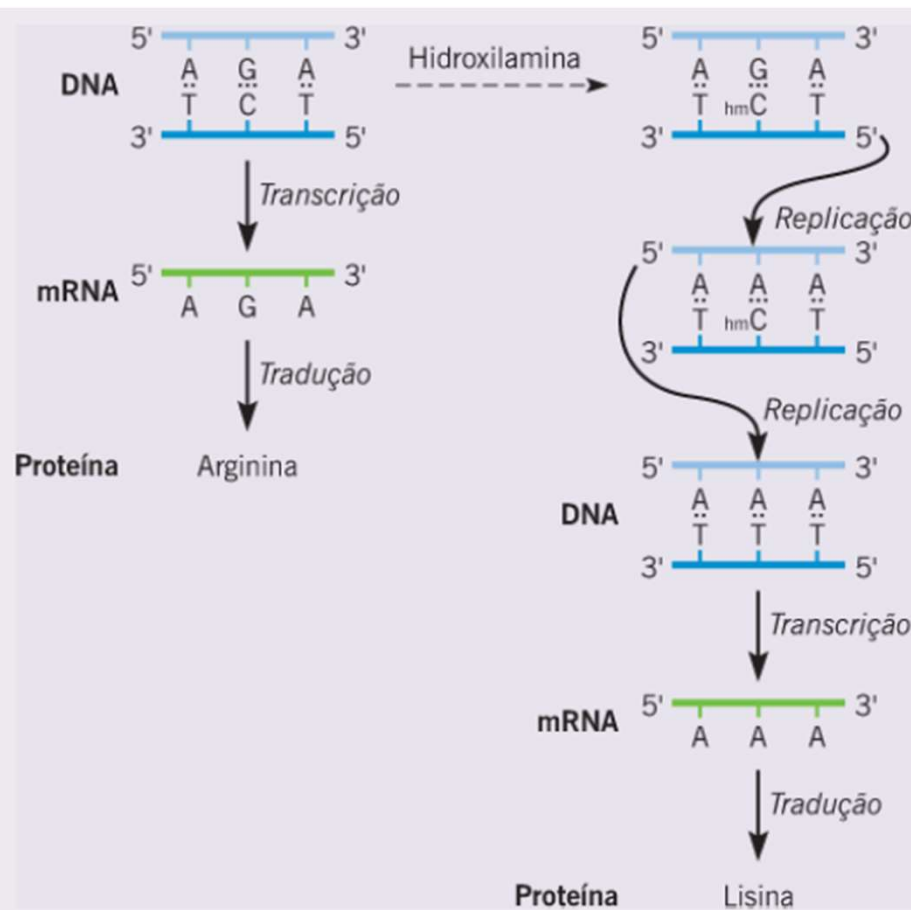


CLASSE I



CLASSE II





Os únicos aminoácidos especificados por códons que não têm alvos de substituição de aminoácidos induzida por hidroxilamina são fenilalanina (UUU e UUC), isoleucina (AUU, AUC e AUA), tirosina (UAU e UAC), asparagina (AAU e AAC) e lisina (AAA e AAG). Todos os outros aminoácidos são especificados por trinca de pares de bases de DNA que contêm um ou mais pares G.C, em que C é o alvo em potencial da mutagênese por hidroxilamina.