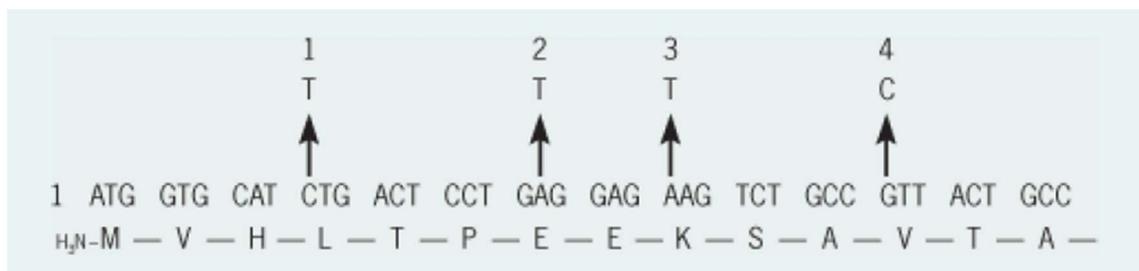


Exercícios – Código Genético e Tradução – QBQ1354

1. (a) Por que o código genético é um código triplo em vez de um código simples ou duplo?
(b) Quantos aminoácidos diferentes são especificados pelo código genético?
(c) Quantas seqüências de aminoácidos diferentes são possíveis em um polipeptídio com 146 aminoácidos de comprimento?

2. Se um segmento codificador do filamento molde de um gene (DNA) tem a seqüência 3'TACAAAGGGTTTCCC5', que seqüência de aminoácidos é produzida por sua transcrição e tradução?

3. Adiante são apresentados os primeiros 42 nucleotídeos, mostrados como trincas correspondentes aos códons de mRNA, no filamento não molde da região codificadora do gene HBB (β -globina) humano. Lembre-se de que o filamento não molde tem a mesma seqüência do mRNA, porém com T no lugar de U. Os 14 primeiros (aminoterminais) aminoácidos da β -globina humana nascente também são apresentados pelo código de uma letra. Em seguida, a metionina é removida para produzir a β -globina madura. Analise os possíveis efeitos fenotípicos das quatro substituições de nucleotídeos, numeradas de 1 a 4, adiante, quando presentes em homocigotos.



Que substituição deveria ter o maior efeito sobre o fenótipo? O segundo maior efeito? Nenhum efeito? Nenhum efeito ou um efeito muito pequeno?

4. Vários tRNAs têm os seguintes anticódons. Considere as regras de *wobble* e forneça todos os possíveis códons com os quais cada tRNA pode parear.

- 5-GGC-3'.
- 5-AAG-3'.
- 5-IAA-3'.
- 5-UGG-3'.
- 5-CAG-3'.

5. A hemoglobina das células falciformes tem um resíduo de Val na posição 6 da cadeia da *b*-globina, em vez do resíduo de Glu encontrado na hemoglobina das células falciformes tem um resíduo de Val na posição 6 da cadeia da *b*-globina, em vez do resíduo de Glu encontrado na hemoglobina A normal. Você seria capaz de prever qual mudança ocorreu no códon de DNA para glutamato que causou a substituição do Glu pela Val? hemoglobina A normal. Você seria capaz de prever qual mudança ocorreu no códon de DNA para glutamato que causou a substituição do Glu pela Val?

Genômica na Web em <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

O código genético é degenerado, com dois a seis códons especificando cada aminoácido, exceto a metionina e o triptofano.

1. Todos os códons especificadores de um determinado aminoácido são usados com igual frequência, ou alguns códons são usados com maior frequência que outros? Por exemplo, os códons UUA, UUG, CUU, CUC, CUA e CUG especificam leucina. Esses seis códons para leucina estão presentes com igual frequência nas regiões codificadoras dos mRNA?
2. Os seis códons especificadores da leucina são usados com igual frequência no mRNA transcrito a partir de genes nucleares humanos? De genes mitocondriais humanos? Esses códons são usados com a mesma frequência em genes nucleares e mitocondriais?
3. Os códons para leucina são usados com a mesma frequência aproximada em diferentes espécies, por exemplo, em células de seres humanos e na *E. coli*? Há alguma tendência no uso de códons (uso preferido de códons específicos) relacionada com o conteúdo AT/GC dos genomas de diferentes espécies?

Dica: A pesquisa nos bancos de dados do *site* do NCBI resultará em uma quantidade enorme de informações. Nesse caso, é possível obter informações mais acessíveis no *site* <http://www.kazusa.jp/codon>, que resume dados sobre o uso de códons em 35.799 organismos (muitos vírus). Esses dados são compilados do NCBI GenBank File Release 160.0 (15 de junho de 2007). No campo *Query*, digite *Homo sapiens* e clique em *Submit*. A busca mostrará dois resultados: (1) mitochondrion *Homo sapiens* e *Homo sapiens*. Ao clicar no primeiro, aparecerá um quadro de uso de códons em mitocôndrias humanas, e no segundo, um quadro de uso de códons em mRNA codificados por genes nucleares. Para obter dados de uso de códons de *E. coli* e de outras espécies de interesse basta digitar o nome da espécie no campo *Query*.