

GTA | Guião de Trabalho Autónomo n.º 9

BIOLOGIA E GEOLOGIA

11.º ANO

Tema 1: Crescimento, renovação e diferenciação celular

Subtema 2: Expressão da informação genética



PORQUÊ APRENDER SOBRE...?



O QUE VOU APRENDER?



COMO VOU APRENDER?



O QUE APRENDI?



COMO POSSO COMPLEMENTAR A APRENDIZAGEM?



PORQUÊ APRENDER SOBRE...?

Expressão da informação genética

Aplica o que aprendeste sobre os ácidos nucleicos e sobre a expressão da informação genética.



O QUE VOU APRENDER?

Caracterizar e distinguir os diferentes tipos de ácidos nucleicos em termos de composição, estrutura e função.

Explicar processos de replicação, transcrição e tradução, e realizar trabalhos práticos que envolvam leitura do código genético.

Relacionar a expressão da informação genética com as características das proteínas e o metabolismo das células.

Interpretar situações relacionadas com mutações génicas, com base em conhecimentos de expressão genética.



COMO VOU APRENDER?

GTA 6: Como se forma o RNA mensageiro?

GTA 7: Como é que as células traduzem o código genético?

GTA 8: Quais as consequências das mutações génicas?

GTA 9: Aplica e pratica

Tema 1: Crescimento, renovação e diferenciação celular**Subtema 2: Expressão da informação genética****GTA 9: Aplica e pratica****Objetivos:**

- Caracterizar e distinguir os diferentes tipos de ácidos nucleicos em termos de composição, estrutura e função.
- Explicar processos de replicação, transcrição e tradução, e realizar trabalhos práticos que envolvam leitura do código genético.
- Relacionar a expressão da informação genética com as características das proteínas e o metabolismo celular.
- Interpretar situações relacionadas com mutações génicas, com base em conhecimentos de expressão genética.

Modalidade de trabalho: individual.

Recursos e materiais: manual de Biologia, caderno diário.

Resolve, no caderno, os grupos de itens propostos.

Grupo I

O património genético de todas as células vivas está inscrito no seu DNA.

Nos seres eucariontes, o RNA sintetizado sofre um processamento ou maturação antes de abandonar o núcleo. Durante este processo, diversas secções do RNA, inicialmente transcritas, são removidas. Estas porções são chamadas intrões. As porções não removidas — exões — ligam-se entre si, formando um mRNA maduro, que será traduzido numa proteína.

Todavia, entre o DNA e as proteínas esconde-se um outro código, o que explica que, apesar de o DNA humano não conter mais do que uma vintena de milhares de genes, as nossas células retirem dele informação para fabricar centenas de milhares de proteínas diferentes.

Na Figura 1, está representado um processamento alternativo em que são produzidas duas moléculas diferentes de mRNA a partir do mesmo gene. Este processamento obedece a regras de um código bem preciso, que era até há pouco tempo inimaginável.

A partir de uma mesma sequência de DNA, a célula pode produzir não um, mas mais de uma dezena de mRNA diferentes. Em cada tecido, a célula reconhece, na sequência de um primeiro intrão, a informação que nesse momento conduz à conservação ou à supressão do exão seguinte. Eis aqui uma nova forma de controlar o código da vida, que permite à célula saber como processar o RNA pré-mensageiro, de acordo com o seu papel no organismo.



É graças a este processo que as células se distinguem umas das outras e ajustam os seus comportamentos às circunstâncias.

Na Figura 2, está representada a síntese de diferentes moléculas de mRNA a partir do mesmo gene, em diferentes tecidos. Assim, a partir de um único gene, o organismo é capaz de produzir diferentes proteínas, cuja funcionalidade é específica.

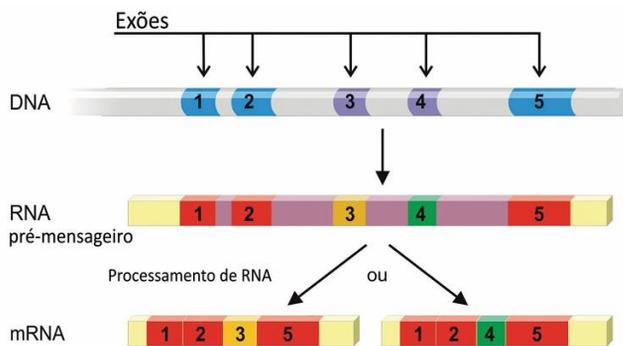


Figura 1 - Processamento alternativo em que são produzidas duas moléculas diferentes de mRNA a partir do mesmo gene. (Baseado em Campbell *et al.*, *Biology*, 2009).

Baseado em *Science & Vie*, outubro de 2010.

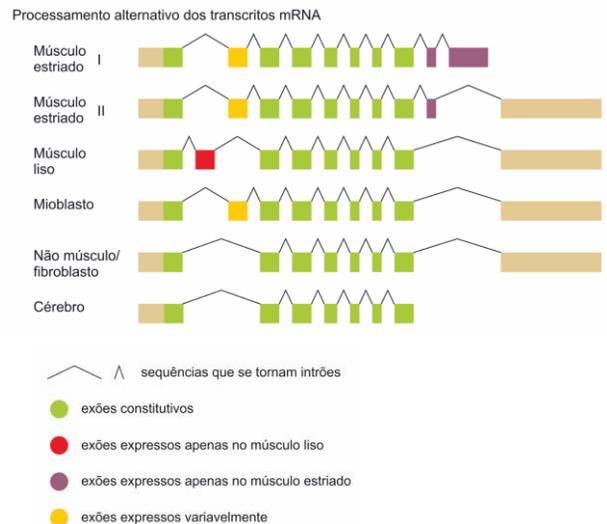


Figura 2 - Produção de diferentes moléculas de mRNA a partir do mesmo gene, em diferentes tecidos. (Baseado em Scott F. Gilbert, *Biologia do Desenvolvimento*, 2003).

Na resposta a cada um dos itens de 1 a 5 e 7, **seleciona** a única opção que permite obter uma afirmação correta.

Item 1

Um codão é um triplete de bases de

- (A) DNA que codifica apenas um aminoácido.
- (B) RNA que pode codificar mais do que um aminoácido.
- (C) DNA que pode codificar mais do que um aminoácido.
- (D) RNA que codifica apenas um aminoácido.

Item 2

O processamento alternativo consiste na remoção

- (A) apenas de intrões.
- (B) apenas de exões.
- (C) dos intrões e de alguns exões.
- (D) dos exões e de alguns intrões.



Item 3

Segundo o modelo do processamento alternativo, durante a diferenciação celular formam-se diferentes tipos de células, porque cada célula

- (A) possui diferentes tipos de genes.
- (B) pode expressar apenas genes diferentes.
- (C) pode expressar de forma diferente os mesmos genes.
- (D) possui um número diferente de genes.

Item 4

Numa célula eucariótica, a sequência dos acontecimentos que conduzem à síntese de uma proteína é

- (A) transcrição - processamento - ligação do mRNA aos ribossomas.
- (B) processamento - ligação do mRNA aos ribossomas - transcrição.
- (C) transcrição - ligação do mRNA aos ribossomas - processamento.
- (D) processamento - transcrição - ligação do mRNA aos ribossomas.

Item 5

Dada a sequência de nucleótidos 5' AATGCCTTG 3', pertencente a uma das cadeias de DNA, a sequência de nucleótidos da cadeia complementar é

- (A) 5' TTACGGAAC 3'.
- (B) 3' TTACGGAAC 5'.
- (C) 5' UUACGGAAC 3'.
- (D) 3' UUACGGAAC 5'.

Item 6

Classifica as afirmações como verdadeiras ou falsas.

- I. Diferentes tecidos utilizam o processamento alternativo para gerar transcritos específicos.
- II. Os exões constitutivos, representados na Figura 2, são expressos em todos os tipos de células.
- III. O músculo estriado utiliza os mesmos exões que o cérebro para produzir mRNA.
- IV. Os exões expressos variavelmente são removidos no músculo liso, mas mantêm-se no músculo estriado.
- V. O processamento alternativo do mRNA contribui para a especialização celular.
- VI. Para este gene, qualquer dos exões pode ser expresso nos vários tecidos.



Item 7

O percurso sequencial das proteínas, desde que são sintetizadas até à sua secreção pela célula, é

- (A) complexo de Golgi - vesículas de exocitose - retículo endoplasmático rugoso.
- (B) retículo endoplasmático rugoso - vesículas de exocitose - complexo de Golgi.
- (C) complexo de Golgi - retículo endoplasmático rugoso - vesículas de exocitose.
- (D) retículo endoplasmático rugoso - complexo de Golgi - vesículas de exocitose.

Item 8

Explica, de que modo o processo de inibição da transcrição de genes e o processamento alternativo, contribuem para a expressão de proteínas específicas em diferentes tipos de células.

Texto, imagens e itens 1 a 5, 7 e 8, adaptados de: Exame Nacional de Biologia e Geologia, 2011, 1.ª fase, Grupo II, GAVE.

Grupo II

A nutrição é um processo essencial para a sobrevivência do indivíduo. Quando a alimentação é insuficiente, surge uma forma de desnutrição designada como deficiência calórico-proteica.

Para sintetizar as suas proteínas, o ser humano necessita de vinte aminoácidos distintos. Destes vinte, oito são considerados essenciais, visto que não é possível sintetizá-los, sendo obtidos através da alimentação.

A redução da síntese proteica, em situação de malnutrição, leva à diminuição da quantidade de proteínas do plasma sanguíneo, baixando a sua pressão osmótica. A doença de Kwashiorkor, que vitima essencialmente crianças após o desmame, é um caso de deficiência calórico-proteica severa, que se manifesta através de um edema (retenção de líquidos) na zona abdominal, vulgarmente designada como «barriga de água».

Considera o fragmento do gene que codifica uma proteína humana (proteína X) e os codões de alguns aminoácidos (Tabela 1):

Fragmento do gene que codifica a proteína X.

3' ...CGACGTACCCCT... 5'

Aminoácido	Codão (codões)
Alanina (Ala)	GCU; GCC; GCA; GCG
Glicina (Gli)	GGA; GGG; GGC; GGU
Arginina (Arg)	CGA; CGC
Metionina (Met)	AUG
Triptofano (Trp)	UGG

Tabela 1



Na resposta a cada um dos itens de 1 a 4, **seleciona** a única opção que permite obter uma afirmação correta.

Item 1

A sequência de aminoácidos codificada pelo fragmento do gene representado é

- (A) Met-Gli-Ala-Trp.
- (B) Ala-Ala-Trp-Gli.
- (C) Arg-Arg-Met-Gli.
- (D) Arg-Ala-Gli-Trp.

Item 2

Se ocorrer uma mutação no fragmento do gene apresentado, que o altere para 3'...CGACGTACCC... 5', a proteína X

- (A) perde a sua funcionalidade.
- (B) deixa de ser sintetizada.
- (C) mantém as suas características.
- (D) fica com a sua estrutura alterada.

Item 3

A síntese de um polipeptídeo a partir da informação de um gene implica a

- (A) replicação semiconservativa da informação genética.
- (B) transcrição do gene para moléculas de RNA de transferência.
- (C) leitura aleatória do RNA mensageiro no citoplasma.
- (D) tradução da sequência de codões do RNA mensageiro processado.

Item 4

Os tRNA que transportam os aminoácidos metionina e triptofano apresentam, respetivamente, os anticodões

- (A) UAC e ACC.
- (B) AUG e UGG.
- (C) UAC e CCA.
- (D) UAC e ACC.

Item 5

Explica, com base na redundância do código genético, por que razão nem sempre as mutações têm efeitos na síntese proteica.

Texto e itens 1 a 3 adaptados de: Teste intermédio de Biologia e Geologia, 11.º ano, março de 2009, Grupo III, GAVE.



Grupo III

Nos eucariontes, o DNA genômico, forma um complexo com proteínas nucleares – a cromatina. Para que um gene seja transcrito, a cromatina deve sofrer uma reorganização.

Uma perturbação, ainda que transitória, pode repercutir-se no estado da cromatina, influenciando a expressão dos genes e, conseqüentemente, as características das células.

Trabalhos recentes revelaram que a manipulação do metabolismo pode influenciar o decurso da diferenciação celular.

Observou-se, em ratos de laboratório, que o regime alimentar do progenitor modifica o metabolismo dos lípidos, nomeadamente do colesterol, da sua descendência. A análise molecular revelou que as mudanças metabólicas eram acompanhadas de modificações da cromatina nas regiões genômicas onde estão localizados os genes reguladores da biossíntese dos lípidos. Estas observações apoiam a ideia de que o regime alimentar influencia o estado da cromatina e a expressão dos genes transmissíveis às gerações seguintes.

Baseado em A. Páldi, «Épigénétique et métabolisme», *Dossier pour la Science*, 81, outubro, 2013.

Na resposta a cada um dos itens de 1 a 4, **seleciona** a única opção que permite obter uma afirmação correta.

Item 1

Nos eucariontes, durante a transcrição, verifica-se

- (A) a descodificação da informação genética nos ribossomas.
- (B) a ligação entre bases complementares do mRNA e do rRNA.
- (C) a transferência da informação genética para o pré-mRNA.
- (D) a formação de moléculas de rRNA ao nível do citoplasma.

Item 2

De acordo com os dados apresentados, o regime alimentar dos progenitores condicionou o metabolismo dos lípidos na descendência, ao alterar

- (A) sequências nucleotídicas de genes nas células somáticas.
- (B) o estado da cromatina de células germinativas.
- (C) sequências nucleotídicas de genes nas células germinativas.
- (D) o estado da cromatina de células somáticas.

Item 3

A cromatina

- (A) é formada apenas por DNA.
- (B) é formada por DNA e proteínas nucleares.
- (C) não sofre reorganização durante a transcrição.
- (D) existe tanto em procariontes como em eucariontes.



Item 4

A biossíntese dos lípidos ocorre em vias _____, com _____ de ATP.

- (A) catabólicas ... produção
- (B) anabólicas ... produção
- (C) catabólicas ... consumo
- (D) anabólicas ... consumo

Item 5

Faz **corresponder** cada uma das descrições expressas na coluna A à respetiva designação, que consta da coluna B.

Coluna A	Coluna B
<p>(a) Macromolécula responsável pela transcrição do DNA.</p> <p>(b) Molécula que possui uma sequência de ribonucleótidos complementar de um codão.</p> <p>(c) Monómero que entra na constituição de um polipéptido.</p> <p>(d) Polirribonucleótido que contém informação para a síntese de um polipéptido.</p> <p>(e) Sequência de desoxirribonucleótidos que contém informação para a síntese de uma proteína.</p>	<p>(1) Aminoácido</p> <p>(2) DNA</p> <p>(3) DNA polimerase</p> <p>(4) Gene</p> <p>(5) RNA de transferência</p> <p>(6) RNA mensageiro</p> <p>(7) RNA polimerase</p> <p>(8) RNA ribossómico</p>

Texto e itens 1, 2, 4 e 5 adaptados de: Exame de Biologia e Geologia, 2014, 2.^a fase, Grupo IV, IAVE.



PROPOSTA DE RESOLUÇÃO

Grupo I

Item 1

Codão é a designação dada a uma sequência de três bases nitrogenadas da molécula de **RNA mensageiro**. Cada codão codifica apenas **um aminoácido** (o código genético não é ambíguo).

Resposta: opção D.

Item 2

O processamento do pré-mRNA nas células eucarióticas consiste na remoção de intrões (sequências não codificantes). No processamento alternativo, para além dos **intrões**, são removidos também **alguns exões** (sequências codificantes).

Resposta: opção C.

Item 3

As células apresentam o **mesmo número e tipo de genes**. Durante a diferenciação celular, através de mecanismos como o processamento alternativo, células de diferentes tecidos expressam de forma diferente os mesmos genes, o que origina diferentes proteínas.

Resposta: opção C.

Item 4

Numa célula eucariótica, a primeira etapa da síntese proteica consiste na **transcrição** da informação genética do DNA para uma molécula de pré-mRNA. Segue-se a remoção de intrões durante o **processamento** do pré-mRNA, formando-se o RNA maduro. Esta molécula migra para o citoplasma onde se **liga aos ribossomas** para ser traduzida numa cadeia polipeptídica.

Resposta: opção A.

Item 5

As duas cadeias de DNA são **complementares**: adenina (A) emparelha com timina (T) e a citosina (C) emparelha com a guanina (G). As cadeias são **antiparalelas**: uma das cadeias está orientada no sentido 5'-3' e a outra no sentido 3'-5' (3' e 5' refere-se à numeração dos carbonos das pentoses). Assim, a sequência complementar e antiparalela da sequência dada é: 3' TTACGGAAC 5'.

Resposta: opção B.

Item 6

I. No processamento alternativo do mesmo pré-mRNA, que ocorre em diferentes tecidos, são removidos alguns exões, como se pode ver na Figura 2. Como resultado, são produzidas **mRNA (transcritos) específicos** em cada tipo de tecido. A afirmação é verdadeira.



II. Os **exões constitutivos** estão presentes em todas as moléculas de mRNA dos tecidos representados na Figura 2, o que indica que serão expressos em todas as células desses tecidos. A afirmação é verdadeira.

III. Embora o músculo estriado e o cérebro compartilhem vários exões constitutivos, existem **exões específicos** que são expressos apenas nas células do músculo estriado. A afirmação é falsa.

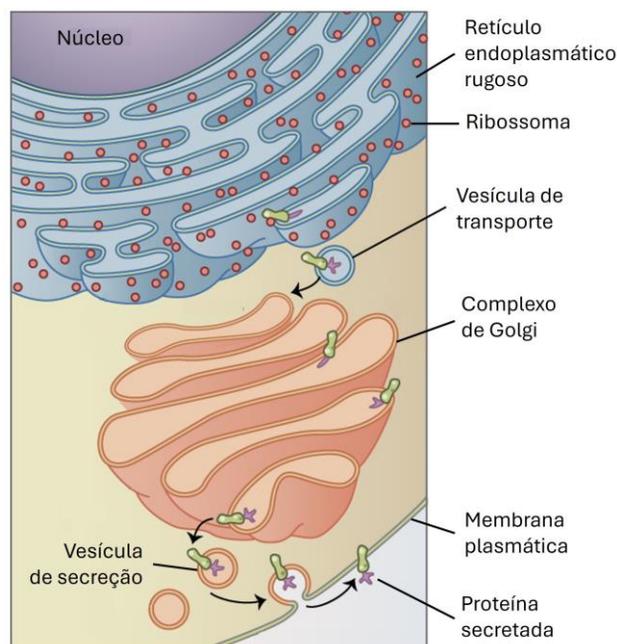
IV. A Figura 2 mostra que os **exões expressos variavelmente** estão presentes no mRNA do músculo estriado, mas não no mRNA do músculo liso, o que significa que foram removidos durante o processamento alternativo. A afirmação é verdadeira.

V. Através do processamento alternativo, um único gene pode originar proteínas distintas em células de diferentes tecidos. Este mecanismo contribui para **especialização celular**. A afirmação é verdadeira.

VI. De acordo com a Figura 2, existem **exões específicos** que são expressos apenas no músculo liso e exões específicos expressos apenas no músculo estriado. Estes exões não são expressos em nenhum dos outros tecidos. A afirmação é falsa.

Item 7

As proteínas são sintetizadas ao nível dos ribossomas do **retículo endoplasmático rugoso**. São transportadas em vesículas até ao **Complexo de Golgi** onde ocorre a sua maturação. As proteínas abandonam o Complexo de Golgi em **vesículas de exocitose**, que se fundem com a membrana plasmática permitindo a sua saída da célula (secreção).



Resposta: opção D.

Figura 3 – Percurso das proteínas desde que são sintetizadas até à sua secreção pela célula. (Adaptado de OpenStax, *Anatomy and Physiology*, <https://openstax.org/books/anatomy-and-physiology/pages/3-2-the-cytoplasm-and-cellular-organelles>.)



Item 8

Num organismo multicelular, todas as células somáticas têm o mesmo genoma, no entanto, apresentam estrutura e funções distintas, consoante o tecido a que pertencem.

Na transcrição, primeira etapa da síntese proteica, o gene é copiado para uma molécula de mRNA. A inibição da transcrição de genes específicos impede a sua expressão e a consequente produção de proteínas desnecessárias às células desse tecido.

No processamento alternativo do mRNA, a partir do mesmo gene e, através da remoção diferencial de exões, células de diferentes tecidos podem produzir diferentes proteínas.

Grupo II

Item 1

Para obter a sequência de aminoácidos, a partir do fragmento de DNA, é preciso:

- fazer a sua transcrição e obter a sequência de **mRNA complementar**:

5'...GCUGCAUGGGGA...3'.

- determinar, usando a Tabela 1, quais são os **aminoácidos** correspondentes aos codões do mRNA:

Ala-Ala-Trp-Gli.

Resposta: opção B.

Item 2

A mutação consiste na substituição de um nucleótido de **timina** por um nucleótido de **citossina**, no último triplete do fragmento de DNA.

O codão complementar ao triplete CCC será **GGG**, que codifica o aminoácido **glicina**.

Trata-se de uma mutação silenciosa, uma vez que é traduzido o mesmo aminoácido na cadeia peptídica, **não surgindo alterações na proteína sintetizada**.

Resposta: opção C.

Item 3

A síntese de um polipeptídeo, a partir da informação do gene, implica a **transcrição** do gene para **mRNA** que, uma vez **processado**, será lido e **traduzido** em aminoácidos de acordo com a **sequência dos codões**.

Resposta: opção D.



Item 4

O anticodão do tRNA é complementar do codão no mRNA. Assim, no caso da metionina (Met), o codão é AUG, logo o anticodão será **UAC**. Para o triptofano (Trp), o codão é UGG, logo o anticodão será **ACC**.

Resposta: opção A.

Item 5

A **redundância** (ou degenerescência) é uma das características do código genético e refere-se ao facto de existirem vários codões que podem codificar o mesmo aminoácido. Por exemplo, a glicina é codificada por quatro codões que diferem na base do 3.º nucleótido.

Graças à redundância, uma mutação no DNA que leve à substituição de um nucleótido por outro, pode não ter efeitos na sequência de aminoácidos, não alterando a proteína. No caso da glicina, qualquer que seja o 3.º nucleótido, irá codificar sempre o mesmo aminoácido.

Grupo III

Item 1

Nos eucariontes, a informação genética é transferida do DNA para o pré-mRNA, num processo designado por **transcrição** que ocorre no **núcleo**, não havendo intervenção de ribossomas, nem de RNA ribossomal (rRNA)

Resposta: opção C.

Item 2

De acordo com o texto, as alterações metabólicas dos ratos ocorreram ao nível do **estado da cromatina**, nas regiões do genoma onde estão localizados genes que regulam a biossíntese dos lípidos e não devido a mutações no DNA.

Para serem transmitidas aos descendentes, estas modificações terão ocorrido nas **células germinativas**, que dão origem às células sexuais.

Resposta: opção B.

Item 3

A cromatina é um complexo de **DNA e proteínas nucleares** que existe nos eucariontes, mas não nos procariontes. Para que um gene possa ser transcrito, a cromatina tem de ser reorganizada.

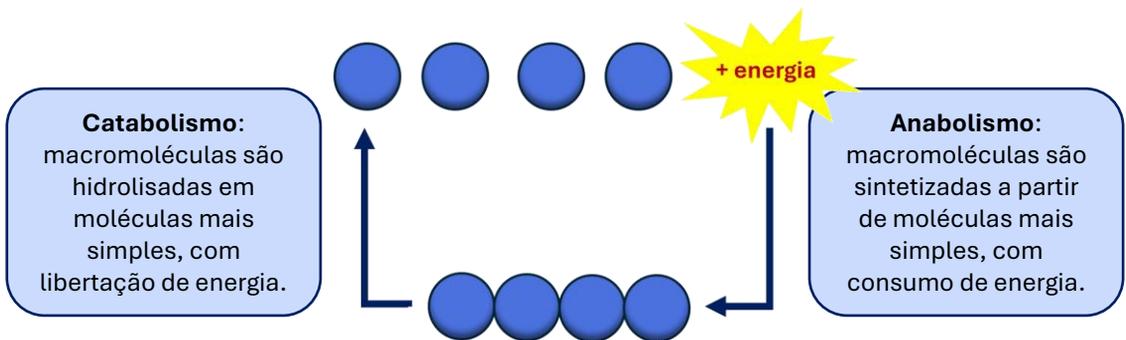
Resposta: opção B.



Item 4

A biossíntese de macromoléculas, como os lípidos, é um processo **anabólico** que ocorre através de reações de condensação entre monómeros ou moléculas mais simples, com **consumo de energia (ATP)**.

Observa o esquema seguinte.



Item 5

Na transcrição, o DNA é copiado para uma molécula de RNA. A enzima (macromolécula) que catalisa a síntese deste polímero é a **RNA polimerase**.

Uma sequência de ribonucleótidos pertence a uma molécula de RNA. A molécula de RNA que tem uma sequência de nucleótidos complementar ao codão é o **RNA de transferência**.

Um polipéptido é um polímero, ou seja, é constituído por monómeros ligados entre si. Neste caso, as unidades básicas são os **aminoácidos**.

O **RNA mensageiro** é um polímero de ribonucleótidos (polirribonucleótido), transcrito a partir de um gene que contém a informação para a síntese de um polipéptido.

Os desoxirribonucleótidos são as unidades que constituem o DNA (ácido desoxirribonucleico). A sequência de DNA com informação para a síntese de uma proteína é o **gene**.

Resposta: (a) (7); (b) (5); (c) (1); (d) (6); (e) (4)



O QUE APRENDI?

Já consegues...

- caracterizar e distinguir os diferentes tipos de ácidos nucleicos em termos de composição, estrutura e função?
- explicar processos de replicação, transcrição e tradução, e realizar trabalhos práticos que envolvam leitura do código genético?
- relacionar a expressão da informação genética com as características das proteínas e o metabolismo das células?
- interpretar situações relacionadas com mutações génicas, com base em conhecimentos de expressão genética?

Conseguiste realizar os itens propostos neste guião? Ainda tens dúvidas?

Sugestões:

Identifica os conteúdos em que ainda tens dúvidas.

Torna a resolver os exercícios propostos no manual e nos Guiões de Trabalho Autónomo dos subtemas 1 e 2.

Estuda com um colega, partilhando dúvidas e aprendizagens.



COMO POSSO COMPLEMENTAR A APRENDIZAGEM?

Assiste às videoaulas.

[Estrutura e composição do DNA | Estudo Autónomo](#)



[Síntese Proteica: Transcrição e maturação do RNAm | Estudo Autónomo](#)



[Síntese Proteica: Código genético e tradução | Estudo Autónomo](#)

