



CONSTRUINDO OS ÁCIDOS NUCLÉICOS

Paula Fernanda Xavier Magalhães¹, Mauro Célio Ribeiro Silva¹, Natalia Hayashida de Araújo¹,
Patrícia de Abreu Moreira²

1 - Laboratório de Bioprospecção e Recursos Genéticos, DBG, CCBS, Universidade Estadual de Montes Claros, MG.

2 - Laboratório de Ecologia Evolutiva e Biodiversidade, DBG, ICB, Universidade Federal de Minas Gerais. patriciadabreu@yahoo.com.br.

INTRODUÇÃO

Os ácidos nucléicos são macromoléculas responsáveis pelo armazenamento e transmissão da informação genética entre as células. Existem dois tipos de ácidos nucléicos: o ácido desoxirribonucléico (DNA) e o ácido ribonucléico (RNA), ambos constituídos pela polimerização de nucleotídeos. Cada nucleotídeo é composto por um grupo fosfato, um açúcar (pentose) e uma base nitrogenada (Figura 01). A pentose presente no DNA é a desoxirribose enquanto que no RNA encontramos a ribose (Figura 02). Esses açúcares possuem cinco carbonos em sua estrutura e se diferenciam pela ausência de um grupo hidroxila (-OH) no carbono 2' da desoxirribose, fato que confere à molécula de DNA uma maior estabilidade em relação ao RNA (Snustad & Simmons, 2010).

As bases nitrogenadas que compõem os ácidos nucléicos podem ser de dois tipos: purinas, compostas por dois anéis aromáticos, e pirimidinas, compostas por apenas um anel aromático. As bases adenina (A) e guanina (G) são purinas enquanto que as bases citosina (C), timina (T) e uracila (U) são pirimidinas. As bases A, T, C e G são encontradas no DNA e no RNA; a base T é substituída pela U, ou seja, no RNA encontramos A, U, G e C (Figura 03).

As cadeias de ácidos nucléicos são formadas por uma ligação fosfodiéster estabelecida entre o grupo fosfato e o grupo hidroxila (-OH) do carbono 3' entre nucleotídeos adjacentes. Dessa forma, os nucleotídeos componentes de uma cadeia têm a mesma orientação, ou seja, se o carbono 5' da pentose estiver voltado para cima, os demais nucleotídeos desta cadeia estarão voltados para a mesma posição. Consequentemente, uma extremidade terá um grupo fosfato presente (extremidade 5') e a outra extremidade terá um grupo hidroxila presente (extremidade 3') (Figura 04) (Pierce, 2011).

A molécula de DNA é composta por duas cadeias de nucleotídeos e as ligações fosfodiéster nessas cadeias paralelas estão em direções opostas, ou seja, uma fita está orientada na direção 5' → 3' enquanto que a outra fita está no sentido 3' → 5'. Essas fitas antiparalelas são unidas por ligações, denominadas pontes de hidrogênio, as quais são estabelecidas entre as bases nitrogenadas das cadeias opostas. A base T, bem como U, possui um grupo ceto (C=O) o qual estabelece uma ponte de hidrogênio com a base A, que possui um grupo amino (C-NH₂). As bases G e C possuem, cada uma delas, um grupo ceto e um grupo amino, portanto, são estabelecidas duas pontes de hidrogênio entre essas bases por meio desses grupos. Uma outra ponte de hidrogênio é formada em todos os pareamentos entre os nitrogênios dos anéis aromáticos das bases. Assim, na molécula de DNA, entre as cadeias antiparalelas, são observadas duas pontes de hidrogênio no pareamento A e T e três pontes de hidrogênio no pareamento G e C. Graças ao pareamento, as cadeias da molécula de DNA são ditas complementares e, conhecendo-se uma delas, é possível a construção da cadeia complementar (Zaha, 2003).

Normalmente, a molécula de RNA é fita simples, porém, pareamentos podem ocorrer formando estruturas importantes na função do RNA. Diferentes tipos de RNA estão presentes nas células e os principais tipos são mensageiro (mRNA), o qual transfere a informação genética contida na cadeia de DNA aos ribossomos, para que ocorra a síntese de proteínas, o ribossômico (rRNA), componente majoritário dos ribossomos, e o transportador (tRNA), responsável por carregar os aminoácidos até o sítio de síntese de proteínas. Todos os RNAs são sintetizados por um processo conhecido como transcrição. Esse procedimento é feito com base na sequência de nucleotídeos de apenas uma das fitas do DNA. A fita do DNA molde para a transcrição possui orientação 3' → 5' já que o sentido de crescimento dos ácidos nucléicos é 5'

→ 3'. As mesmas regras de pareamento da replicação do DNA são aplicadas na transcrição, com exceção do pareamento entre as bases nitrogenadas A e T, pois no RNA a base T é substituída pela U. Dessa forma, a sequência da fita 3' → 5' será complementar à fita RNA sintetizada enquanto que a fita do DNA de orientação 5' → 3' é idêntica ao RNA, sendo as timinas substituídas pelas uracilas (Pierce, 2011).

A informação armazenada no mRNA será lida nos ribossomos para a síntese de proteínas, mecanismo conhecido como tradução. O mRNA é lido a cada três nucleotídeos (códon) e, através do código genético, essa pequena sequência está associada a um dos 20 aminoácidos para a síntese da cadeia polipeptídica (para uma compreensão didática do código genético e tradução veja Mori et al. 2009).

A presente atividade tem como objetivo auxiliar o aluno na compreensão da estrutura dos ácidos nucleicos, podendo ser ampliada para o estudo da replicação, da transcrição, da tradução e da variabilidade genética. O uso dessas atividades teórico-práticas pode facilitar a compreensão do estudante sobre o conteúdo ministrado, visto que os alunos ficam entusiasmados com a proposta de integrar a teoria a uma dinâmica.

COMPREENDENDO E PREPARANDO A ATIVIDADE

Inicialmente a atividade simula a replicação do DNA, a qual será realizada com peças que se encaixam. Essas peças correspondem aos diferentes nucleotídeos encontrados no DNA. As peças poderão ser feitas em papel, recortadas para que os alunos cole as mesmas entre si, ou ainda, podem ser feitas em folhas de Etil Vinil Acetato (E.V.A.), para serem reutilizadas em outras oportunidades. As peças deverão ser construídas já com o encaixe correspondente ao número de pontes de hidrogênio entre os pareamentos pré-estabelecidos. Além disso, as peças possuem setas indicativas da ligação entre os nucleotídeos adjacentes. É válido lembrar que as peças deverão ser confeccionadas de modo a obedecer a orientação antiparalela das fitas complementares da molécula de DNA (Figura 05). Para que todas as possibilidades de encaixe de cada nucleotídeo sejam obedecidas, para cada nucleotídeo contendo uma base nitrogenada serão possíveis quatro peças (Figura 06).

Os alunos serão divididos em grupos e com as peças em mãos, deverão construir uma cadeia de DNA com um número de nucleotídeos múltiplos de três, já que os

códons que serão usados posteriormente na tradução (Figura 07-A). É importante que cada grupo receba as mesmas peças. Após a construção de uma das fitas de DNA, os alunos deverão montar a cadeia complementar antiparalela respeitando o pareamento entre as bases (Figura 07-B). Cada grupo formará moléculas de DNA com sequências nucleotídicas diferentes, gerando mRNA distintos, os quais serão traduzidos em diversas cadeias polipeptídicas para que se possa discutir a variabilidade genética com os alunos.

Após a montagem da molécula fita dupla de DNA, a mesma deverá ser “desnaturada” para que a fita-molde seja utilizada para a construção do mRNA (Figura 08). Para isso, cada grupo receberá novas peças contendo nucleotídeos para montagem do RNA. Em seguida, o mRNA de cada grupo será traduzido com auxílio de uma tabela do código genético (Mori et al. 2009). Cada grupo deverá anotar a sequência de aminoácidos gerada para que possa ser feita uma comparação entre as cadeias polipeptídicas formadas. A partir dos resultados, o professor poderá fazer uma discussão sobre o pareamento pré-estabelecido entre as bases nitrogenadas que compõem a molécula de DNA, sobre a transcrição de uma das fitas de DNA para formar o RNA, sobre a tradução do mRNA em códons para formar a cadeia polipeptídica e, ainda, sobre a possibilidade de serem formadas diferentes moléculas de DNA com as mesmas peças e, conseqüentemente, diferentes cadeias polipeptídicas serem obtidas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- KOOLMAN, J., ROEHM, K.H. (2005) *Color Atlas of Biochemistry*. 2 ed, Thieme, 467 p.
- MORI, L., ARIAS, M.C., MIYAKI, C.Y., DESSEN, E.M.B. (2009) *Código Genético: o código dos vinte*, Genética da Escola, 4 (1), 25-32.
- PIERCE, B.A. (2011) *Genética: um enfoque conceitual*. 3 ed, Guanabara Koogan, 774 p. Snustad, D.P., Simmons, M.J. (2010) *Fundamentos de Genética*. 4 ed, Guanabara Koogan, 903 p.
- STRYER, L., TYMOCZO, J., BERG, J. (2005) *Bioquímica*. 3 ed, Guanabara Koogan, 950 p.
- ZAHA, A. (Org.) (2003) *Biologia molecular básica*. 3.ed, Mercado Aberto, 2003, 336 p.

AGRADECIMENTO

Os autores agradecem a MN Klautau-Guimarães pelas valiosas contribuições.

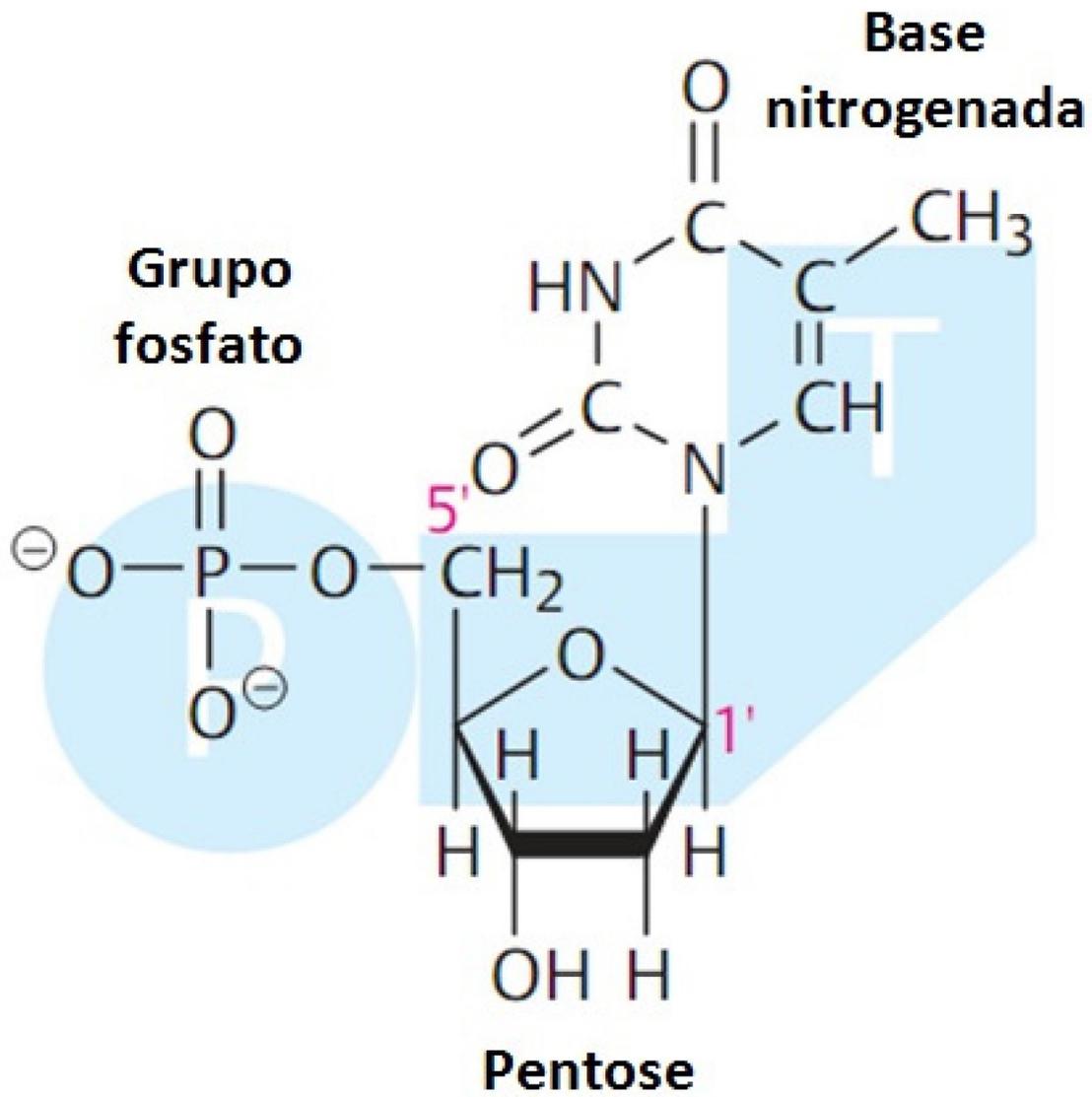


Figura 01- Estrutura química de um nucleotídeo, formado por um grupo fosfato, uma pentose e uma base nitrogenada.

Fonte: Adaptado de Koolman & Roehm, 2005.

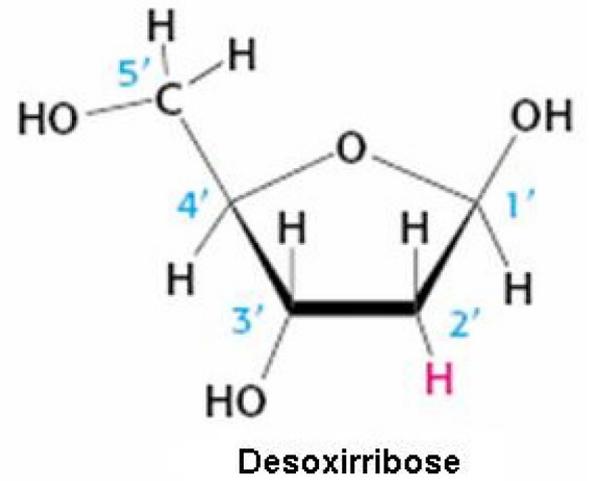
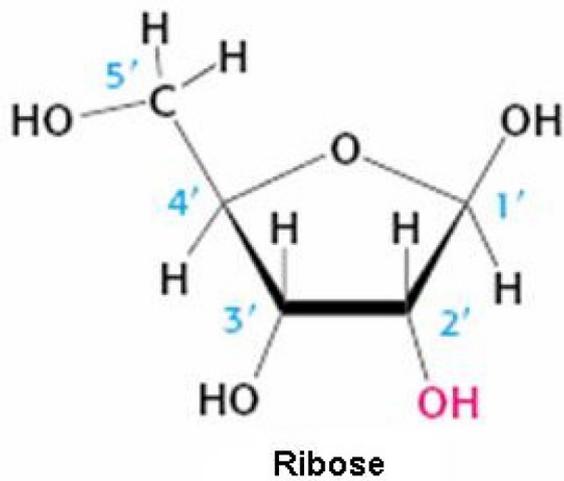
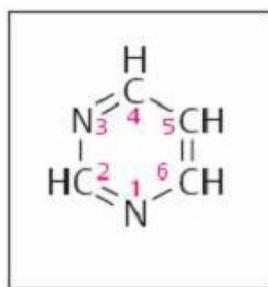
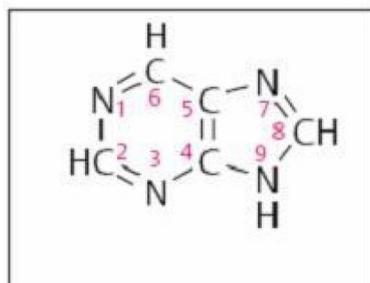
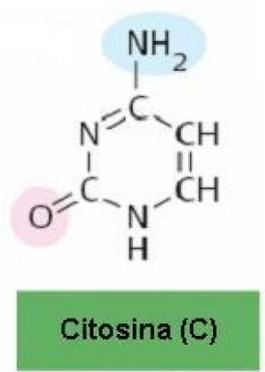
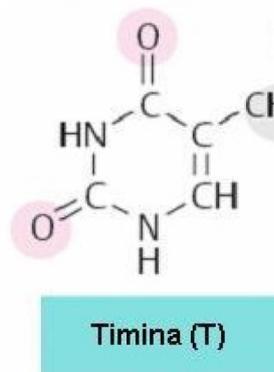
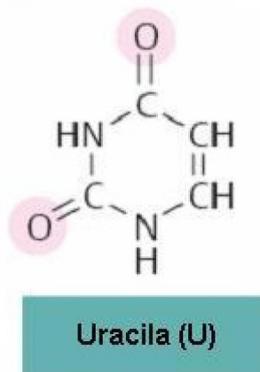


Figura 02 - Pentoses componentes dos ácidos nucléicos.

Fonte: Modificado de Stryer et al., 2005.



Pirimidina



Purina

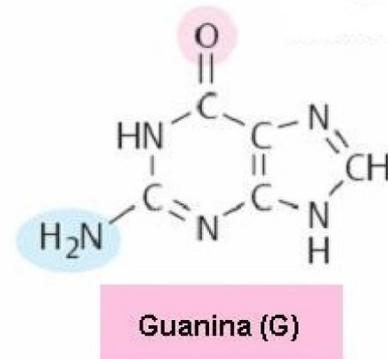
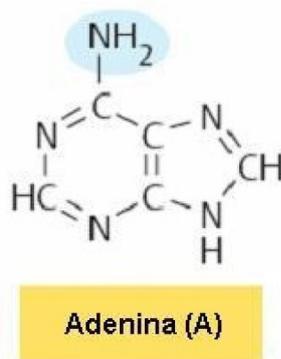


Figura 03 - Bases nitrogenadas purinas e pirimidinas componentes dos ácidos nucléicos.

Fonte: Adaptado de Koolman & Roehm, 2005.

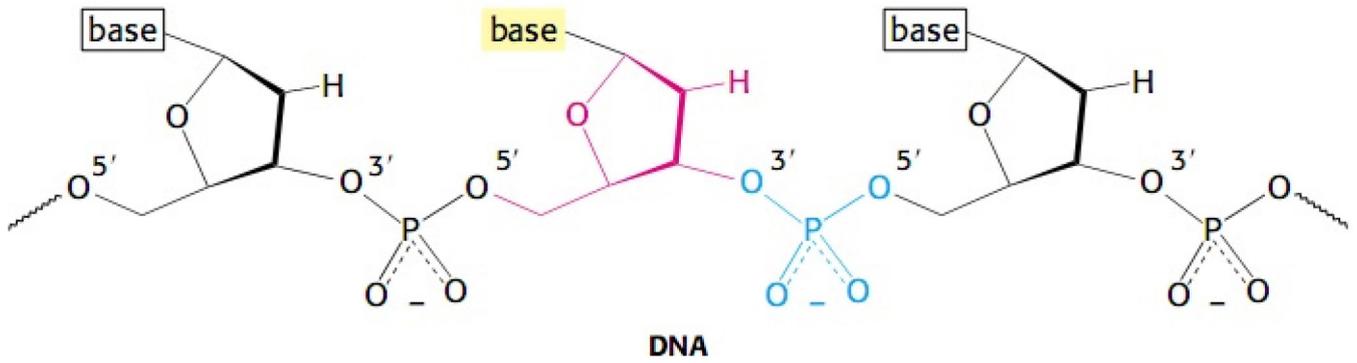


Figura 04 - Fita simples de DNA formada pela ligação fosfodiéster entre nucleotídeos adjacentes.

Fonte: Stryer et al., 2005.

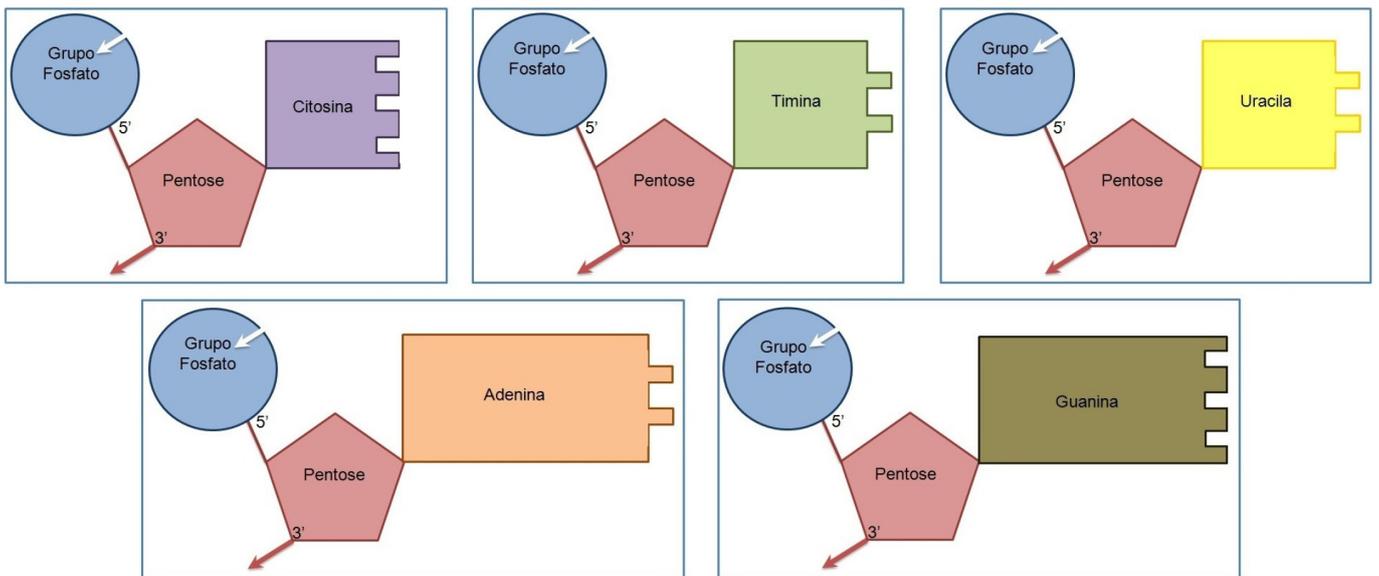


Figura 05 - Peças de nucleotídeos a serem utilizadas na construção dos ácidos nucléicos.

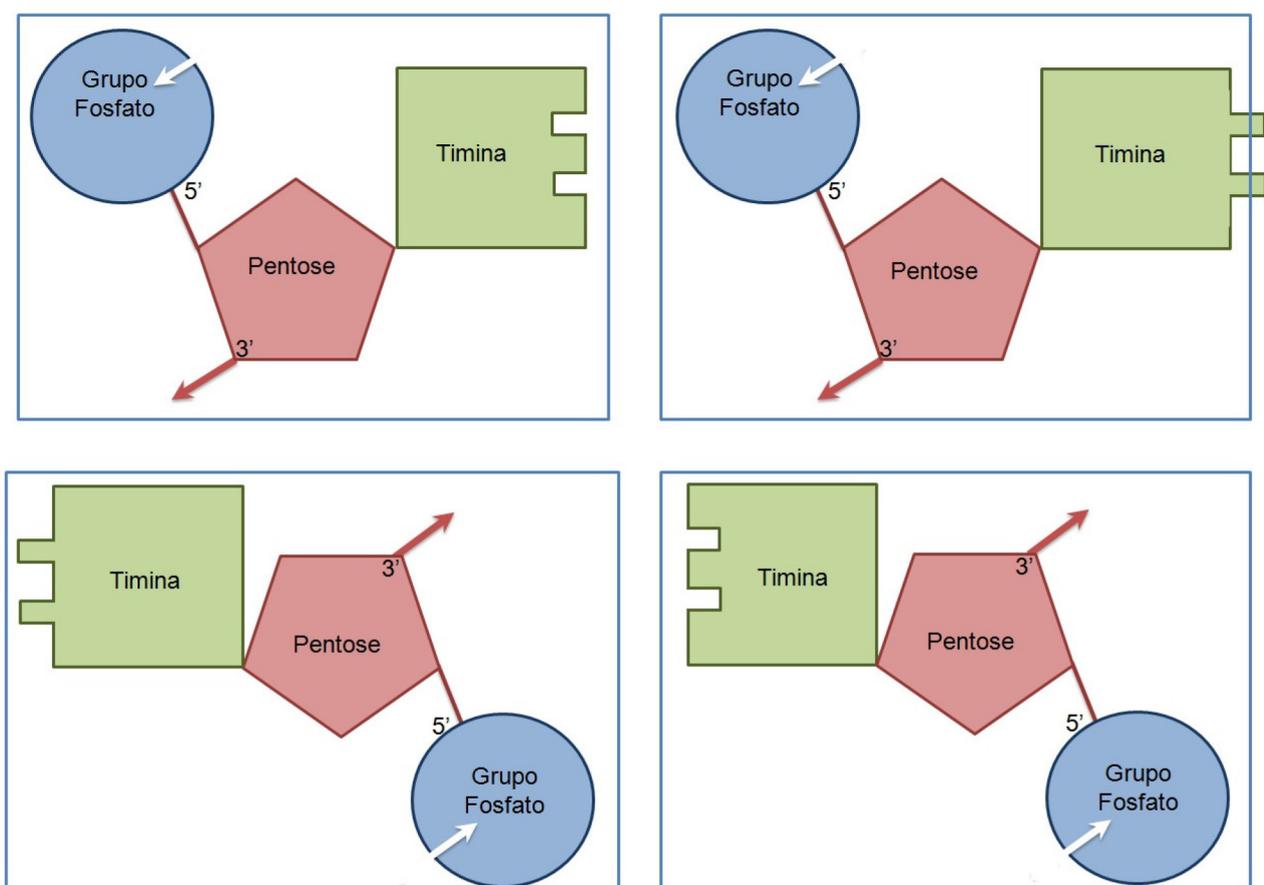


Figura 06 - *Quatro possibilidades de peças a serem confeccionadas para um único tipo de nucleotídeo.*

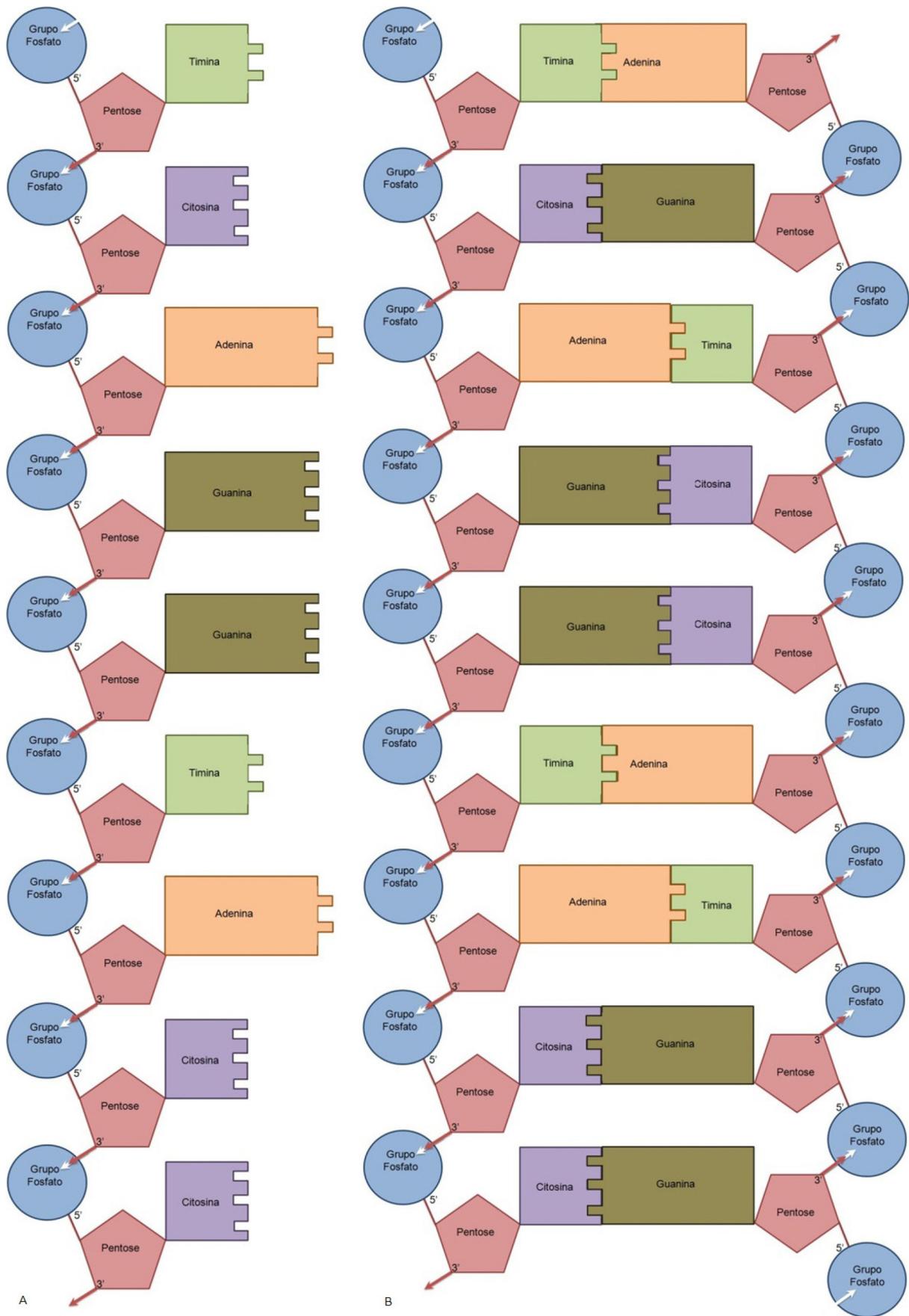


Figura 07 - A) Fita simples de DNA com orientação 5' → 3' e B) Molécula fita dupla de DNA formada por fitas complementares e antiparalelas.

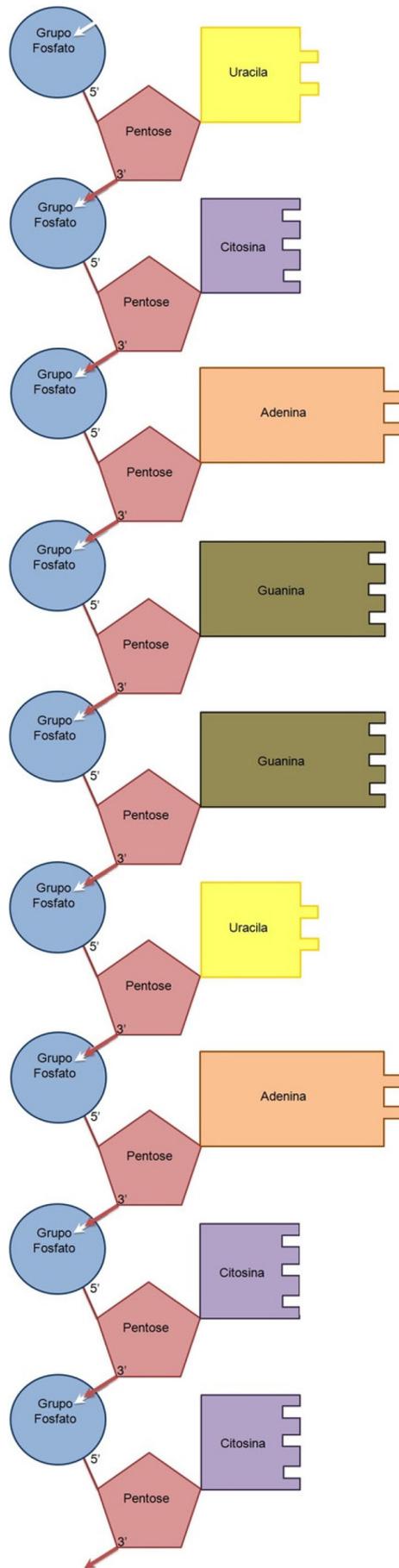


Figura 08 - Molécula de mRNA com orientação 5' → 3' transcrito a partir da fita molde de DNA 3' → 5'.