

Ficha — Ácidos nucleicos e código genético: de nucleotídeo a proteína

11.º Ano

Biologia e Geologia

4 páginas

12 exercícios

Objetivo: Caraterizar **ADN e ARN** (composição, estrutura e função), dominar a **leitura do código genético** (transcrição e tradução de sequências, codões de início e paragem) e interpretar situações ligadas a **mutações génicas** e às propriedades do código.

Revisão rápida

Nucleotídeo (unidade dos ácidos nucleicos) = **azotada** + **pentose** + **3 fosfatos**. Azotadas: **A, G** (purinas) · **T, C, U** (pirimidinas).

	ADN (ácido desoxirribonucleico)	ARN (ácido ribonucleico)
Pentose	desoxirribose	ribose
Base distinta	timina (T)	uracila (U)
Estrutura	hélice dupla antiparalelas (Watson-Crick, 1953)	fita simples (em geral)
Função	hereditariedade — armazena a informação (núcleo; mitocôndrias/cloroplastos)	expressão da informação — ARNm (transporta o código ao ribossoma) · ARNt (transporta aminoácidos) · ARNr (estrutura do ribossoma)

Pareamento por pontes de hidrogénio: $A = T$ (2 pontes) · $G \equiv C$ (3 pontes) — fitas **complementares e antiparalelas** ($5' \rightarrow 3'$ contra $3' \rightarrow 5'$).

Código genético — a informação lê-se em **tripletas**: 1 **codão** = 3 nucleotídeos = 1 aminoácido (ou sinal). $4^3 = 64$ codões para ~20 aminoácidos. Propriedades: **degenerado** (vários codões → mesmo aa), **universal** (o mesmo em quase todos os seres vivos), **sem pontuação** (leitura contínua, $5' \rightarrow 3'$).

Sinais: **AUG** = início (metionina) · **UAA, UAG, UGA** = STOP. Dogma: $ADN \rightarrow ARN \rightarrow proteína$.

Estratégia de leitura: identificar a fita molde ($3' \rightarrow 5'$) → **transcrever** ($A \rightarrow U, T \rightarrow A, G \rightarrow C, C \rightarrow G$) → **traduzir** codão a codão com a tabela → parar no STOP.

Exercícios

1. Completar: um nucleotídeo tem _____, pentose e _____. Distingue ADN e ARN em três critérios (pentose, base, função).

2. Pareamento: escreve a fita complementar de $5'-ATGCCGTAA-3'$ (indica o sentido de cada fita) e indica quantas pontes de hidrogénio ligam um par A-T e um par G-C.

3. Liga cada tipo de ARN à função: ARNm (___) · ARNt (___) · ARNr (___). Opções: transporta aminoácidos ao ribossoma · carrega o código do ADN · estrutura do ribossoma.

4. Porque tripletes? Mostra que 3 nucleotídeos bastam ($4^3 = 64$) e explica as consequências das propriedades degeneração (sinónimos) e universalidade (que permite, por exemplo, um gene humano funcionar numa bactéria).

5. Transcrição e tradução: a fita molde do ADN é 3'-TAC GGA CTT-5'. (a) Escreve o ARNm (5'→3'). (b) Traduz a proteína com os codões (AUG→Met, CCU→Pro, GAA→Glu). (c) O que seria diferente se a leitura começasse «a meio»?

6. Mutações: (a) a troca UAU → UAA transforma um codão de aminoácido em STOP — que tipo de mutação é (nonsense) e porquê a proteína fica incompleta? (b) A inserção de um nucleotídeo no meio do gene muda todos os codões a seguir (frame shift) — porquê?

7. Dupla hélice: (a) porque é que as fitas são antiparalelas? (b) Um ADN rico em G-C «derrete» a temperatura mais alta que um rico em A-T — explica (número de pontes). (c) Como se chama a separação das fitas?

8. Situações: (a) O teste de paternidade usa ADN e não ARN — porquê (estabilidade, abundância, especificidade)? (b) As vacinas de ARNm funcionam porque o código é _____ — explica o caminho até a proteína-antígeno.

9. Contagem: um gene codifica uma proteína de 150 aminoácidos. (a) Quantos codões (mínimo)? (b) Que comprimento mínimo tem a fita de ARNm e o de ADN (contando o codão de STOP, sem intrões)?

10. Regra de Chargaff numa molécula dupla: se a molécula tem 20 % de A e 30 % de G, que percentagens tem de T e de C? Soma tudo e explica a regra (A = T, G = C).

11. História da ciência: apresenta três momentos-chave que levaram à compreensão do ADN (ex.: Miescher 1869 «nucleína» → Avery/MacLeod/McCarty 1944 ADN = material genético → Watson-Crick 1953 estrutura). O que cada um acrescentou — e porque é que a estrutura de 1953 tornou imediato o mecanismo de cópia?

12. Síntese: explica (4–5 linhas) como a universalidade e a degeneração do código se conjugam: porquê é que «o mesmo código» permite engenharia genética e mostra parentesco evolutivo — e porquê que «um mesmo aminoácido» protege contra parte das mutações?

Soluções — Ácidos nucleicos e código genético

11.º Ano

Biologia e Geologia

Resolução completa

1. **azotada · 3 fosfatos**. ADN: desoxirribose, T, hereditariedade (hélice dupla) · ARN: ribose, U, expressão da informação (fita simples, ARNm/t/r).

2. Complementar: $3'-TACGGCATT-5'$ (cada base à frente da sua parceira, sentido oposto — antiparalelas). Pontes: $A-T = 2 \cdot G-C = 3$. (Total na sequência indicada: 9 pares — $5 A-T \times 2 + 4 G-C \times 3 = 22$ pontes.)

3. ARNm → **carrega o código do ADN** (ao ribossoma) · ARNt → **transporta aminoácidos** (reconhece codão + aa) · ARNr → **estrutura do ribossoma**.

4. Com 4 bases: 1 nucleotídeo dá 4 mensagens, 2 dão 16, **3 dão $4^3 = 64$** — $64 > 20$, portanto as tripletas bastam (e sobram sinais: AUG, STOPs). **Degenerado**: com 64 codões para 20 aa, vários codões dão o mesmo aa (sinónimos) → uma parte das mutações pontuais **não altera a proteína** (mutação silenciosa). **Universal**: bactéria, banana ou humano usam o mesmo código → um gene humano pode ser expresso noutra espécie (engenharia genética) e é evidência de **ancestral comum** (evolução).

5. (a) Transcrição molde → ARNm ($A \rightarrow U$, $T \rightarrow A$, $G \rightarrow C$, $C \rightarrow G$): $5'-AUG\ CCU\ GAA-3'$. (b) *Met – Pro – Glu* (3 aminoácidos). (c) A leitura é **em fase** (tripletras contínuas desde o AUG): começar «a meio» muda todos os codões (outro quadro de leitura) → outra proteína, quase de certeza não funcional.

6. (a) **Mutação nonsense** (codão de aminoácido → STOP): a tradução **termina cedo** → cadeia curta, normalmente inativa — perda de função. (b) Com inserção/deleção de um número não múltiplo de 3, o **quadro de leitura desloca-se**: todos os codões a partir da mutação mudam — as consequências são muito mais graves que as de uma troca pontual.

7. (a) O pareamento $A=T/G=C$ só é geometricamente possível com as fitas em **sentidos opostos** (química dos açúcares $3'/5'$) — e permite a **replicação semiconservativa** (cada fita serve de molde). (b) $G-C$ tem **3 pontes** e $A-T$ só 2 → mais energia para separar (T_m maior). (c) **Denaturação** (aquecimento) — usada em PCR, sequenciação, etc.

8. (a) O ADN é **estável** (dupla hélice), abundante no núcleo e **específico de cada indivíduo** (polimorfismos/STR) — o ARN é transitório e degradável. (b) **Universal**: a célula da vacina lê o ARNm com o **mesmo código**, sintetiza a proteína-antígeno (ex.: pico do vírus), expõe-a ao sistema imunitário → resposta sem vírus vivo. Caminho: ARNm → ribossoma → **proteína** (dogma).

9. (a) **150 codões** de aminoácido. (b) ARNm: $150 \times 3 + 3$ (STOP) = = **453 nucleotídeos** — o ADN, com as duas fitas, «guarda» a mesma informação em 453 bp (cada fita tem 453 bases; sem introns/sinais reguladores).

10. Por **Chargaff** ($A = T$, $G = C$ na dupla): $T = 20\%$ · $C = 30\%$ — soma: $20 + 30 + 30 + 20 = 100\%$. A regra prova o **pareamento fixo** e é a pista experimental da hélice dupla.

11. **1869 Miescher** — isola «nucleína» do pus (material desconhecido, rico em fósforo) · **1944 Avery–MacLeod–McCarty** — mostram que é o **ADN** (não a proteína) que transforma bactérias: o ADN é o material genético · **1953 Watson e Crick** — a **hélice dupla** com fitas complementares: a estrutura «sugere» o mecanismo — cada fita serve de **molde** para a outra (replicação semiconservativa) — *estrutura explica função*.

12. Resposta possível: a **universalidade** (o mesmo código em todos) é o que permite a engenharia genética (gene humano → bactéria) e é **evidência de parentesco**: todos descemos do mesmo código. A **degeneração** (64 codões → 20 aa) significa que muitas mutações pontuais são **sinónimas** — o aminoácido não muda e a proteína funciona (margem de segurança evolutiva). Conjuntamente: o código é **estável o suficiente para durar 3,5 mil milhões de anos** e **tolerante o suficiente para variar sem destruir** — exactamente o par que a seleção natural precisa.

Nota: quatro blocos — **nucleotídeo/pareamento** · **código: tripletas e propriedades** · **leitura: transcrição+tradução** · **mutações + história + síntese**. Próxima ficha: replicação, transcrição e tradução como processos (dogma completo) e consequências das mutações.