

Ficha — Replicação, transcrição e tradução: a expressão da informação genética

11.º Ano Biologia e Geologia 4 páginas 12 exercícios

Objetivo: Explicar os processos de **replicação semiconservativa**, **transcrição** e **tradução**, relacionar a **expressão da informação genética** com as proteínas e o metabolismo, e interpretar **mutações génicas** e as suas consequências.

Revisão rápida

Dogma da biologia molecular: *ADN → ARN → proteína* (exceção: retrovírus com *transcriptase reversa*: ARN → ADN).

Processo	Onde	O que faz
Replicação	antes da divisão (interfase-S)	as duas fitas separam-se e cada uma serve de molde → duas moléculas idênticas (ADN-polimerase) — semiconservativa (Meselson-Stahl, 1958)
Transcrição	núcleo (eucariotas)	ARN-polimerase copia a fita molde → ARNm (sai ao citoplasma)
Tradução	ribossoma (citoplasma)	ribossoma «lê» o ARNm; ARNt leva cada aminoácido (anticodão ↔ codão) → polipeptídeo

Expressão → fenótipo: gene → ARNm → **proteína** (muitas vezes **enzima**) → reação/metabolismo → **traço** (ex.: cor, digestão). Proteínas = enzimas + estruturais + transporte — «as proteínas executam o programa».

Mutações (alteração da sequência): **pontuais** — *sinónima* (mesmo aa), *missense* (aa diferente), *nonsense* (vira STOP → cadeia curta) · **indel** (inserção/deleção) → **frame shift**. Causas: erros espontâneos, **UV** (dímeros), substâncias químicas (tabaco), radiação. Consequência: nenhuma (degeneração!) · alteração de função (doença: **anemia falciforme**) · neutra · **favorável** (matéria-prima da evolução).

Estratégia: seguir o fluxo (molde → ARNm → tradução) → comparar com o normal (mutação) → decidir consequência (aa mudou? stop? quadro?) → conectar com proteína e metabolismo.

Exercícios

1. Replicação semiconservativa: explica o nome (o que é «conservado»?) e descreve o que Meselson-Stahl observou (bandas de ADN leves/pesadas após 1 e 2 gerações) e o que isso prova.

2. Para a replicação, lista: (a) o que a célula precisa (molde, matéria-prima, enzima principal, energia); (b) porquê cada fita ser molde garante cópias fiéis para as duas células-filhas.

3. Transcrição: fita molde 3'-TAC CCA GGT-5'. (a) Escreve o ARNm. (b) Onde ocorre em célula eucariota e onde o ARNm vai depois? (c) Qual a diferença entre fita molde e fita codificante?

4. Tradução: os três «atores» (mestre, ferramenta, construtor) são ARNm, ARNt e ribossoma. Explica o papel de cada um e o que o ARNt reconhece simultaneamente (anticodão + aminoácido) — porque é que é um «tradutor».

5. Um retrovírus tem ARN como material genético e usa a transcriptase reversa. (a) Que passo inverte (escreve o esquema inverso)? (b) Porque é que isso não «derruba» o dogma — apenas acrescenta uma via?

6. Do gene ao traço: completa a cadeia «gene → ARNm → _____ → reação _____ → traço» e desenvolve com um exemplo concreto (enzima de digestão, pigmento de cor, etc.).

7. Classifica cada mutação e a consequência: (a) UCU → UUU (Ser→Phe) · (b) UAU → UAA (Tyr → STOP) · (c) UCU → UCC (Ser→Ser) · (d) inserção de um A a meio do gene. Usa as etiquetas missense, nonsense, sinónima, frame shift.

8. Anemia falciforme: uma troca no gene da hemoglobina (GAG → GUG no ARNm) põe valina onde havia ácido glutâmico → hemoglobina aggregation → hemácias em foice. (a) Que classe de mutação? (b) Porque é que uma letra de «erro» muda a proteína toda — e porque nem toda a mutação faz isto?

9. Causas e prevenção: (a) quebra dois exemplos de agentes mutagénicos (físico e químico) e o dano molecular que causam (ex.: dímeros de pirimidinas); (b) que hábitos reduzem a exposição (CTSA: protetor solar, não tabaco) — e porque é que a célula não é indefesa (reparação do ADN).

10. Leitura comparativa: a fita molde normal dá ARNm 5'-AUG GCU UAA-3' e a mutada 5'-AUG GCC UAA-3'. (a) Traduz as duas (AUG→Met, GCU/GCC→Ala, UAA→STOP). (b) Qual a consequência — e o que ilustra sobre a degeneração?

11. Interpretação de dados: completa a tabela mentalmente — mutação «sem mudança de aa» → consequência ____; «aa trocado» → ____; «STOP precoce» → ____; «+1 nucleotídeo» → _____. Depois justifica: porque é que a análise de sequências é hoje diagnóstico (medicina personalizada, testes genéticos)?

12. Síntese: «Mutação é erro — logo é sempre má». Com base na degeneração, nas classes de mutação e na sua relação com a variabilidade, escreve uma resposta crítica (4–5 linhas): quando prejudica, quando é neutra e porque é que sem mutações não haveria evolução.

Soluções — Replicação, transcrição, tradução e mutações

11.º Ano

Biologia e Geologia

Resolução completa

1. «Semiconservativa» = cada molécula nova **conserva uma fita antiga** + uma nova. Meselson-Stahl: bactérias em ^{15}N (pesadas) passadas a ^{14}N — após 1 geração, **todas as moléculas de densidade híbrida** (meia/meia); após 2, **50 % híbridas + 50 % leves**. Prova que **não** é conservativa (duas velhas juntas) nem dispersiva (fita toda nova) — é o mecanismo previsto por Watson-Crick.
 2. (a) molde (fitas do ADN) · matéria-prima (**desoxinucleotídeos A/T/G/C**) · enzima principal (**ADN-polimerase**, com desenrolase a abrir a hélice) · energia (trifosfatos). (b) O pareamento A-T/G-C é **exclusivo**: a fita 1 determina a nova exatamente como a fita 2 — cada célula-filha recebe um «original», cópia fiel do programa.
 3. (a) A→U, T→A, G→C, C→G: **5'-AUG GGU CCU-3'**. (b) Transcrição no **núcleo**; o ARNm **exporta-se ao citoplasma** (ribossoma). (c) **Molde** = a fita copiada (3'→5', entra na fórmula do ARN complementar) · **codificante** = a outra (sequência igual ao ARN, com T→U) — a confusão dá ARNm ao contrário.
 4. **ARNm** = mestre: carrega a sequência de codões (o «programa») · **ribossoma** (ARNr) = construtor/máquina: lê o ARNm e costura os aminoácidos · **ARNt** = tradutor: cada ARNt tem um **anticodão** e carrega o **aminoácido** correspondente — reconhece simultaneamente a língua do ARNm (codão) e o material da proteína (aa), daí a tradução.
 5. (a) Inverte a primeira seta: **ARN** → **ADN** (retrotranscrição) e depois segue ADN → ARN → proteína. (b) O dogma descreve o fluxo **normal da expressão**; a transcriptase reversa é uma via adicional mostrando que o modelo é **aberto a revisão** (caráter provisório) — não contradiz, amplia.
 6. gene → ARNm → **proteína (enzima)** → reação **metabólica** → traço. Exemplo: o gene da **amilase** → ARNm → amilase → hidrólise do amido no pão → capacidade de digerir amidos (traço); ou gene do pigmento → enzima da via → cor das pétalas. Mutações no gene mudam a enzima → via alterada → traço diferente.
 7. (a) **missense** (Ser→Phe — aa mudou) · (b) **nonsense** (STOP precoce → cadeia truncada) · (c) **sinónima** (mesmo aa — degeneração: UCU e UCC dão Ser) · (d) **frame shift** (quadro desloca — todos os codões a seguir mudam).
 8. (a) **missense** (Glu → Val). (b) A troca substitui um aa por outro com **propriedades opostas** (ácido hidrofílico → hidrofóbico): a hemoglobina polimeriza, a hemácia deforma-se (foice) → obstruções/anemia. Nem toda a mutação faz isto: se o aa substituído for quimicamente parecido, ou cair em zona tolerante, a proteína funciona (e há mutações sinónimas — a letra muda, o aa não).
 9. (a) Físico: **UV solar** → dímeros de pirimidinas (T=T) que distorcem a fita e bloqueiam a leitura/químico: compostos do **tabaco** (nitrosas/aromáticos) que adicionam grupos às bases. (b) Protetor solar/evitar tabaco + dieta; a célula tem **enzimas de reparação** (excisão, corte do dano) — mas a taxa nunca é zero: por isso a vigilância (p53) e o tabaco são os maiores fatores evitáveis (CTSA).
 10. (a) Normal: *Met – Ala – STOP* · Mutada: *Met – Ala – STOP* — **igual!** (GCU → GCC é mutação **sinónima**: ambos Ala). (b) A mutação **não alterou a proteína** — ilustra a degeneração: 64 codões para 20 aa dá margem; parte dos erros é «absorvida» pelo código.
 11. sem mudança → **neutra/silenciosa** · aa trocado → **missense (possível perda de função)** · STOP precoce → **nonsense (proteína truncada)** · +1 → **frame shift (quase sempre grave)**. Sequenciar permite **diagnosticar** a mutação (doença hereditária, alvo de fármaco), prever consequência e escolher terapia (medicina personalizada) — a leitura do código virou ferramenta clínica.
 12. Resposta possível: a frase é falsa em dois terços. Muitas mutações são **neutras** (sinónimas ou em zonas tolerantes — degeneração protege); algumas são **prejudiciais** (nonsense, frame shift — doença, como a anemia falciforme); e algumas são **favoráveis** ou fonte de novidade (ex.: tolerância a lactose em populações de pastores — mutação reguladora positiva). A seleção natural **não cria** variação: **seleciona** a que as mutações fornecem — sem erros de cópia, não haveria material para evoluir. Conclusão: mutação = mudança; o julgamento (bom/mau) é da **seleção**, no ambiente.
- Nota:** quatro blocos — **replicação semiconservativa** · **transcrição/tradução (atores)** · **dogma + expressão→traço** · **classes de mutação + causas + crítica**. Liga: fichas 1 e 3 (código, ciclo celular) · prepara a ficha 8 (variação → evolução).