

**Tarefa 23 – Professor Fabrício**

- 01.** A decodificação realizada pelos ribossomos durante a síntese de proteínas, tendo por base as informações genéticas contidas na molécula de RNAm, consiste no encadeamento de
- 20 tipos de aminoácidos, a partir dos 61 códons com sentido no RNAm.
  - 20 tipos de aminoácidos, a partir dos 20 códons possíveis no RNAm.
  - 64 tipos de aminoácidos, a partir dos 64 códons possíveis no RNAm.
  - 20 tipos de anticódons do RNAt, a partir dos 61 códons com sentido no RNAm.
  - 64 tipos de anticódons do RNAt, a partir dos 64 códons possíveis no RNAm.
- 02.** Assinale a alternativa que apresenta a justificativa para o fato de o código genético ser considerado degenerado.
- Trincas diferentes de nucleotídeos podem codificar um mesmo aminoácido no momento da tradução.
  - A cada trinca de nucleotídeos, é codificado somente um aminoácido durante o processo de tradução.
  - Existem trincas que estabelecem o início (trinca AUG) e o término (trincas UAA, UAG e UGA) da tradução.
  - Cada trinca de nucleotídeos do RNAm equivale a uma trinca de nucleotídeos do RNAt, no momento da tradução.
  - Na trinca de nucleotídeos do RNAm podem ocorrer falhas, trocas de bases, que impedem a tradução.
- 03.** A sequência de DNA a seguir ocorre no filamento codificante de um gene estrutural em uma bactéria.



5'-GAATGTCAGAACTGCCATGCTTCATATGAATAGACCTCTAG-3

		Segunda letra				
		U	C	A	G	
Primeira letra (5')	U	UUU } Phe (F)	UCU } Ser (S)	UAU } Tyr (Y)	UGU } Cys (C)	U
		UUC } Phe (F)	UCC } Ser (S)	UAC } Tyr (Y)	UGC } Cys (C)	C
		UUA } Leu (L)	UCA } Ser (S)	UAA Parada (terminador)	UGA Parada (terminador)	A
		UUG } Leu (L)	UCG } Ser (S)	UAG Parada (terminador)	UGG Trp (W)	G
C	CUU } Leu (L)	CCU } Pro (P)	CAU } His (H)	CGU } Arg (R)	U	
	CUC } Leu (L)	CCC } Pro (P)	CAC } His (H)	CGC } Arg (R)	C	
	CUA } Leu (L)	CCA } Pro (P)	CAA } Gln (Q)	CGA } Arg (R)	A	
	CUG } Leu (L)	CCG } Pro (P)	CAG } Gln (Q)	CGG } Arg (R)	G	
A	AUU } Ile (I)	ACU } Thr (T)	AAU } Asn (N)	AGU } Ser (S)	U	
	AUC } Ile (I)	ACC } Thr (T)	AAC } Asn (N)	AGC } Ser (S)	C	
	AUA } Ile (I)	ACA } Thr (T)	AAA } Lys (K)	AGA } Arg (R)	A	
	AUG Met (M) (iniciador)	ACG } Thr (T)	AAG } Lys (K)	AGG } Arg (R)	G	
G	GUU } Val (V)	GCU } Ala (A)	GAU } Asp (D)	GGU } Gly (G)	U	
	GUC } Val (V)	GCC } Ala (A)	GAC } Asp (D)	GGC } Gly (G)	C	
	GUA } Val (V)	GCA } Ala (A)	GAA } Glu (E)	GGA } Gly (G)	A	
	GUG } Val (V)	GCG } Ala (A)	GAG } Glu (E)	GGG } Gly (G)	G	

- Qual é a sequência do RNA mensageiro, transcrita a partir desse trecho de DNA?
- Qual é a sequência de aminoácidos do polipeptídeo codificado por esse RNA mensageiro? (use a tabela do código genético)
- Se uma mutação ocorre no nucleotídeo **T** (indicado com uma seta), substituindo-o por **A**, qual será a sequência de aminoácidos depois da transcrição e tradução? (use a tabela do código genético)



**04.** O genoma de um determinado organismo pluricelular é idêntico em todas as suas células somáticas, porém o conjunto de proteínas (proteoma) produzidas irá variar quanto ao tipo celular, quanto à fase de desenvolvimento do organismo e em relação às condições ambientais envolvidas. Um dos mecanismos que possibilita essa diversidade de produção de proteínas a partir de um mesmo conjunto de genes é o processamento alternativo (ou splicing alternativo) do pré-RNA mensageiro (ou transcrito primário) no núcleo celular de organismos eucariotos.

Explique de que modo o processamento alternativo do pré-RNA possibilita a produção de um número de proteínas maior que a quantidade de genes presentes em eucariotos.

**05.** Se extrairmos o DNA total de células de músculo, baço e rim de um mesmo indivíduo, verificaremos que os tecidos apresentam genomas idênticos.

Os RNA mensageiros das células desses três tecidos serão os mesmos? Justifique sua resposta.