

[ AUTORES ]

Isabella Pereira Herrera

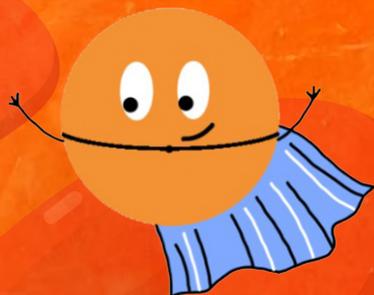
Rodrigo Alessandro Riemma Vela (coorientador)

Nilce Naomi Hashimoto (orientadora)

# CONCEITOS BÁSICOS DE BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR COM CIÊNCIA E DIVERSÃO



CENTRO UNIVERSITÁRIO  
SÃO CAMILO



© Copyright 2025. Centro Universitário São Camilo.  
TODOS OS DIREITOS RESERVADOS.

**Conceitos Básicos de Biologia Celular e Molecular com Ciência e Diversão**

**Centro Universitário São Camilo**  
**REITOR**

João Batista Gomes de Lima

**VICE-REITOR E PRÓ-REITOR ADMINISTRATIVO**

Anísio Baldessin

**PRÓ-REITOR ACADÊMICO**

Carlos Ferrara Junior

**PRODUÇÃO EDITORIAL**

**Coordenadora Editorial**

Bruna San Gregório

**Analista Editorial**

Cintia Machado dos Santos

**Assistente Editorial**

Bruna Diseró

**Autora**

Isabella Pereira Herrera

Rodrigo Alessandro Riemma Vela (coorientador)

Nilce Naomi Hashimoto (orientadora)

---

H482

Herrera, Isabella Pereira

Conceitos básicos de biologia celular e molecular com ciência e diversão / Isabella Pereira Herrera, Rodrigo Alessandro Riemma Vela, Nilce Naomi Hashimoto. -- São Paulo: Setor de Publicações - Centro Universitário São Camilo, 2025.

54 p.

ISBN 978-85-87121-79-0

1. Biologia molecular 2. Didática 3. Ilustrações I. Vela, Rodrigo Alessandro Riemma II. Hashimoto, Nilce Naomi III. Título

CDD: 574.8

---

Ficha Catalográfica elaborada pela Bibliotecária Ana Lucia Pitta  
CRB 8/9316



## [ PREFÁCIO ]

A ciência tem o poder de transformar nossa compreensão do mundo, mas, para isso, é essencial que o conhecimento seja transmitido de maneira clara e envolvente. Foi com essa ideia em mente que surgiu este livro, fruto do talento e da dedicação de Isabella Pereira Herrera.

Durante minhas aulas de Biologia Molecular, percebi que Isabella, aluna de Medicina e monitora da disciplina, possuía um dom especial para traduzir conceitos complexos em desenhos didáticos e animados. Suas colegas rapidamente notaram essa habilidade e passaram a comentar comigo sobre a clareza e criatividade de suas ilustrações. Quando tive a oportunidade de ver seu material, fiquei encantada. A forma como ela conseguia sintetizar e representar os conteúdos era algo que poderia beneficiar muitos outros estudantes. Foi então que o professor Rodrigo Alessandro Riemma Vela, coorientador deste projeto, sugeriu a ideia de reunir esse material em um livro, tornando-o acessível a um público ainda maior.

O resultado é esta obra, que combina ciência e um olhar didático e inovador. No entanto, o objetivo deste projeto não é criar um livro repleto de detalhes técnicos sobre biologia molecular, mas sim inspirar e estimular o interesse dos alunos, proporcionando uma abordagem acessível que os motive a explorar essa promissora área da ciência.

Que este seja apenas o começo de uma longa e brilhante trajetória!

Boa leitura!

***Nilce Naomi Hashimoto***



## [ AGRADECIMENTOS ]

Desde a escola, a biologia molecular sempre me encantou. Nas aulas de genética, ficava fascinada ao perceber como coisas tão pequenininhas – como moléculas de proteínas ou a presença de um gene em vez de outro – podem reger tudo em nós. Esse mundo invisível, mas tão essencial, despertou minha curiosidade e fez com que eu tivesse certeza de que queria seguir na Medicina.

Escrever e ilustrar este livro tem sido uma das experiências mais gratificantes de minha jornada acadêmica. Transformar a biologia molecular em algo acessível e envolvente sempre foi um desejo meu, e poder concretizar essa ideia foi possível graças ao apoio de pessoas muito especiais.

Em primeiro lugar, agradeço imensamente aos meus professores Nilce Hashimoto e Rodrigo Vela, que não apenas acreditaram neste projeto, mas me incentivaram a torná-lo realidade. Nilce, sua paixão pelo ensino e sua sensibilidade em perceber o potencial de minhas ilustrações foram fundamentais para que essa ideia saísse do papel. Rodrigo, sua orientação e seu entusiasmo ajudaram a dar forma a este livro, tornando-o ainda mais completo e didático. A confiança de vocês em meu trabalho me motivou a ir além e a me dedicar com ainda mais afinco a este projeto.

Espero que este livro mostre a todos que a biologia molecular não precisa ser um “bicho de sete cabeças”! Pelo contrário, ela pode ser descomplicada, envolvente e, por que não, divertida. Que os desenhos e as explicações aqui reunidos ajudem outros estudantes a enxergarem essa disciplina com mais leveza e curiosidade.

A todos que acessarem este livro, desejo uma leitura enriquecedora e, acima de tudo, divertida!

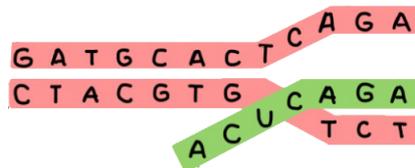
*Isabella Pereira Herrera*

G A T G C  
C T A C G

C G T A T  
G C A T A

# [ SUMÁRIO ]

Lista de abreviaturas .....	6
[ 1 ] Conhecendo nossa célula .....	7
[ 2 ] DNA e RNA.....	15
[ 3 ] Gene e genoma.....	22
[ 4 ] Transcrição e processamento do RNA <sub>m</sub> .....	26
[ 5 ] Tradução.....	32
[ 6 ] Mutação .....	39
[ 7 ] Replicação .....	46
[ 8 ] Considerações finais.....	51
Referências bibliográficas.....	53



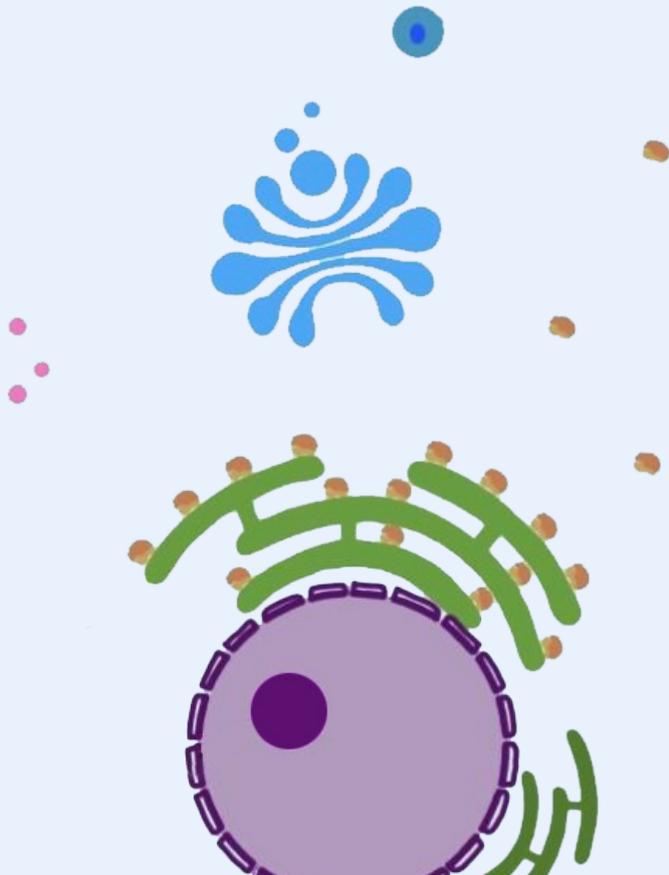
# LISTA DE ABREVIATURAS



ATP .....	Adenosina trifosfato
DNA .....	Ácido desoxirribonucleico
HSP .....	Heat Shock Protein
ORF .....	Open Reading Frame (fase aberta de leitura)
REL .....	Retículo Endoplasmático Liso
RER .....	Retículo Endoplasmático Rugoso
RNA .....	Ácido ribonucleico
RNA <sub>m</sub> .....	RNA mensageiro
RNA <sub>mi</sub> .....	Micro RNA
RNA <sub>r</sub> .....	RNA ribossômico
RNA <sub>sn</sub> .....	Small nuclear RNA
RNA <sub>sno</sub> .....	Small nucleolar RNA
RNA <sub>t</sub> .....	RNA transportador
RNP <sub>n</sub> .....	Ribonucleoproteína nuclear
SSBP .....	Single-Strand Binding Protein
TBP .....	TATA Box-Binding Protein

[ 1 ]

# CONHECENDO NOSSA CÉLULA

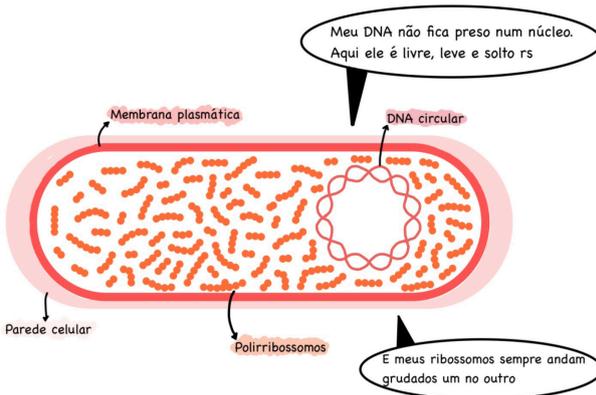


A descoberta da célula, feita em 1665 por Robert Hooke, permitiu avanços significativos na Biologia e na Medicina, pois, a partir de suas observações, foi possível identificar e entender quais são os constituintes dos organismos e da própria célula. A partir daí, estudos sucessivos mostraram que a célula é composta por unidades menores e que a união de várias células forma tecidos e possibilita a organização e arquitetura dos órgãos.

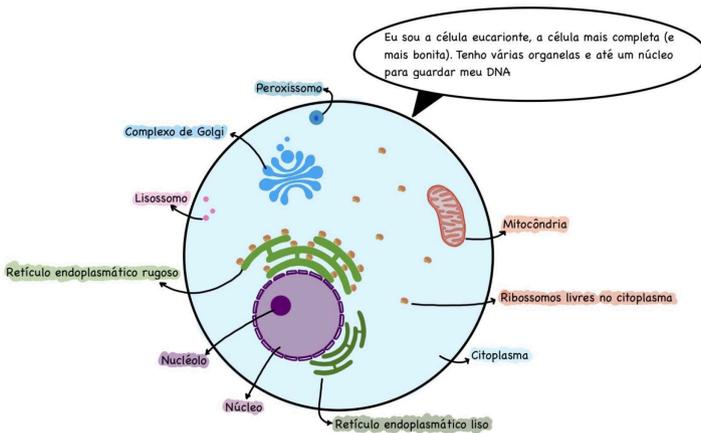
Outra característica importante sobre as células é que elas podem ser consideradas a menor unidade de vida, pois os menores seres vivos são os organismos unicelulares. Já foi levantada uma discussão sobre os vírus serem ou não seres vivos, mas, como são acelulares, o consenso diz que não são, até porque não apresentam a capacidade de duplicar suas partículas por si mesmos, sendo considerados então parasitas intracelulares obrigatórios, ou seja, dependem de uma célula para seus processos biológicos.

A célula é a estrutura básica funcional e estrutural dos seres vivos, sendo responsável pelo metabolismo deles. Em termos estruturais e bioquímicos, existem dois tipos de células: as procariontes (representadas pelas bactérias e arqueobactérias) e as eucariontes (representadas pelos protozoários, fungos, vegetais e animais).

As células procariontes caracterizam-se pela escassez de membranas, sendo que a única existente é a membrana plasmática. O citoplasma não se apresenta subdividido em compartimentos e os ribossomos apresentam-se livres. Quanto ao material genético, este ocupa um espaço dentro da célula denominado nucleóide, e observa-se a falta de um citoesqueleto. A forma mais simples das células procariontes, em geral esférica ou bastonete, é mantida pela parede celular, sintetizada no citoplasma e agregada à superfície externa da membrana plasmática.



A célula eucarionte possui duas regiões morfológicamente bem distintas: o citoplasma e o núcleo. O citoplasma é envolvido pela membrana plasmática e o núcleo pelo envoltório nuclear. Uma característica importante dessas células é sua riqueza em membranas, formando compartimentos que separam os diversos processos metabólicos. Podemos dizer que a célula eucarionte é uma fábrica organizada em diferentes setores. Além de aumentar a eficiência de cada etapa, a separação das atividades em diferentes compartimentos possibilita que essas células atinjam maior tamanho e complexidade, sem o prejuízo de suas funções.



## [ Constituintes de uma célula eucarionte ]

As células eucarióticas, em geral, são maiores que as procarióticas devido ao seu genoma mais extenso e à maior complexidade dos processos celulares que realizam. Conseqüentemente, apresentam uma organização celular mais complexa, com compartimentalização interna e organelas especializadas.

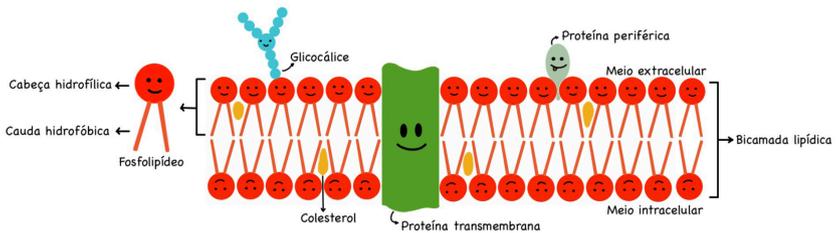
### Membrana plasmática

A membrana plasmática é a estrutura celular que estabelece o limite entre os meios intracelular e extracelular. Uma função importante dessa membrana é a manutenção da constância do meio intracelular, cuja

composição é diferente daquela apresentada pelo líquido extracelular. Os principais componentes da membrana plasmática são os lipídios (fosfolipídios e colesterol), as proteínas e os grupos de carboidratos que estão anexados a alguns lipídios e proteínas.

Os lipídios estão organizados em uma bicamada, sendo que as cabeças dos fosfolipídios, que são hidrofílicas, ficam expostas à água nas superfícies interna e externa da célula, enquanto as caudas de hidrocarboneto, que apresentam propriedades hidrofóbicas, ficam protegidas na porção interna da bicamada.

As proteínas transmembranares atravessam completamente a camada lipídica, enquanto as proteínas periféricas estão apenas parcialmente introduzidas na membrana. Na superfície externa da membrana, voltada para o espaço extracelular, há pequenas cadeias glicídicas ligadas a proteínas e lipídios. Seu conjunto constitui o glicocálice.



## Citoplasma

No interior da célula, o espaço entre as organelas é preenchido pelo citosol, no qual pode-se encontrar água, íons e macromoléculas, como proteínas, carboidratos, lipídios e ácidos nucleicos. O citoplasma faz parte das macromoléculas motoras que participam do transporte intracelular de organelas e vesículas, assim como as moléculas do citoesqueleto, que formam uma rede tridimensional de filamentos, constituída por microfilamentos de actina, microtúbulos e filamentos intermediários.

O citoesqueleto desempenha um papel muito mais abrangente do que apenas manter a arquitetura da célula. Essa estrutura dinâmica está envolvida em processos essenciais, como a locomoção celular (quando aplicável), o transporte intracelular de substâncias, que ocorre de forma altamente controlada e a divisão celular, garantindo a separação adequada dos cromossomos para sua correta distribuição entre as células-filhas.

Para facilitar a compreensão da organização celular, podemos utilizar

a analogia de uma piscina. Nessa comparação, a membrana plasmática corresponderia à borda da piscina, enquanto a água representaria o citoplasma. Dentro desse ambiente aquoso, as organelas celulares seriam equivalentes a estruturas submersas, como boias ou equipamentos, cada uma desempenhando funções específicas. O citoesqueleto, por sua vez, poderia ser comparado a um conjunto de grades ou trilhos invisíveis na água, responsáveis por organizar, sustentar e permitir o movimento eficiente das estruturas dentro da célula.

## Organelas

As organelas celulares são estruturas subcelulares delimitadas por membranas, cada uma desempenhando funções específicas essenciais para o funcionamento da célula. Essas estruturas permitem que os processos celulares ocorram de forma organizada, controlada e eficiente.

No citoplasma de células eucariontes, existe uma rede de vesículas achatadas, esféricas e tubulares que se intercomunicam formando um sistema contínuo. Esses elementos apresentam uma parede formada por uma membrana que delimita cavidades, as quais chamamos de cisternas do retículo endoplasmático. Essas cisternas constituem um sistema de túneis que percorrem todo o citoplasma.

O retículo endoplasmático é dividido em dois tipos: o rugoso e o liso. O Retículo Endoplasmático Rugoso (RER), também chamado de granuloso, possui ribossomos e é responsável pela síntese de proteínas. Já o Retículo Endoplasmático Liso (REL) não possui ribossomos e é responsável pela síntese de hormônios esteroides, pelo metabolismo de moléculas orgânicas, como os lipídios e o etanol, e também pela reserva de íons cálcio em alguns tipos celulares.



Os ribossomos são estruturas responsáveis pela síntese de proteínas e podem estar livres no citoplasma ou associados ao RER. Eles são compostos por proteínas e RNA ribossômico (RNAr) e possuem duas subunidades, uma maior e outra menor, que se unem durante o processo de tradução para formar novas cadeias polipeptídicas.

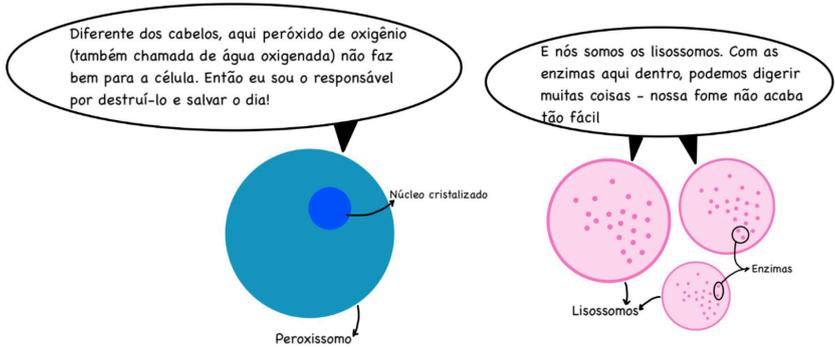


O complexo de Golgi é uma organela composta por um conjunto de vesículas e cisternas achatadas e empilhadas. Suas principais funções incluem o processamento, a modificação e a maturação de proteínas sintetizadas no RER, além da triagem e do direcionamento de moléculas produzidas pela célula. Essas moléculas podem ser encaminhadas para vesículas de secreção e para a membrana plasmática ou dar origem aos lisossomos, dependendo de sua função e seu destino final.

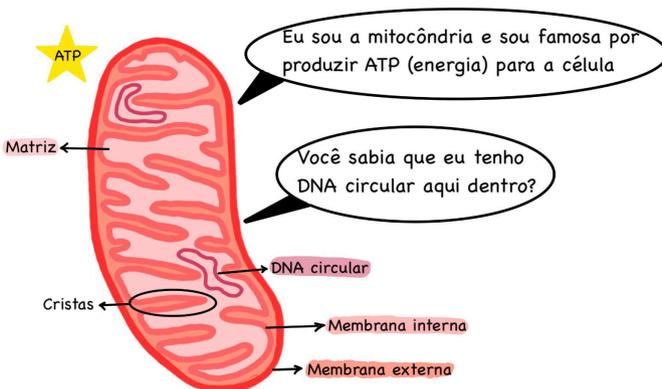


Os lisossomos e peroxissomos são organelas esféricas associadas à degradação de moléculas, embora por mecanismos bastante diferentes. Os lisossomos são organelas de tamanhos variáveis, com depósitos de enzimas

utilizadas pelas células para digerir moléculas. Os peroxissomos contêm a maior parte da catalase celular, enzima que converte o peróxido de hidrogênio em água e oxigênio. Essa reação é muito importante, porque o peróxido de hidrogênio prejudicaria a célula se não fosse eliminado rapidamente.



As mitocôndrias são organelas esféricas ou alongadas e são constituídas por duas membranas, entre as quais se localiza o espaço intermembranoso. A membrana interna emite projeções para o interior da matriz, chamadas de cristas mitocondriais. Entre elas, situa-se a matriz mitocondrial, amorfa, rica em proteínas e contendo uma pequena quantidade de ácido desoxirribonucleico (DNA) e ácido ribonucleico (RNA). As mitocôndrias transformam a energia química contida em moléculas obtidas pela alimentação em energia facilmente utilizável pela célula. Aproximadamente 50% dessa energia é armazenada nas ligações fosfato da adenosina trifosfato (ATP) e os 50% restantes são dissipados sob a forma de calor, utilizado para manter a temperatura do corpo.

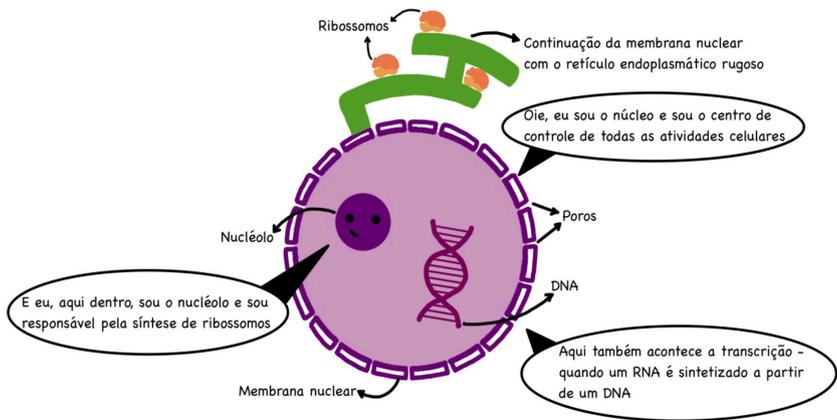


## Núcleo

O núcleo é delimitado por uma membrana dupla, chamada envoltório nuclear, que contém poros que regulam o trânsito de macromoléculas de seu interior para o citoplasma e vice-versa. Todas as moléculas de RNA são sintetizadas no núcleo. A membrana externa do envoltório nuclear contém ribossomos, dando continuidade ao RER.

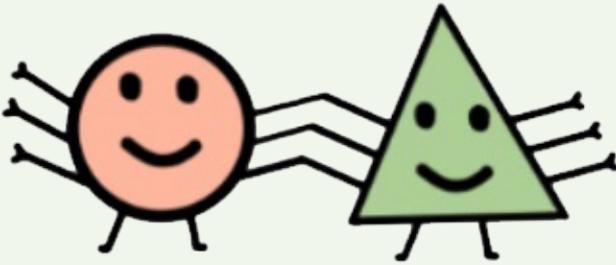
O núcleo é o centro de controle de todas as atividades celulares, porque contém todo o genoma da célula, exceto, apenas, pelo pequeno genoma das mitocôndrias. Vale explicitar que denomina-se genoma o conjunto de informações genéticas codificadas no DNA. No interior do núcleo, pode-se encontrar o nucléolo, no qual ocorre a transcrição do RNA e a montagem das subunidades dos ribossomos.

O DNA é como se fosse um grande livro de receitas para todas as proteínas que somos capazes de produzir, e essas proteínas possuem diversas funções, como estrutural, regulatória, de transporte, enzimática e de defesa.



[ 2 ]

## DNA E RNA



Desde a época de Gregor Mendel (1822-1884) busca-se esclarecer a natureza química da transmissão e do armazenamento do material genético. Mendel sabia que existiam “agentes de natureza particulada” responsáveis por esse mecanismo, porém, não conhecia a estrutura química de tais agentes. Somente em meados da década de 1950 é que James Watson e Francis Crick propuseram um modelo para explicar a estrutura do DNA, a qual é reconhecida até hoje.

A partir dessas e de outras descobertas importantes, sabe-se que o armazenamento e a transmissão da informação genética são realizados por meio dos ácidos nucleicos, que são polímeros compostos por unidades repetitivas, os nucleotídeos. O DNA e o RNA são os dois ácidos nucleicos presentes nas células e ambos desempenham papéis essenciais no armazenamento e na transmissão da informação genética. No entanto, eles possuem diferenças significativas em termos de estrutura, função e localização nas células.

### **Localização celular**

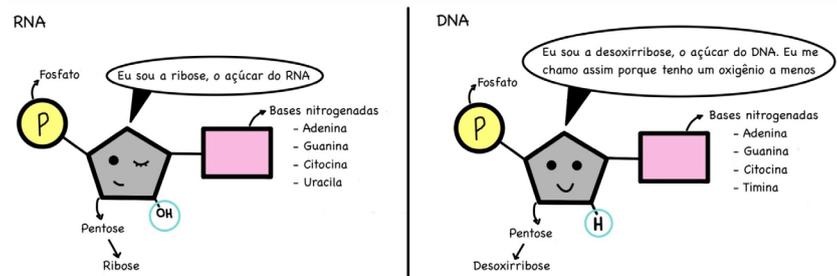
Nos seres eucariontes, o DNA está localizado no núcleo da célula, embora também esteja presente em pequenas quantidades nas mitocôndrias (DNA mitocondrial). Agora, nos seres procariontes, que não possuem núcleo, o DNA fica livre no citoplasma.

Nas células eucarióticas, o RNA está presente em diversos compartimentos celulares. Todos os tipos de RNA são sintetizados no núcleo e, posteriormente, transportados para o citoplasma, no qual podem ser traduzidos, como é o caso dos RNAs mensageiros (RNAm). Alguns podem desempenhar outras funções, se forem RNAs não codificantes, por exemplo, o RNAr e o RNA transportador (RNAt).

### **Estrutura**

Como já visto, os ácidos nucleicos são compostos por unidades chamadas de nucleotídeos, as quais são constituídas por uma base nitrogenada, um açúcar e um grupo fosfato. Os nucleotídeos são as unidades básicas do DNA e RNA, e sua estrutura química varia conforme o tipo de ácido nucleico. A principal diferença entre eles está no tipo de açúcar presente na molécula. No DNA, o açúcar é a desoxirribose, que possui um átomo de

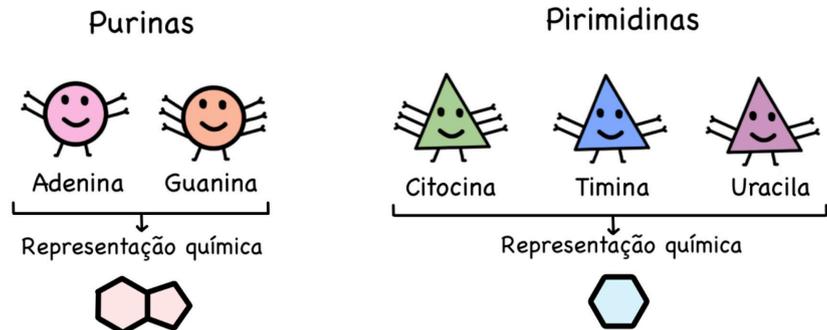
oxigênio a menos no carbono 2' em relação à ribose, encontrada no RNA. Essa diferença torna o DNA mais estável. O RNA, por sua vez, por conter um grupo hidroxila (-OH) no carbono 2' da ribose, é quimicamente mais reativo e menos estável em comparação com o DNA.



## Bases nitrogenadas

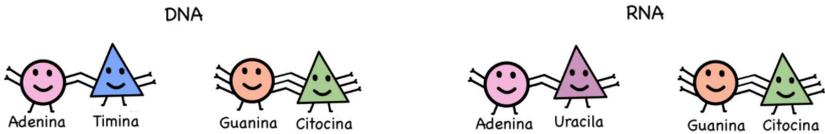
As bases nitrogenadas podem ser classificadas em pirimidinas e purinas de acordo com sua estrutura química. As pirimidinas possuem um anel simples em sua estrutura e incluem a citosina (C), a timina (T) e a uracila (U). Quanto às purinas, estas têm uma estrutura de anel duplo e incluem a adenina (A) e a guanina (G).

Estudos observacionais demonstraram que a quantidade total de nucleotídeos pirimidinas (T e C) é sempre igual à quantidade de nucleotídeos purinas (A e G), o que evidencia a complementaridade entre esses dois grupos, na molécula de DNA.



► **DNA:** suas bases nitrogenadas são adenina (A), timina (T), citosina (C) e guanina (G). No DNA, a adenina faz ligação com a timina por duas pontes de hidrogênio, enquanto a citosina e a guanina estão ligadas entre si por três pontes de hidrogênio.

► **RNA:** suas bases são adenina (A), uracila (U), citosina (C) e guanina (G). A uracila substitui a timina no RNA, de modo que a adenina se emparelha com a uracila. Assim como no DNA, a citosina e a guanina se ligam por três pontes de hidrogênio, enquanto a adenina e a uracila estão ligadas por duas pontes de hidrogênio.



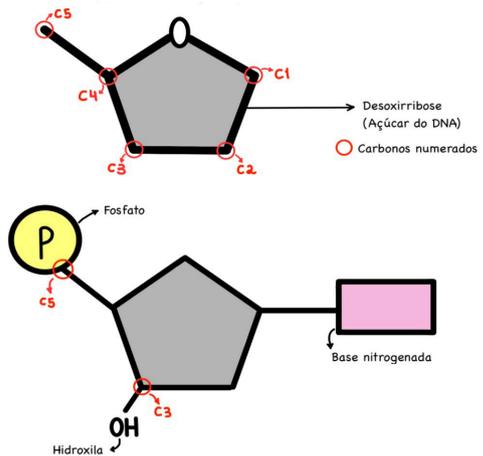
As bases nitrogenadas andam juntas por ligações chamadas pontes de hidrogênio

\*No abecedário do RNA, não existe a letra T



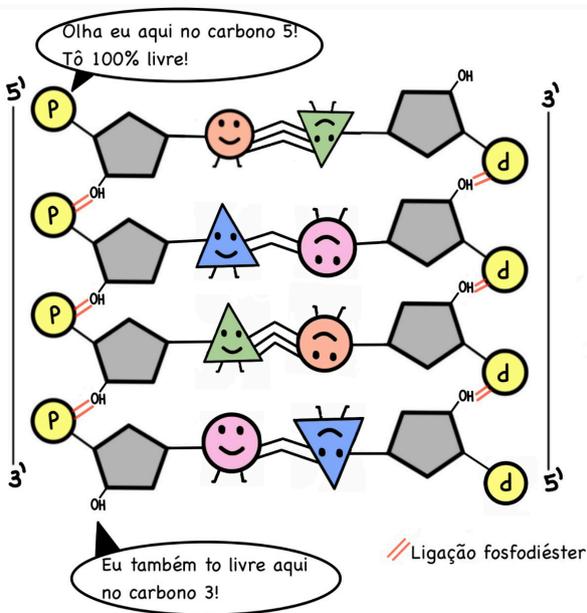
### Estrutura da cadeia

Os nucleotídeos estão covalentemente ligados entre si por ligações fosfodiéster, formando uma cadeia na qual os açúcares e fosfatos se alternam, criando a chamada cadeia principal de açúcar-fosfato. As letras A, C, G, T e U representam não só as bases nitrogenadas, mas também simbolizam os nucleotídeos completos, que incluem as bases ligadas aos seus respectivos grupos fosfato e açúcar. A maneira como os nucleotídeos estão conectados confere uma polaridade química à fita de DNA ou RNA, o que permite distinguir facilmente suas extremidades. Uma extremidade contém um

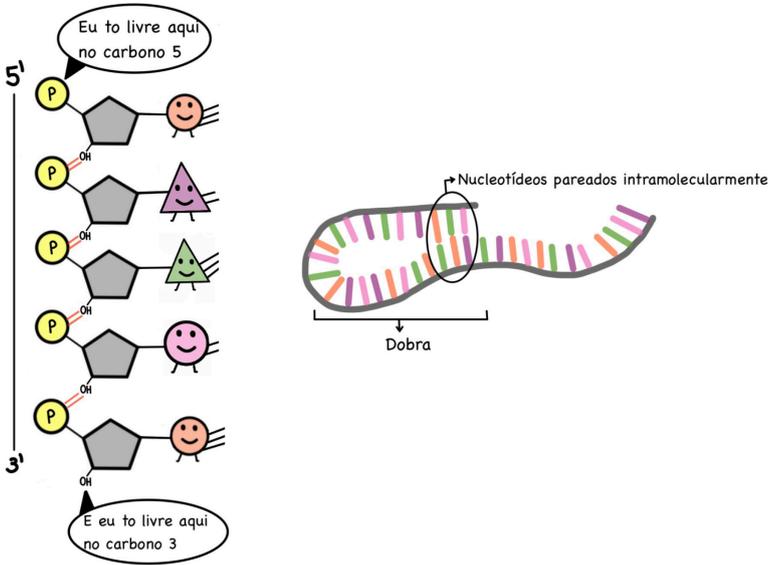


grupo hidroxila (OH) livre no carbono 3' da desoxirribose, enquanto a outra extremidade apresenta um grupo fosfato livre no carbono 5'. Essa polaridade é indicada pela nomenclatura das extremidades, como extremidade 3' e extremidade 5', esta derivada da orientação do açúcar desoxirribose.

O DNA é uma molécula formada por duas cadeias polinucleotídicas dispostas em uma dupla hélice, na qual cada cadeia se enrola ao redor da outra. Essas cadeias são antiparalelas, ou seja, a orientação 5'-3' de uma fita é oposta à orientação 5'-3' da outra. A estabilidade da dupla hélice é garantida pelo pareamento específico de bases nitrogenadas, no qual a adenina (A) de uma fita se pareia com a timina (T) da fita complementar, e a guanina (G) se pareia com a citosina (C), por meio de ligações de hidrogênio.



O RNA é uma molécula composta por uma única cadeia de nucleotídeos que pode dobrar sobre si mesma, formando segmentos pareados entre pequenos trechos de seqüências complementares. Essas dobras são essenciais para sua função, especialmente em moléculas como o RNAt e o RNAr. O RNA desempenha diversos papéis na célula, sendo fundamental para a síntese de proteínas, regulação gênica e até mesmo em algumas reações catalíticas.

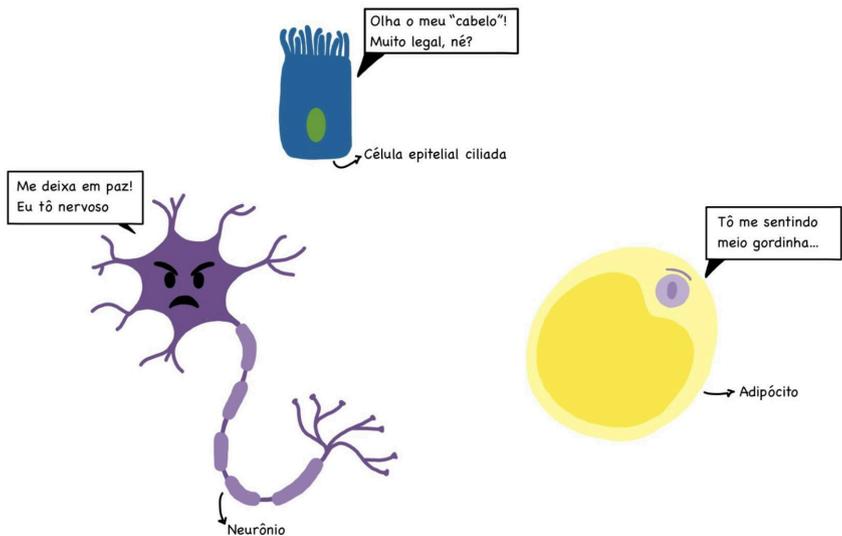


## Função

A principal função do DNA é armazenar a informação genética e servir como um modelo para replicação. O DNA contém as instruções completas para a formação e o funcionamento de todos os organismos vivos, sendo transmitido de geração em geração. Como cada fita de DNA contém uma sequência de nucleotídeos complementar à da fita oposta, ela pode servir como molde para a síntese de uma nova fita. Isso significa que a informação genética pode ser copiada com precisão por meio de um processo altamente eficiente. Essa capacidade de atuar como molde permite que a célula possa replicar seu material genético antes de transmiti-lo às células-filhas. Esse mecanismo, fundamental para a preservação da informação genética ao longo das gerações, ocorre de forma organizada e altamente regulada, garantindo a fidelidade da replicação do DNA.

Os diferentes tipos celulares em um organismo multicelular apresentam variações em estrutura e função. Inicialmente, os biólogos acreditavam que, durante a diferenciação celular, alguns genes fossem seletivamente perdidos, tornando o processo irreversível. No entanto, hoje sabemos que a diferenciação ocorre sem que haja alterações na sequência de nucleotídeos do DNA. Assim, todas as células de um organismo multicelular compartilham

o mesmo material genético, mas expressam diferentes conjuntos de genes, o que as torna diferentes umas das outras.



O RNA desempenha diversas funções essenciais na célula, sendo um intermediário entre os genes e a síntese de proteínas.

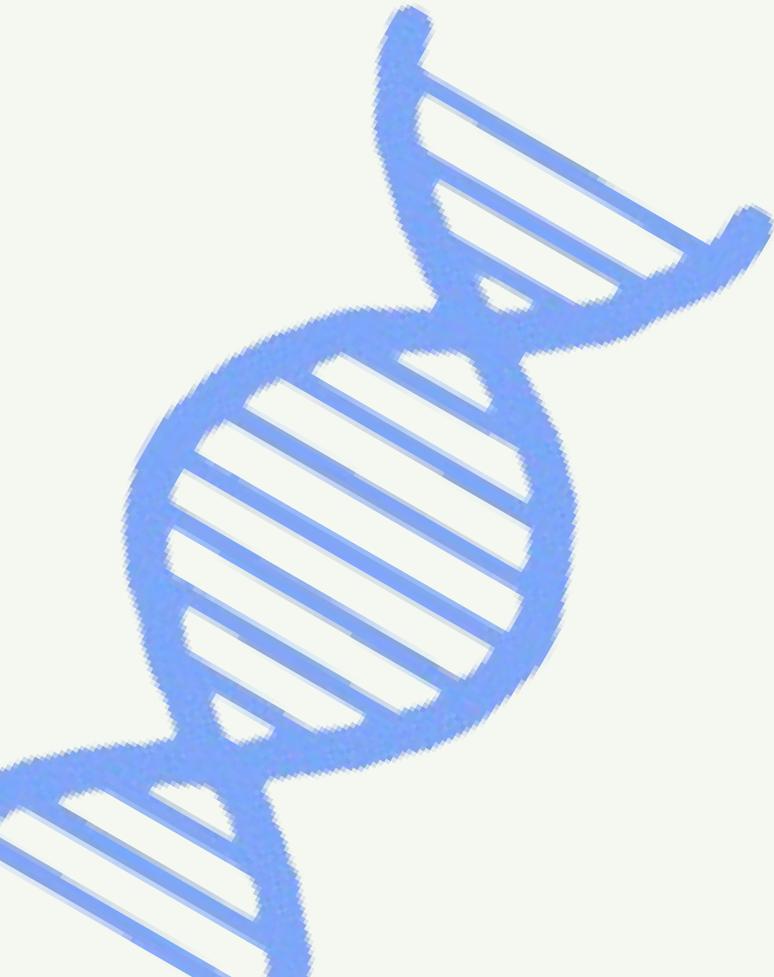
O RNA mensageiro (RNAm) atua como um transmissor da informação genética, carregando as instruções do DNA para os ribossomos, nos quais ocorre a síntese de proteínas. Os demais tipos de RNA são considerados funcionais, pois não são traduzidos em proteínas.

O RNAt funciona como um adaptador, reconhecendo os códonos do RNAm e trazendo os aminoácidos correspondentes para a produção da proteína. Além disso, o RNA pode ter uma função estrutural, como é o caso do RNAr, que faz parte da estrutura dos ribossomos, auxiliando na síntese proteica. Os *small nuclear RNAs* (RNAsn) desempenham um papel crucial no processo de *splicing* do transcrito primário, sendo fundamentais para a remoção dos íntrons (sequências não codificantes) e a união dos éxons (sequências codificantes) para a formação de um RNAm. Os *small nucleolar RNAs* (RNAsno) estão envolvidos na maturação do RNAr no nucléolo.

Outro papel importante do RNA está na regulação da expressão gênica. Algumas moléculas como os micro RNAs (RNAmi) podem se ligar a determinados RNAm, controlando sua tradução em proteínas. Por fim, algumas moléculas de RNA atuam como ribozimas, funcionando como enzimas que catalisam reações essenciais na célula.

[ 3 ]

## GENE E GENOMA



Além do conhecimento da estrutura química do DNA, é importante entender a correlação funcional entre essa estrutura e sua função. É aí que temos o conceito de gene, uma sequência de nucleotídeos que contém a informação necessária para a síntese de uma proteína ou de um RNA funcional.

O genoma, por sua vez, refere-se à sequência completa de DNA de um organismo, ou seja, à totalidade de seus genes somada às outras sequências não codificantes de DNA. O genoma humano é composto por aproximadamente 3 bilhões de pares de bases e contém cerca de 23.000 genes. Mais de 90% do genoma humano é formado por sequências não codificantes, como regiões intergênicas e sequências repetitivas.

Os genes são os componentes que formam o genoma. Cada gene possui uma sequência única que é responsável pela codificação de proteínas ou RNAs funcionais, e essas sequências estão distribuídas ao longo da molécula de DNA.

## [ Estrutura do gene ]

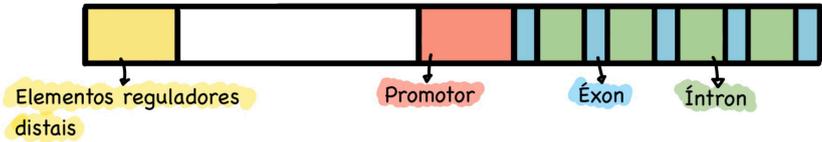
A estrutura de um gene é composta pelas seguintes partes principais:

▶ **Promotor:** uma sequência reguladora na qual proteínas específicas se ligam para iniciar a transcrição. Inclui a TATA box, uma sequência consenso importante para o reconhecimento do local de início da transcrição.

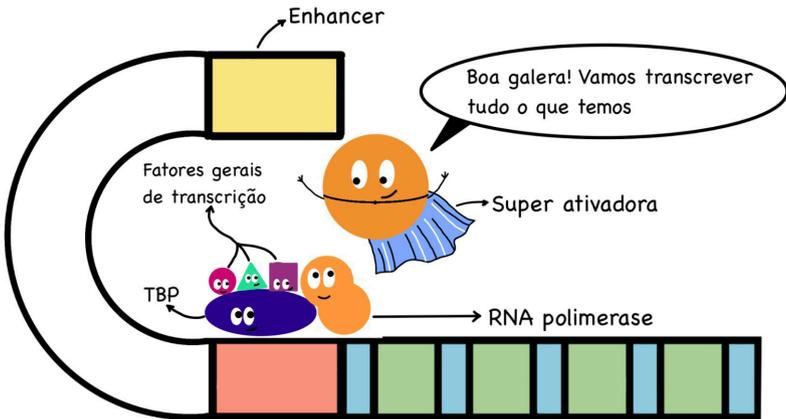
▶ **Éxons:** segmentos codificantes do gene que contêm a informação que será traduzida em proteína.

▶ **Íntrons:** segmentos não codificantes do gene, que são removidos durante o processamento do RNA, antes da tradução em proteína.

▶ **Elementos reguladores distais:** os elementos reguladores distais estão localizados antes da região promotora de um gene e, em sua maioria, atuam para intensificar a transcrição. Quando necessário, esses elementos reguladores distais interagem com a região promotora, facilitando a ligação de mais moléculas de RNA polimerase e, assim, intensificando a transcrição do gene. Além de exercerem um papel intensificador, esses elementos também podem ter uma função inibitória sobre a transcrição, dependendo da interação com outras proteínas ou fatores reguladores.



Quando os elementos reguladores distais exercem uma função intensificadora da transcrição, eles são conhecidos como *enhancers*. Por outro lado, os elementos reguladores que inibem a transcrição são chamados de silenciadores. Essas regiões distais podem atuar a grandes distâncias do gene e são essenciais para a regulação precisa da expressão gênica, influenciando a ativação ou repressão da transcrição de forma coordenada. A ação dos *enhancers* e silenciadores depende de uma rede complexa de interações entre proteínas e outras moléculas, que, por sua vez, modula a atividade da RNA polimerase.



## [ Cromatina ]

O DNA, por si só, é uma molécula longa e linear e, para caber no núcleo celular, ele precisa ser compactado. Essa compactação ocorre por meio da associação do DNA com proteínas chamadas de histonas, que formam uma estrutura básica chamada de nucleossomo. O nucleossomo é composto por um segmento de DNA que se enrola em torno de um núcleo de oito histonas, cujo comprimento corresponde aproximadamente a duas voltas,

o qual contém cerca de 140 pares de bases. As histonas são as principais responsáveis pelo nível de compactação do DNA. Há vários graus de enrolamento, sendo que, além do enrolamento do DNA nas histonas, há também o enrolamento dos nucleossomos neles mesmos, e o enrolamento do DNA com proteínas não histônicas.

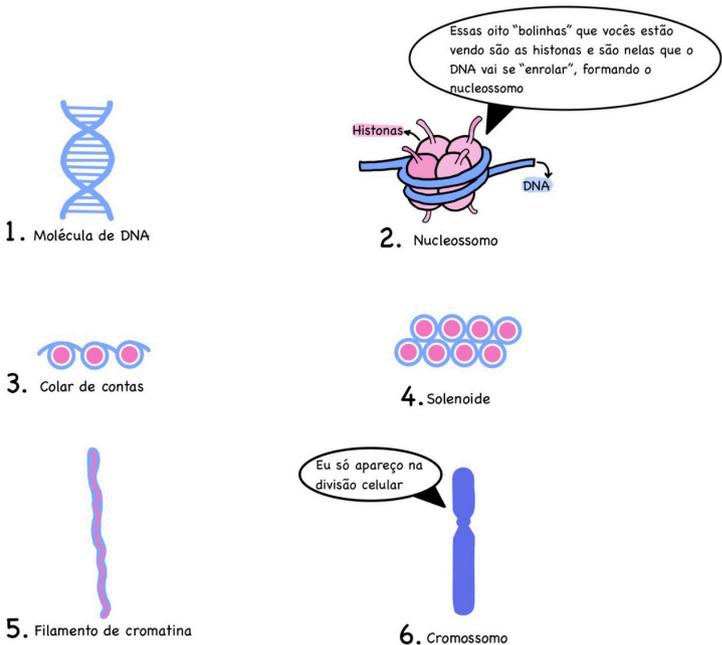
## Níveis de compactação

▶ **Nucleossomos:** a estrutura mais básica da cromatina. O DNA se enrola em torno de um octâmero de histonas.

▶ **Colar de contas:** uma sequência de nucleossomos (as “contas”) conectados por um segmento de DNA (o “fio” do colar).

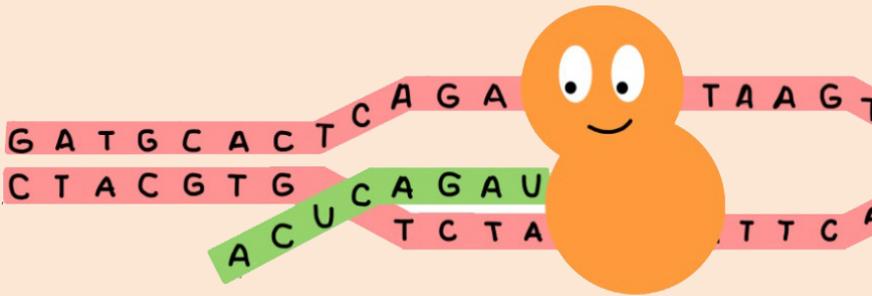
▶ **Solenóide (30 nm):** os nucleossomos se associam para formar uma estrutura mais compacta, conhecida como fibra de 30 nanômetros, que é estabilizada por interações adicionais entre as histonas e outras proteínas.

▶ **Cromossomos:** condensação máxima da cromatina, observada apenas na divisão celular (mitose e meiose).



[ 4 ]

# TRANSCRIÇÃO E PROCESSAMENTO DO RNA<sub>M</sub>



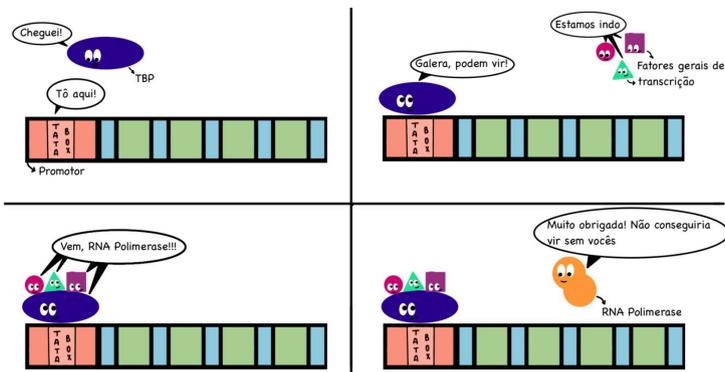
## [ Transcrição ]

A transcrição ocorre no núcleo, mas a síntese de proteínas ocorre nos ribossomos, que se encontram no citoplasma. Desse modo, antes que um RNA<sub>m</sub> eucariótico possa ser traduzido em proteína, ele deverá ser transportado para fora do núcleo por pequenos poros existentes no envelope nuclear.

O processo de transcrição do DNA é a etapa em que a informação genética contida na sequência de DNA é copiada para uma molécula de RNA pela enzima RNA polimerase. É a primeira fase da expressão gênica e ocorre no núcleo das células. Para transcrever um gene, a RNA polimerase passa por uma série de etapas bem definidas, agrupadas em três fases: iniciação, alongamento e terminação.

### Iniciação – Reconhecimento da região promotora

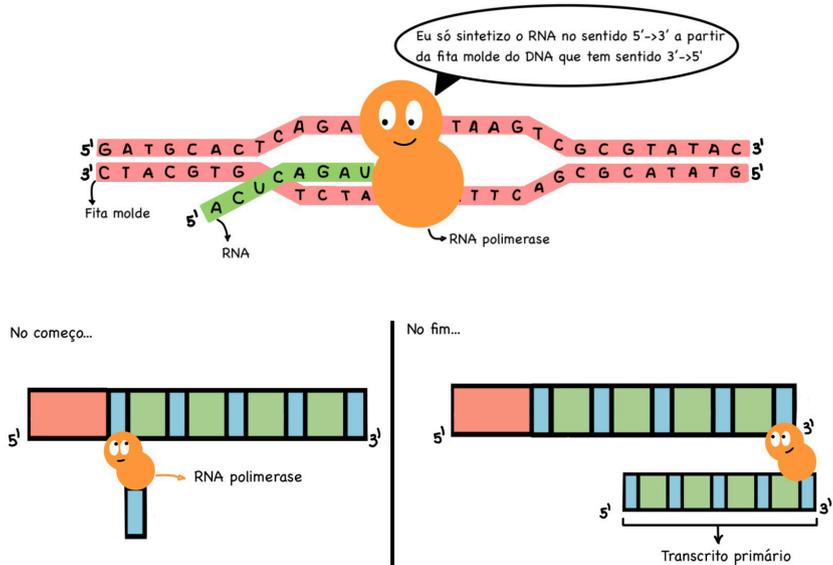
A RNA polimerase eucariótica sozinha não é capaz de se ligar à região promotora. Para dar início à transcrição, a RNA polimerase II necessita de fatores gerais de transcrição. Esses fatores ajudam a posicionar corretamente a RNA polimerase eucariótica sobre o promotor, denominando-as de gerais, porque são necessárias para praticamente todos os promotores utilizados pela RNA polimerase II. Quando o fator TATA *Box-Binding Protein* (TBP) se liga ao TATA box, uma região do promotor composta por alguns nucleotídeos T e A, desencadeia uma distorção no DNA. Isso faz com que os outros fatores possam se ligar mais facilmente ao promotor e recrutem a RNA polimerase para que se inicie a transcrição.



## Alongamento – Síntese do RNA

Uma vez que a transcrição tenha começado, muitos dos fatores gerais de transcrição se dissociarão do DNA, tornando-se, em seguida, disponíveis para iniciar outro ciclo de transcrição com uma nova molécula de RNA polimerase.

A etapa de alongamento envolve a síntese progressiva da molécula de RNA pela RNA polimerase II, na medida em que esta percorre a fita molde de DNA no sentido 3' → 5', gerando um transcrito primário no sentido 5' → 3'. Nucleotídeos de RNA (adenina, uracila, citosina e guanina) são adicionados de acordo com as bases complementares na fita de DNA (A emparelha com U e G com C).



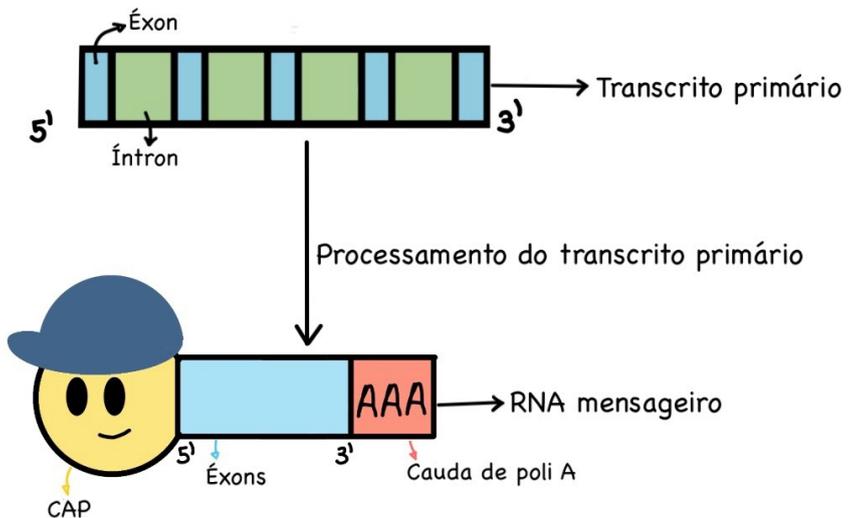
## [ Processamento do RNAm ]

O processamento do RNA, também conhecido como pré-RNAm ou transcrito primário, ocorre simultaneamente à transcrição e é crucial para formar um RNAm maduro, pronto para ser exportado para o citoplasma e

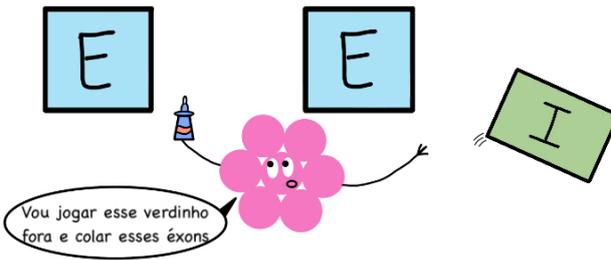
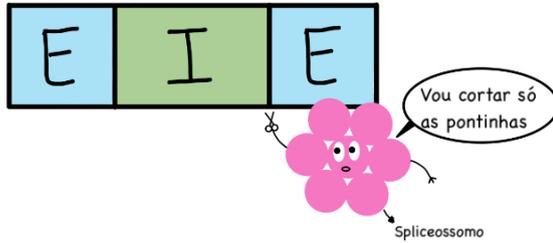
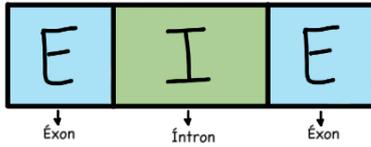
posteriormente traduzido pelos ribossomos. Esse processamento envolve três etapas principais: adição do cap na extremidade 5', *splicing* e adição da cauda poli-A na extremidade 3'.

▶ **Adição do cap:** é a adição da 7-metilguanósina (recebe o nome de cap, pois faz referência a "capuz") à extremidade 5' do transcrito primário. Suas funções são: proteção do RNAm da degradação por exonucleases, facilitação do transporte do RNAm para fora do núcleo e conexão do RNAm ao ribossomo no início da tradução.

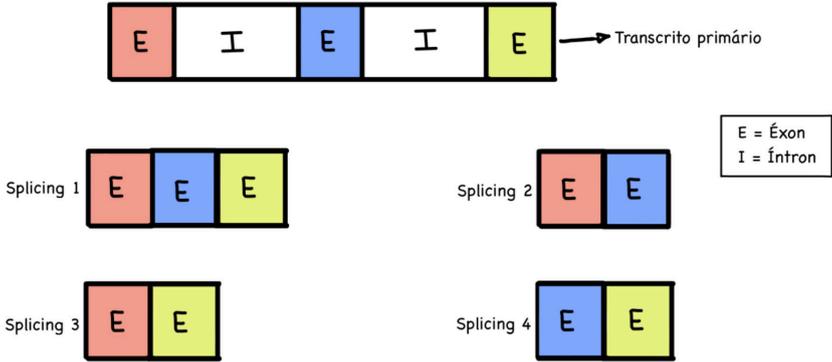
▶ **Adição da cauda de poli(A):** uma enzima denominada poli(A) polimerase adiciona cerca de 100 a 250 adeninas à extremidade 3' do RNAm. Diferentemente da RNA polimerase II, a poli(A) polimerase não precisa de um molde de DNA para realizar seu trabalho. A cauda de poli(A) é necessária para proteger a extremidade 3' do RNAm da degradação enzimática e ajuda o RNAm a sair do núcleo.



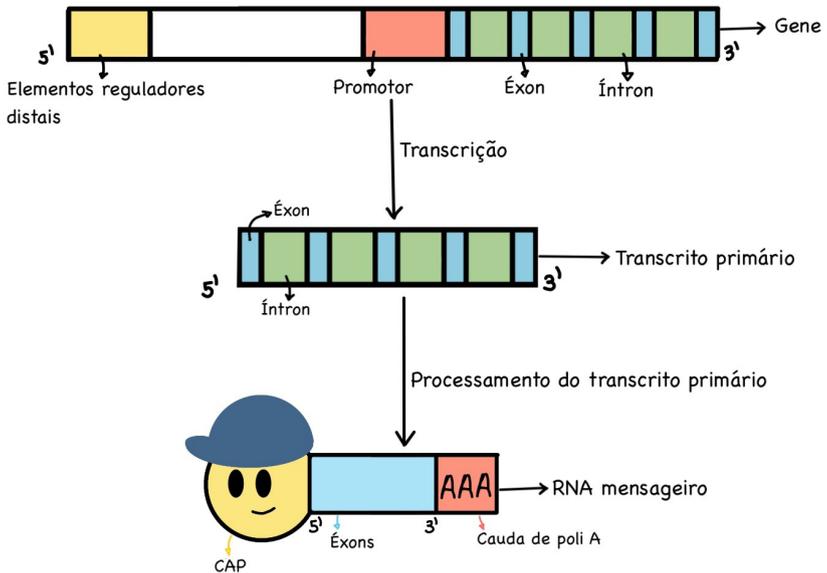
▶ **Splicing:** é um processo essencial na maturação do RNAm, no qual os íntrons são removidos e os éxons são unidos, formando um RNAm funcional que será traduzido em proteína. O *splicing* é realizado pelo spliceossomo, um complexo ribonucleoproteico composto por pequenas ribonucleoproteínas nucleares (RNPN, como U1, U2, U4, U5 e U6) e proteínas associadas.



Os transcritos primários podem ser processados por *splicing* sob diferentes formas, cada uma delas levando à produção de uma proteína distinta. Esse mecanismo, chamado de *splicing* alternativo, permite que diferentes proteínas sejam produzidas a partir de um mesmo gene. Acredita-se que cerca de 95% dos transcritos passam pelo *splicing* alternativo. Dessa forma, permite-se que os eucariotos elevem astronomicamente o potencial de codificação de seus genomas.



Em resumo, o gene, incluindo tanto íntrons quanto éxons, é transcrito em RNA. Após a adição do cap 5', e à medida que a RNA polimerase II continua a transcrever o gene, inicia-se o processo de *splicing*, no qual os íntrons são removidos e os éxons são unidos. Por fim, o transcrito recebe uma cauda poli(A) e pode, então, ser chamado de RNAm, uma molécula funcional que deixa o núcleo e é traduzida em proteína pelos ribossomos.



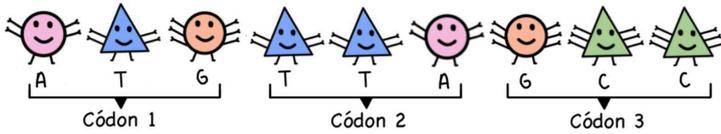
[ 5 ]

# TRADUÇÃO

		segunda posição		
		U	C	G
primeira posição	U	UUU	UCU	UUA
		UUC	UCC	UAC
		UUA	UCA	UAA
		UUG	UCG	UAG
		Phe	Ser	
	C <td>CUU</td> <td>CCU</td> <td>CAU</td>	CUU	CCU	CAU
		CUC	CCC	CAC
		CUA	CCA	CAA
		CUG	CCG	CAG
		Leu	Pro	
	A	AUU	ACU	AAU
		AUC	ACC	AAC
AUA		ACA	AAA	
AUG		ACG	AAG	
	Ile	Thr		
G	GUU	GCU	GAU	
	GUC	GCC	GAC	
	GUA	GCA	GAA	
	GUG	GCG	GAG	
	Val	Ala		

A informação presente na sequência de nucleotídeos do RNAm é utilizada para sintetizar uma cadeia peptídica, sendo que, na maioria das vezes, é formada uma proteína. A transcrição como forma de transferência de informação é de fácil compreensão: uma vez que o DNA e o RNA são química e estruturalmente semelhantes, o DNA pode agir como um molde direto para a síntese de RNAm pelo pareamento de bases complementares. Como indica o termo “transcrição”, é como se uma mensagem manuscrita fosse convertida para um texto digitado. Por outro lado, a conversão da informação do RNAm para proteína representa uma tradução para um sistema completamente diferente, que utiliza símbolos distintos. Enquanto o RNA é composto por apenas quatro tipos de nucleotídeos, as proteínas são formadas por 20 tipos diferentes de aminoácidos. Dessa forma, não há uma correspondência direta entre um nucleotídeo e um aminoácido. Para que a sequência de nucleotídeos do RNAm seja corretamente convertida em uma sequência de aminoácidos, são aplicadas as regras do código genético, que estabelecem a relação entre os códons do RNA e os aminoácidos que compõem as proteínas.

A sequência de nucleotídeos em uma molécula de RNAm é lida em uma série ordenada de unidades de três nucleotídeos chamada de códons, que codifica aminoácidos específicos ou sinaliza o término da tradução.

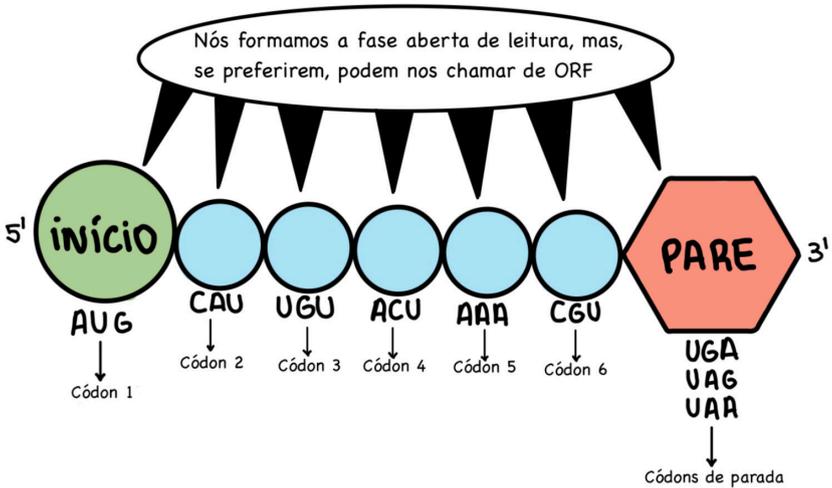


Eu sou o dicionário dos aminoácidos: aqui vocês podem ver como traduzir os códons em aminoácidos

		segunda posição							
		U	C	A	G	U	C	A	G
primeira posição	U	UUU Phe UUC UUA UUG Leu	UCU Phe UCC Ser UCA UCG	UAU Tyr UAC UAA UAG	UGU Cys UGC UGA UGG Trp				
	C	CUU Leu CUC CUA CUG	CCU Pro CCC CCA CCG	CAU His CAC CAA CAG	CGU Arg CGC CGA CGG				
	A	AUU Ile AUC AUA AUG Met	ACU Thr ACC Thr ACA Thr ACG Met	AUU Asn AAC Asn AAA Lys AAG Lys	AGU Ser AGC Ser AGA Arg AGG Arg				
	G	GUU Val GUC GUA GUG	GCU Ala GCC Ala GCA Ala GCG Ala	GAU Asp GAC Asp GAA Glu GAG Glu	GGU Gly GGC Gly GGA Gly GGG Gly				

A região codificadora de uma proteína no RNAm é composta por uma cadeia contínua de códons, chamada de fase aberta de leitura (comumente conhecida como *Open Reading Frame* – ORF). Cada ORF especifica uma única proteína, começando e terminando em sítios internos ao RNAm.

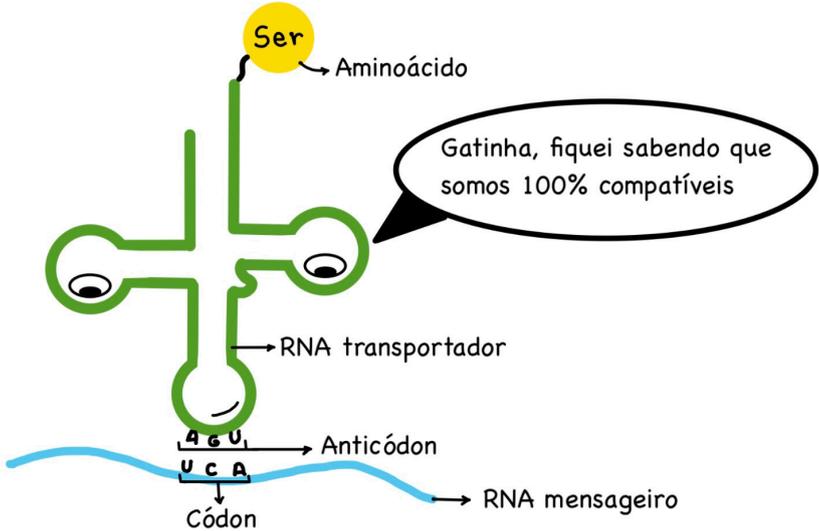
A tradução começa na extremidade 5' da ORF e prossegue na direção da extremidade 3'; um códon de cada vez. O primeiro e o último códons de uma ORF são conhecidos, respectivamente, como códons de início e de parada. O códon de início AUG especifica o primeiro aminoácido a ser incorporado na cadeia polipeptídica e define a fase de leitura para todos os códons subsequentes. Existem três códons de parada: UAA, UAG e UGA, que não codificam aminoácidos. Eles indicam o fim da tradução, levando à liberação do ribossomo da cadeia polipeptídica.



Os códons presentes na molécula de RNAm não reconhecem diretamente os aminoácidos. Para que a tradução ocorra corretamente, a célula utiliza moléculas adaptadoras chamadas de RNAs transportadores (RNA<sub>t</sub>), que desempenham um papel fundamental na conexão entre o código genético e a síntese proteica.

Cada RNA<sub>t</sub> possui um anticódon, uma sequência de três nucleotídeos que é complementar a um códon específico do RNAm. Essa região garante que o RNA<sub>t</sub> se ligue corretamente ao códon correspondente na fita de RNAm. Na outra extremidade da molécula de RNA<sub>t</sub>, há um sítio no qual um aminoácido específico é ligado. Durante a tradução, os RNA<sub>t</sub> atuam como “intérpretes” do código genético, garantindo que cada códon do RNAm

seja emparelhado com o aminoácido correto. Esse processo ocorre dentro dos ribossomos, que funcionam como verdadeiras fábricas de proteínas. Devido à precisão desse mecanismo, a célula consegue traduzir a sequência de nucleotídeos do RNAm em uma cadeia de aminoácidos que, ao final do processo, se dobra e forma uma proteína funcional.

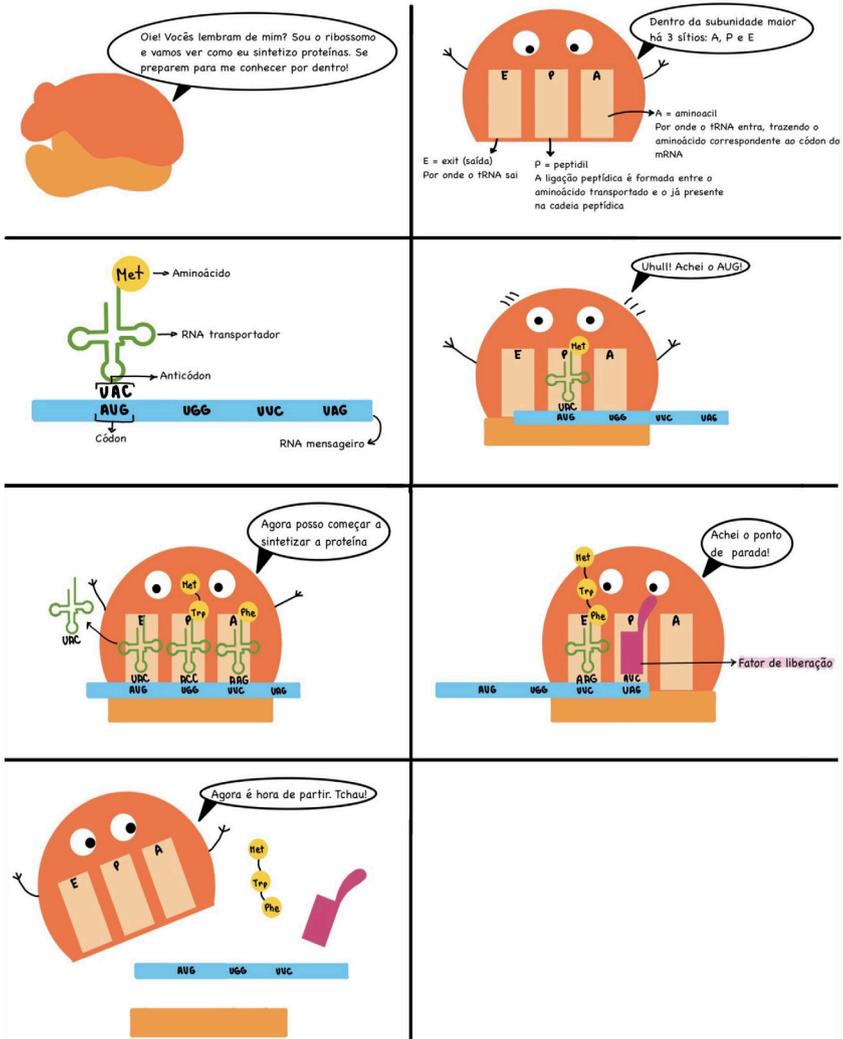


A tradução do RNAm ocorre em três principais etapas:

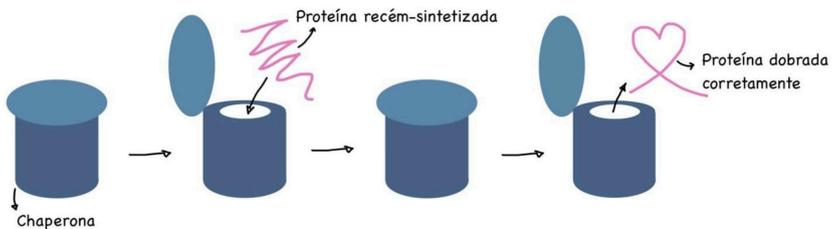
**1. Iniciação:** fatores de início da tradução reconhecem o cap 5' do RNAm, permitindo a ligação da subunidade menor do ribossomo, que então se moverá na direção 5' → 3' à procura do primeiro códon AUG. O RNAt iniciador, que carrega o aminoácido metionina, se liga ao códon AUG por meio de seu anticódon complementar, dando início à síntese proteica.

**2. Elongação:** à medida que a tradução avança, novos RNAt carregando aminoácidos específicos entram no ribossomo e se ligam aos códons do RNAm por meio do pareamento entre códon e anticódon. Com a adição de cada novo aminoácido, o ribossomo catalisa a formação de ligações peptídicas, promovendo o crescimento contínuo da cadeia. Simultaneamente, o ribossomo se desloca ao longo da molécula de RNAm, conduzindo os RNAt pelos sítios A, P e E, o que assegura a leitura precisa da sequência e incorporação correta dos aminoácidos na proteína em formação.

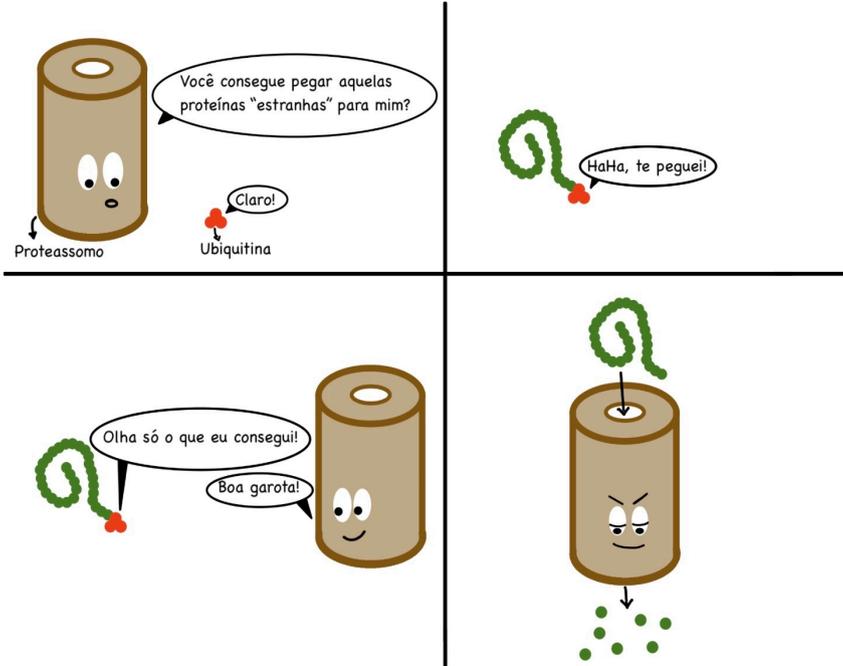
**3. Terminação:** à medida que a tradução avança, o processo continua até que o ribossomo encontre um códon de parada (UAA, UAG ou UGA) na sequência do RNAm. Como não há RNAt correspondente a esses códons, fatores de liberação se ligam ao ribossomo, promovendo a dissociação das subunidades maior e menor. Por fim, a cadeia polipeptídica recém-formada é liberada e pode sofrer dobramentos e modificações para adquirir sua estrutura final e tornar-se uma proteína funcional.



Algumas proteínas recém-sintetizadas precisam ser corretamente dobradas para adquirir sua conformação tridimensional funcional e desempenhar suas funções biológicas. Esse processo é mediado pelas chaperonas moleculares, que auxiliam no dobramento, evitam a agregação de proteínas malformadas e garantem sua estabilidade. As chaperonas moleculares são denominadas proteínas de choque térmico (*Heat Shock Proteins* – HSP), pois são sintetizadas em quantidades significativamente aumentadas após uma breve exposição das células a uma temperatura elevada. Existem várias famílias de chaperonas moleculares que podem atuar em diferentes organelas.

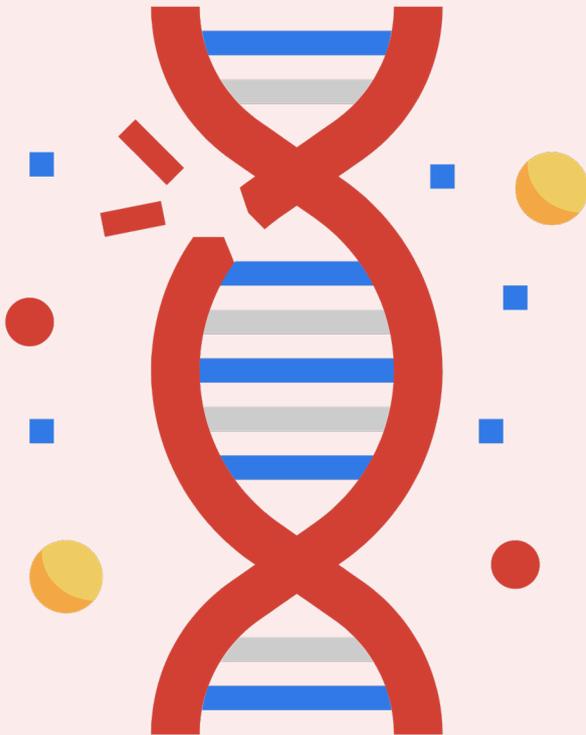


Quando o enovelamento de uma proteína falha, seja devido a mutações, erros na transcrição, *splicing* do RNA ou tradução, algumas proteínas nunca atingirão sua conformação correta. Para evitar que essas proteínas malformadas se acumulem e prejudiquem a célula, é essencial que sejam rapidamente degradadas. O principal mecanismo responsável por essa degradação é o sistema ubiquitina-proteassomo, fundamental para renovação proteica e regulação de diversos processos celulares. Nesse sistema, a ubiquitina, uma pequena proteína reguladora, se liga às proteínas que precisam ser eliminadas, funcionando como um marcador para sua degradação. Uma vez identificadas, essas proteínas são direcionadas ao proteassomo, uma protease dependente de ATP, que constitui cerca de 1% das proteínas celulares e atua como um sistema seletivo de degradação.



[ 6 ]

# MUTAÇÃO



O sucesso da manutenção da vida e, conseqüentemente, da sobrevivência de um indivíduo depende da integridade do material genético. É por essa razão que as mutações devem ocorrer em taxas mais baixas. Nossas células apresentam mecanismos eficientes para prevenção de mutações, bem como correção de erros que eventualmente ocorrem no material genético. Há também mecanismos que impedem a proliferação e perpetuação de células com muitas mutações, como a apoptose, por exemplo, que é a morte celular programada.

Mutação é a alteração natural ou induzida na sequência de nucleotídeos do DNA, sendo a replicação e alteração na estrutura química do DNA as responsáveis por essas alterações. Os erros na replicação e as lesões no DNA têm duas conseqüências. A primeira consiste nas alterações permanentes no DNA (mutações), que alteram a sequência codificadora de um gene ou suas seqüências reguladoras. A segunda é que algumas alterações químicas no DNA impedem sua utilização como molde para replicação e transcrição. Os efeitos das mutações geralmente se manifestam apenas na progênie da célula, na qual a alteração da sequência ocorreu, mas as lesões no DNA ou alterações na estrutura do DNA, que impedem a replicação ou transcrição, podem ter efeitos imediatos no funcionamento e na sobrevivência da célula.

As mutações podem ser letais, silenciosas ou até causar doenças. Essa alteração pode envolver apenas um nucleotídeo, sendo chamada de mutação pontual, ou se estender a grandes fragmentos de DNA, chegando a comprometer um ou mais genes ao mesmo tempo. Essas modificações podem ocorrer em quaisquer células, mas, caso aconteça nas células germinativas, podem ser passadas para a próxima geração, causando alterações no embrião, feto ou pós-natal. Mutações em células somáticas estão associadas a disfunções metabólicas, porém, apresentam estreita relação com o processo de oncogênese. Além disso, são elas a causa da variabilidade nas espécies, podendo ou não serem selecionadas pelo meio.

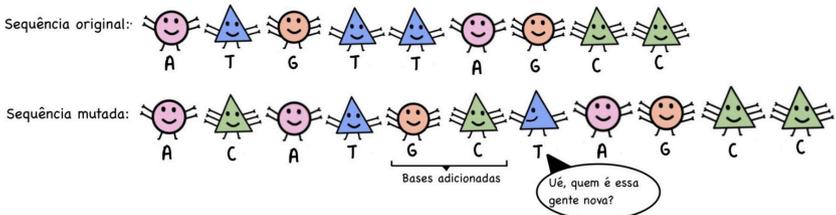
## [ Tipos de mutações no DNA ]

As mutações englobam alterações na sequência de nucleotídeos do DNA. As mais simples ocorrem quando uma base é substituída por outra, ou quando há inserção ou deleção de um ou poucos nucleotídeos. Essas mudanças, que afetam apenas um único nucleotídeo, são chamadas

de mutações pontuais. No entanto, existem mutações mais amplas que provocam modificações significativas na estrutura do DNA, como grandes inserções e deleções, além de rearranjos na organização dos cromossomos, podendo impactar diretamente a função gênica e estabilidade do material genético.

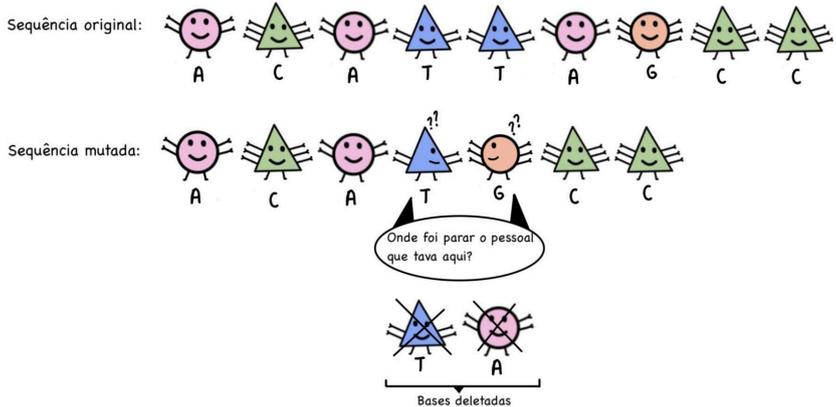
### Adição ou inserção

Quando são inseridos um ou mais nucleotídeos na sequência do DNA.



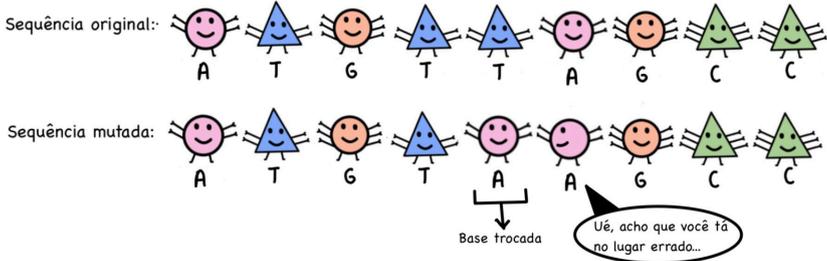
### Deleção

Quando um ou mais nucleotídeos são removidos da sequência do DNA.



## Substituição

Quando um nucleotídeo é substituído por outro.



## [ Alterações moleculares nas proteínas ]

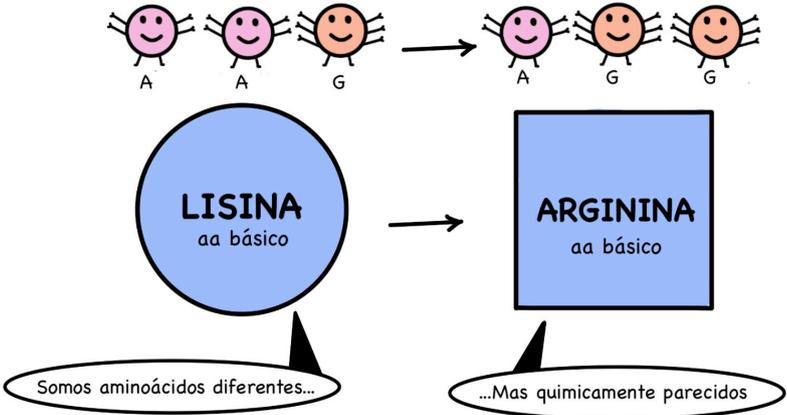
As alterações moleculares são o resultado das mutações no DNA, pois qualquer modificação na sequência do DNA pode levar à produção de um RNAm alterado e, conseqüentemente, a uma proteína modificada. As mutações de substituição de bases no DNA podem gerar três tipos principais de alterações nas proteínas: mutações de sentido trocado (*missense*), que levam à substituição de um aminoácido por outro; mutações sem sentido (*nonsense*), que introduzem um códon de parada prematuro, resultando em uma proteína truncada; e mutações silenciosas, que, apesar da alteração no DNA, não modificam a sequência de aminoácidos da proteína. Além disso, mutações envolvendo adição ou deleção de nucleotídeos podem causar uma mudança na matriz de leitura (*frameshift*), alterando completamente a sequência de aminoácidos a partir do ponto da mutação e impactando significativamente a função da proteína.

### Sentido trocado

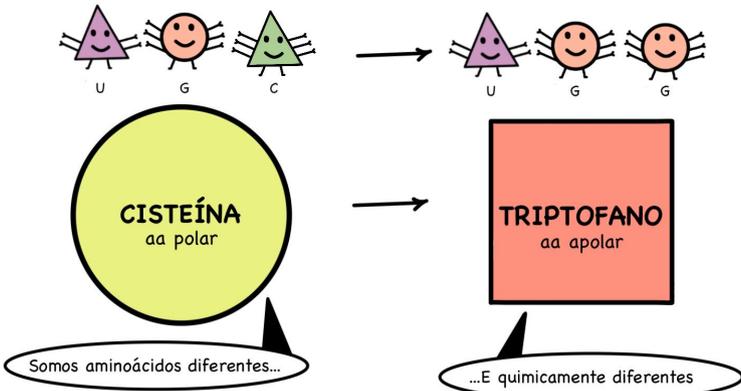
Quando uma mutação do tipo substituição ocorre no DNA e gera um códon alterado no RNAm que codifica um aminoácido diferente, temos uma mutação de sentido trocado. Essa alteração pode ser classificada como

conservativa ou não conservativa, dependendo das características químicas do novo aminoácido.

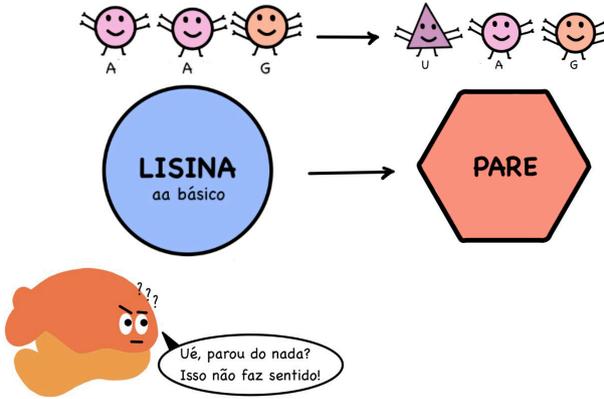
▶ **Sentido trocado conservativo:** ocorre quando o códon alterado codifica um aminoácido quimicamente semelhante ao original, minimizando possíveis impactos na estrutura e função da proteína.



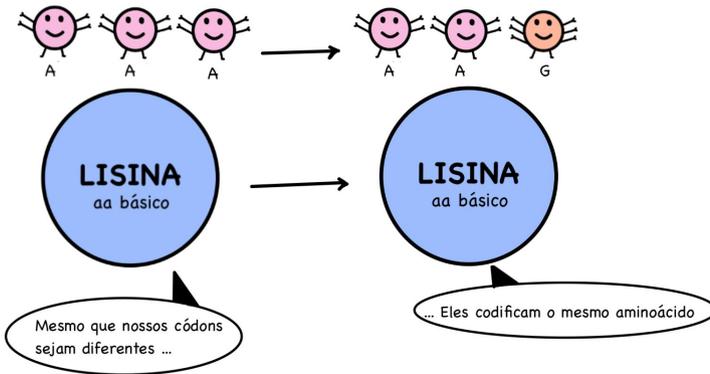
▶ **Sentido trocado não conservativo:** ocorre quando o códon alterado codifica um aminoácido quimicamente diferente do original, o que pode impactar significativamente a estrutura e a função da proteína.



▶ **Mutação sem sentido:** ocorre quando uma substituição no DNA resulta em um códon de parada no RNAm. Como consequência, a síntese da proteína é interrompida prematuramente, gerando uma proteína truncada, ou seja, menor do que a original, o que pode comprometer sua função.

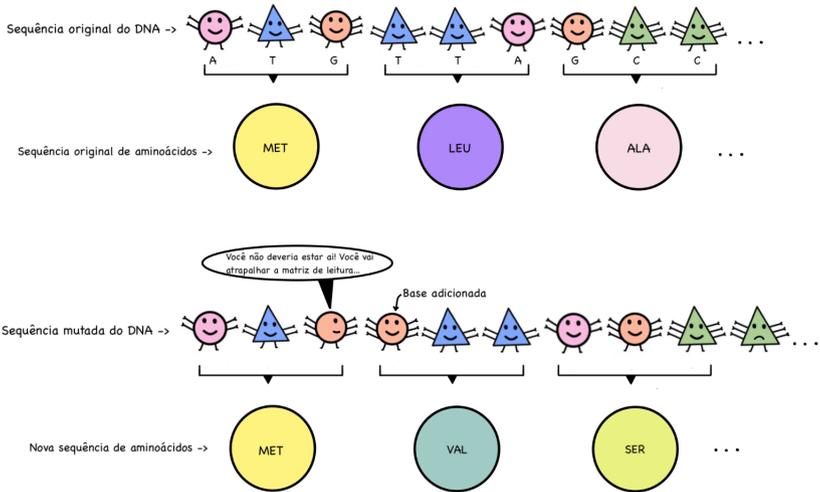


► **Mutação silenciosa:** ocorre quando há uma substituição no DNA que resulta em um códon alterado no RNAm, mas que ainda codifica o mesmo aminoácido da sequência original. Dessa forma, a proteína final permanece inalterada em sua composição.



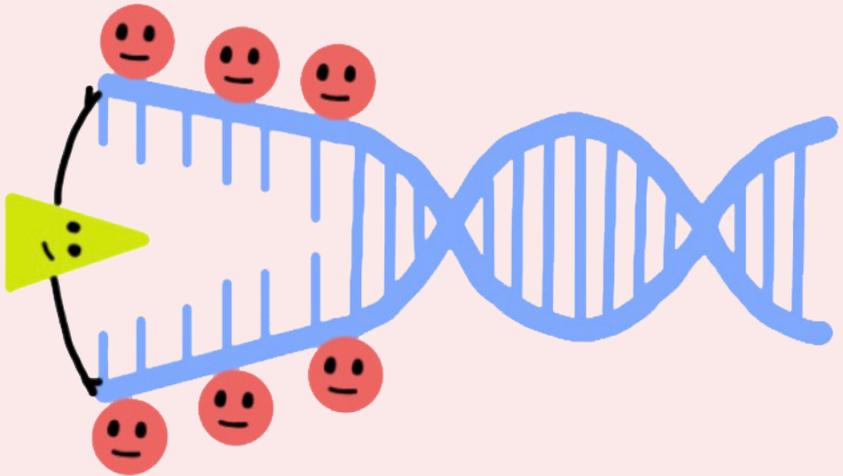
► **Mudança na matriz de leitura (*frameshift*):** Sabemos que cada códon é formado por três bases nitrogenadas e codifica um aminoácido. Assim, podemos estabelecer a relação: 3 bases nitrogenadas = 1 aminoácido. Se ocorrer a adição ou deleção de um número de nucleotídeos múltiplo de 3 (como 3, 6, 9, 12, 15, 18 etc.), a matriz de leitura não será alterada. Nesse caso, apenas um ou mais aminoácidos serão adicionados ou removidos da proteína final, sem afetar a sequência dos demais. Por outro lado, se a adição

ou deleção envolver um número de nucleotídeos que não seja múltiplo de 3 (como 2, 5, 8, 14, 17, 23), a matriz de leitura será deslocada. Isso significa que todos os códons a partir da mutação serão alterados, resultando em uma sequência de aminoácidos completamente diferente da original. Essa mudança pode gerar uma proteína com função comprometida ou até mesmo sem qualquer efeito biológico, podendo levar a alterações metabólicas significativas e justificar o fenótipo apresentado pelos pacientes.



[ 7 ]

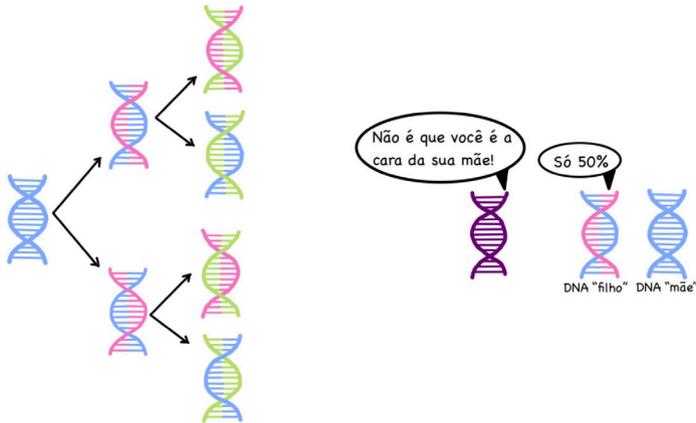
# REPLICAÇÃO



A replicação do DNA é o processo biológico pelo qual uma célula copia seu material genético antes da divisão celular, garantindo que cada célula-filha receba uma cópia idêntica do DNA.

## [ Replicação semiconservativa ]

A replicação do DNA é chamada de semiconservativa porque, ao final do processo, cada nova molécula formada contém uma fita original (fita molde) e uma fita recém-sintetizada. Antes da replicação, o DNA é composto por duas fitas complementares, mantidas unidas por ligações de hidrogênio entre as bases nitrogenadas. Quando o processo se inicia, essas fitas se separam, tornando-se moldes para síntese de novas fitas complementares. Ao final, cada molécula de DNA resultante é composta por uma fita parental (vinda da molécula original) e uma fita recém-sintetizada. Esse mecanismo garante a fidelidade na transmissão da informação genética de uma célula para outra.

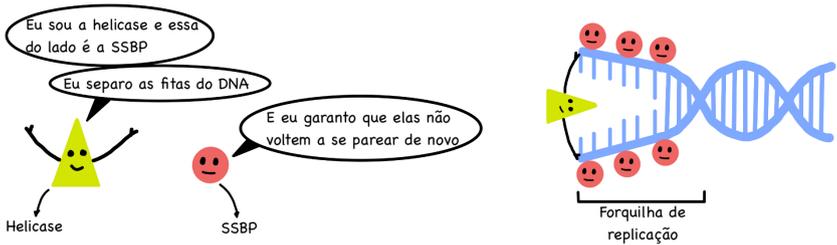


## [ Processo de replicação ]

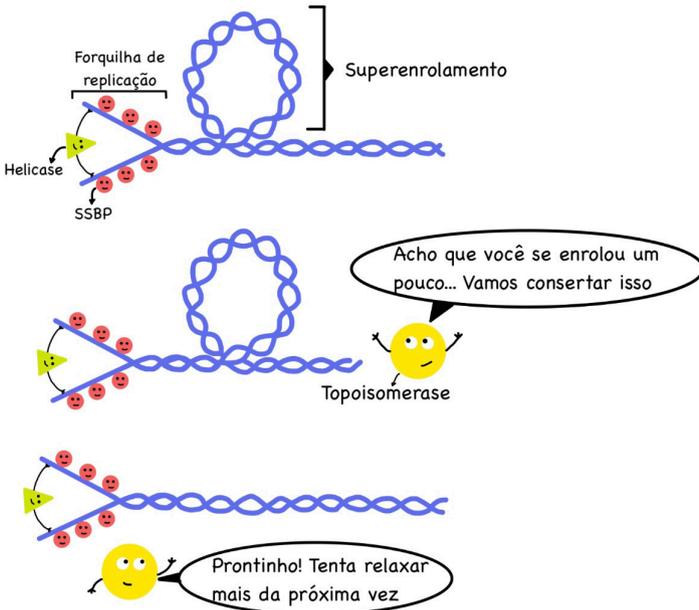
O processo ocorre em três etapas principais: iniciação, alongamento e terminação.

## Iniciação

A replicação inicia-se em regiões específicas chamadas origens de replicação, nas quais a enzima helicase desenrola a dupla hélice do DNA e quebra as ligações de hidrogênio entre as bases nitrogenadas, separando as duas fitas e dando origem a uma forquilha de replicação. As proteínas SSBP (*Single-Strand Binding Protein*) se ligam às fitas simples de DNA para impedir que elas refaçam as pontes de hidrogênio.

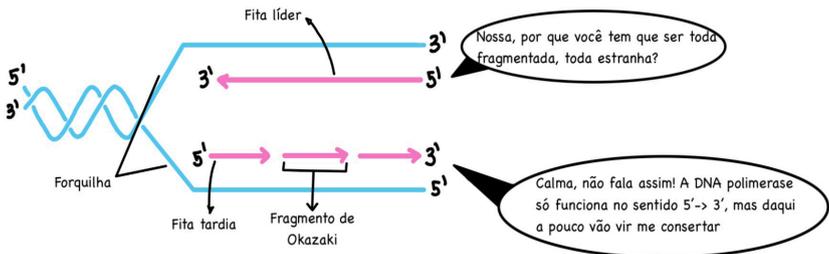


A topoisomerase alivia a tensão gerada pelo desenrolamento do DNA, prevenindo superenrolamentos.



## Alongamento

A primase sintetiza um pequeno fragmento de RNA chamado primer, que serve como ponto de partida para a síntese de DNA. Com as fitas separadas e os primers posicionados, a DNA polimerase inicia a adição de nucleotídeos complementares, seguindo a regra de pareamento: adenina (A) se liga à timina (T) e citosina (C) se liga à guanina (G). No entanto, a DNA polimerase só consegue adicionar novos nucleotídeos complementares à fita molde no sentido  $5' \rightarrow 3'$ . Por conta disso, a fita líder é sintetizada de forma contínua porque sua direção coincide com a abertura da forquilha, enquanto a fita tardia precisa ser replicada de maneira descontínua. Os segmentos descontínuos formados na fita tardia são chamados de fragmentos de Okazaki, e no final de todo o processo esses fragmentos serão ligados pela enzima DNA ligase.

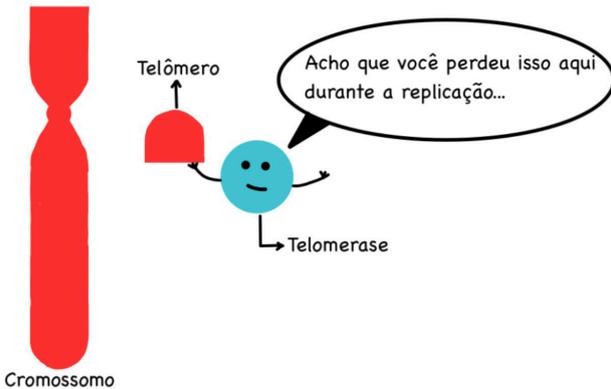


## Terminação

Quando a replicação chega ao fim, a DNA polimerase completa a síntese, os primers são removidos e substituídos por DNA, e a DNA ligase garante a união final dos fragmentos.

Nos eucariontes, a replicação do DNA apresenta um desafio específico nas extremidades dos cromossomos, conhecidas como telômeros. Durante a replicação, a DNA polimerase não consegue copiar completamente a extremidade  $5'$  da fita, levando a um encurtamento progressivo dos telômeros a cada divisão celular. Se esse processo ocorresse indefinidamente, as células perderiam seqüências importantes de DNA, comprometendo sua viabilidade.

Para evitar esse problema, as células utilizam a enzima telomerase, um complexo ribonucleoproteico que atua estendendo as extremidades dos cromossomos. A telomerase contém uma sequência de RNA complementar às repetições teloméricas, que serve como molde para a síntese de novas sequências de DNA. Dessa forma, a extremidade 3' da fita molde é estendida, permitindo que a DNA polimerase e a primase completem a replicação da fita complementar.



[ 8 ]

# CONSIDERAÇÕES FINAIS



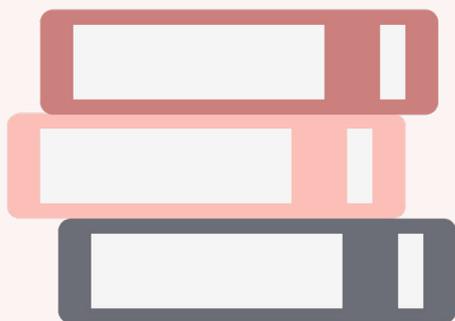
Chegamos ao fim desta jornada pelo fascinante universo da biologia celular e molecular, e queremos expressar nossa sincera gratidão a você, leitor, por ter nos acompanhado nesta experiência. Nosso principal objetivo com o livro ***Conceitos Básicos da Biologia Celular e Molecular com Ciência e Diversão*** foi tornar o aprendizado acessível, prazeroso e significativo. Acreditamos que o conhecimento deve ser compartilhado de forma clara e envolvente, permitindo que alunos de qualquer nível acadêmico se sintam motivados a explorar e compreender os princípios que regem a vida em nível molecular.

Esperamos que este livro tenha despertado sua curiosidade, ampliado seus horizontes e, acima de tudo, mostrado que ciência e diversão podem caminhar juntas. A aprendizagem se torna mais enriquecedora quando é vivenciada com entusiasmo, e foi essa experiência que buscamos proporcionar a cada página.

Agradecemos imensamente por fazer parte desse projeto. Que este seja apenas o começo de muitas descobertas e que a biologia molecular continue a inspirar sua trajetória acadêmica e profissional.

***Com carinho e dedicação, nos despedimos.***

# REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS



ALBERTS, B. **Biologia molecular da célula**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

ALBERTS, B. *et al.* **Fundamentos da biologia celular**. 4. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

BORGES-OSÓRIO, M. R. L. **Genética humana**. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2013.

DE ROBERTIS, E. M. **Biologia celular e molecular**. 16. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2014.

GRIFFITHS, A. J. F.; DOEBLEY, J. F.; PEICHEL, C. L. **Introdução à genética**. 12. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2022. xv, 752 p.

JUNQUEIRA, L. C. U.; SILVA FILHO, J. C. da. **Biologia celular e molecular**. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2023.

NUSSBAUM, R. L.; McINNES, R. R.; WILLARD, H. F. Thompson & Thompson **Genética médica**. 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2016.

WATSON, J. D.; BAKER, T. A.; BELL, S. P.; GANN, A.; LEVINE, M.; LOSICK, R. **Biologia molecular do gene**. 7. ed. Porto Alegre: Artmed, 2015.



CENTRO UNIVERSITÁRIO  
SÃO CAMILO