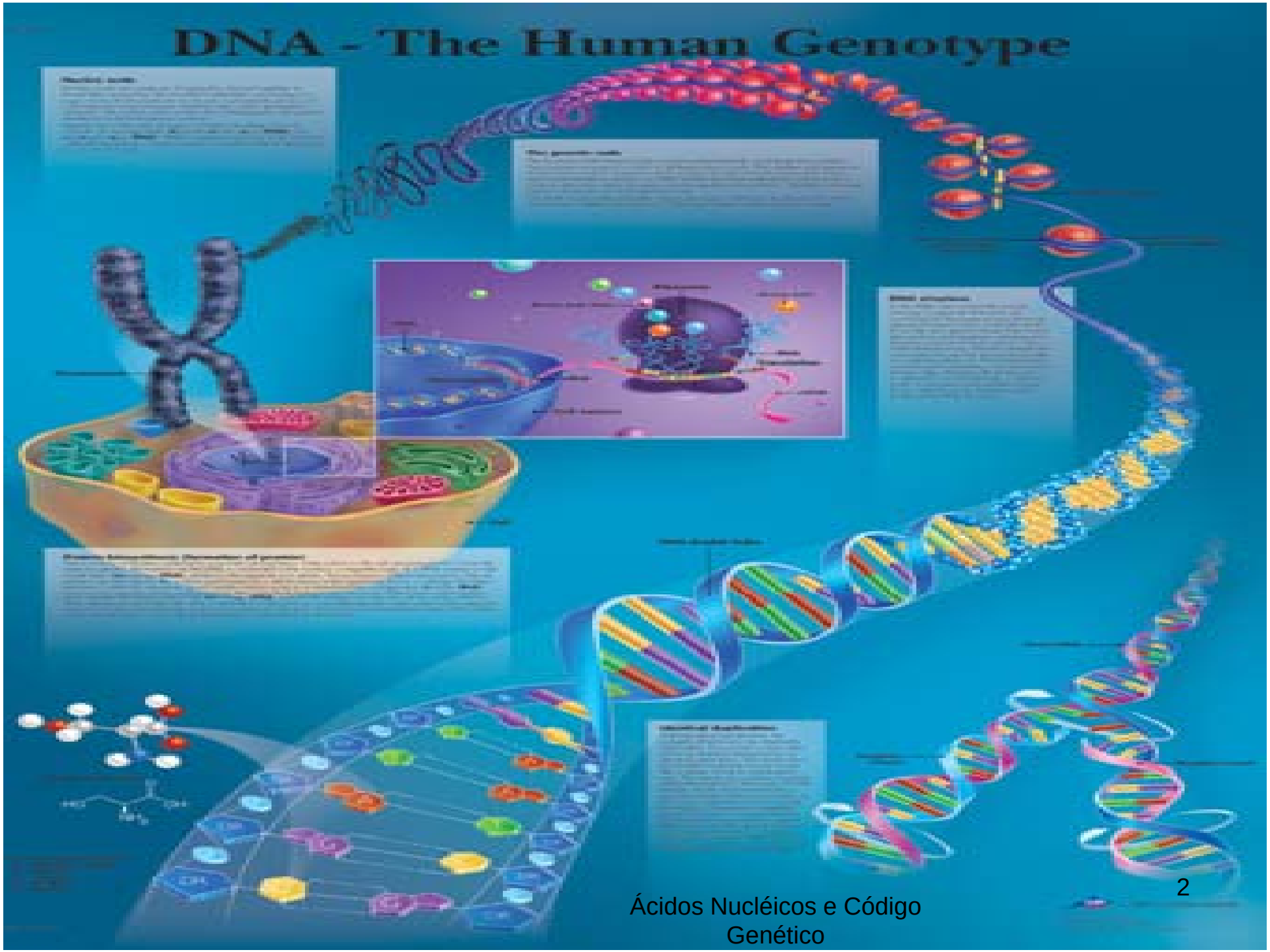
ÁCIDOS NUCLÉICOS E CÓDIGO GENÉTICO

- Os genes são formados por DNA;
- Transmissão das características hereditárias
- DNA + RNA → controle da produção de proteínas da célula;


DNA - The Human Genotype

1.A estrutura dos ácidos nucléicos

- DNA e RNA são ácidas;
- DNA → núcleo e parte dos nucléolos;
- RNA → Nucléolo, ribossomos e hialoplasma das células

OS NUCLEOTÍDIOS

- DNA e RNA formados por encadeamentos de moléculas chamadas *nucleotídeos*;
- Cada nucleotídeo é formado por três tipos de substâncias químicas:
- * *base nitrogenada* → composto cíclico contendo nitrogênio;
- ** *pentose* → açúcar com cinco átomos de carbono;

- *** *fosfato* (PO4) → derivado do ácido fosfórico;
- 5 tipos principais de bases nitrogenadas → *adenina*, *guanina*, *citosina*, *timina* e *uracila*.
- Adenina e guanina → anel duplo de átomos de carbono e são derivados da purina (*bases purínicas*);
- Citosina, timina e uracila → anel simples e derivados da pirimidina (*bases pirimidínicas* ou *pirimídicas*);

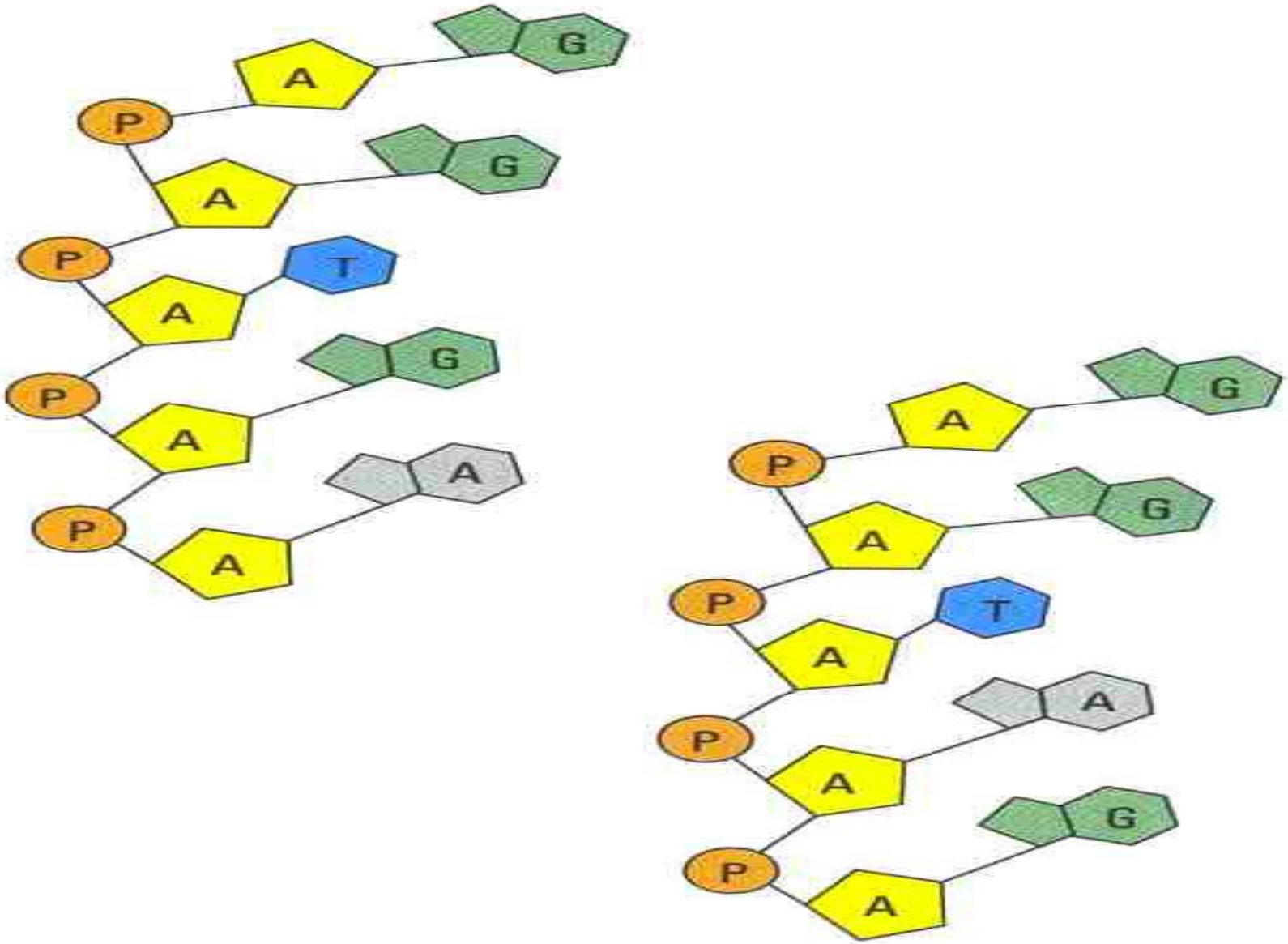


Fig. 12.3 – Os ácidos nucléicos são formados pelo encadeamento de nucleotídeos; portanto, são polinucleotídeos. A especificidade é conferida pela seqüência de bases nitrogenadas.

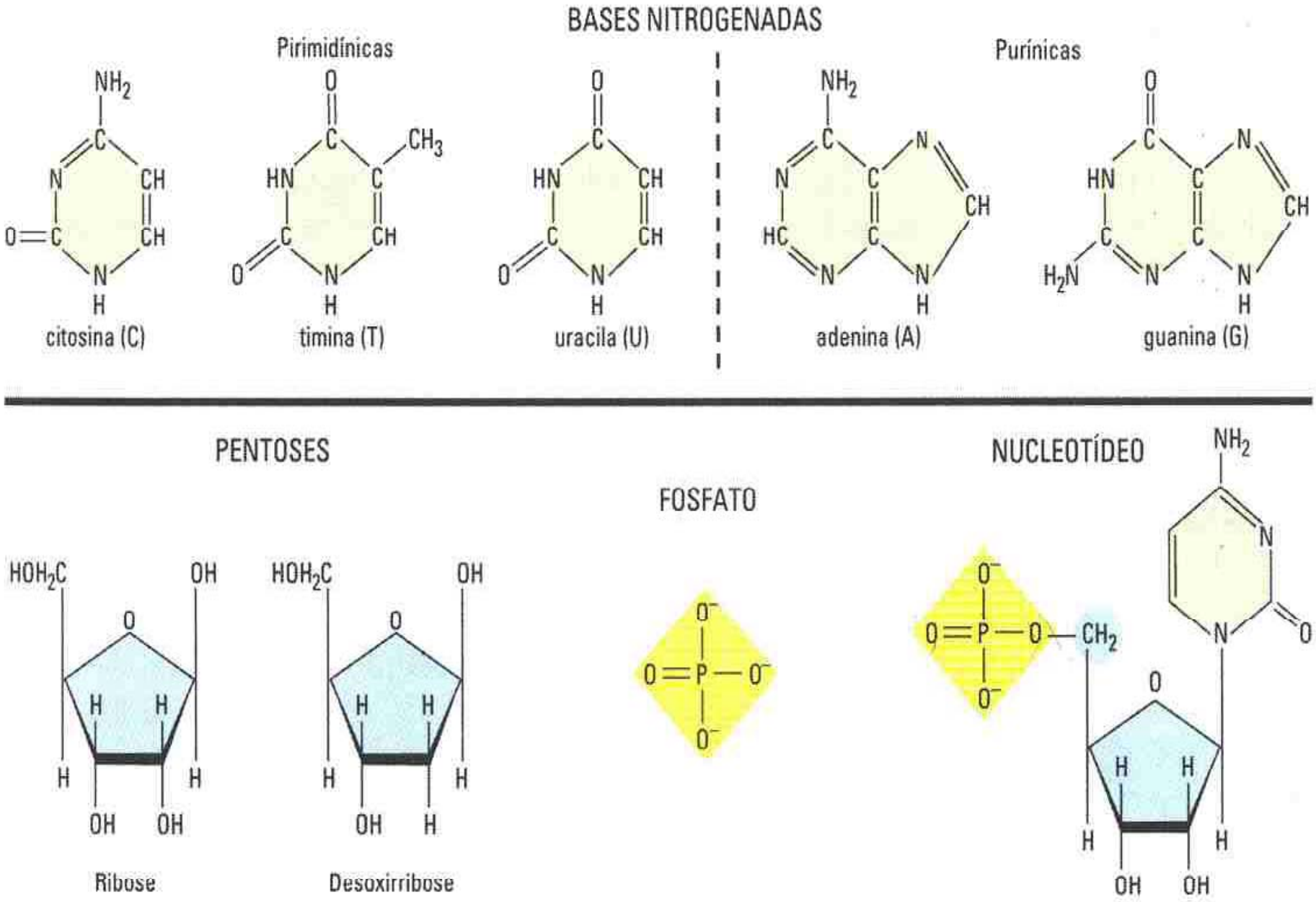


Fig. 12.1 - Componentes dos nucleotídeos, as unidades formadoras dos ácidos nucléicos.

- DNA → A, T, C e G;
- RNA → A, U, C e G;
- Pentoses: *ribose* e *desoxirribose*;
- Derivados de nucleotídeos fora do núcleo: ATP, NAD e FAD;
- A união da base nitrogenada com o açúcar forma um composto chamado *nucleosídeo*; Ex:. *Nucleosídeo adenosina* (ATP);
- Nucleotídeos unidos entre si formando os *polinucleotídeos*;
- União sempre feita entre o fosfato de uma unidade e a pentose da unidade vizinha;

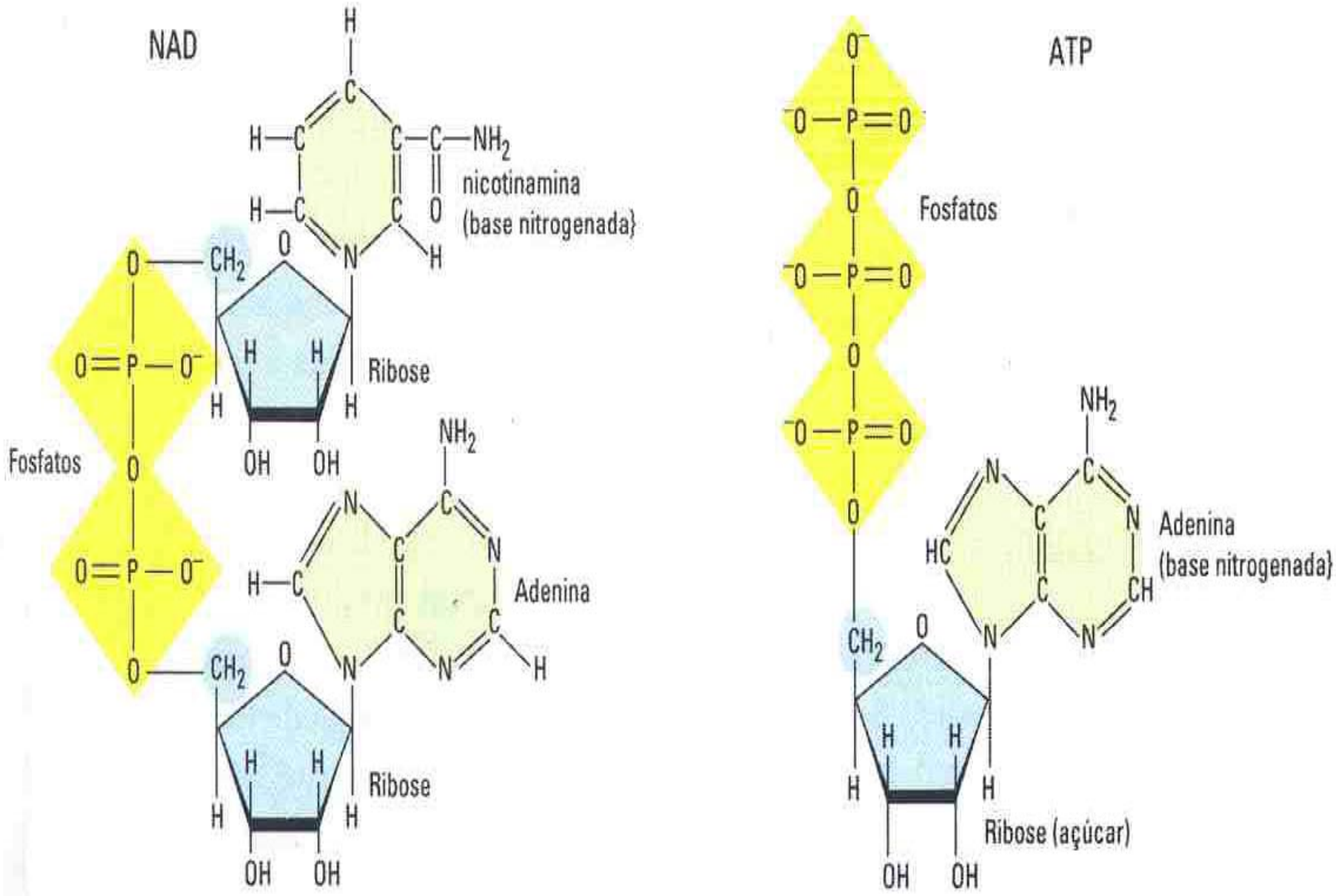


Fig. 12.2 - NAD e ATP: dois derivados de nucleotídeos.

- A diferença fundamental entre dois ácidos nucléicos é a seqüência com que as bases nitrogenadas estão arrumadas.

2.DNA: a informação genética

- Prêmio Nobel em 1962 para Francis Crick, James Watson e Maurice Wilkins → determinaram a estrutura molecular do DNA e o seu significado na hereditariedade – *o modelo da dupla hélice*.

- A molécula de DNA possui dois filamentos de polinucleotídeos, presos um ao outro pelas bases nitrogenadas;
- Os dois filamentos estão torcidos – formando uma hélice dupla – e emparelhados em sentidos opostos – se numa extremidade de um filamento há uma pentose, no filamento oposto há um fosfato;
- A ligação entre as bases dos dois filamentos é feita por ligações de hidrogênio;
- T se liga através de 2 ligações de hidrogênio à A;

- C se liga através de 3 ligações de hidrogênio à G;
- A seqüência de bases de um filamento determina a seqüência de bases do outro;
- AATCGATGT
- TTAGCTACA
- Os dois filamentos que compõem a molécula não são iguais, mas sim complementares.

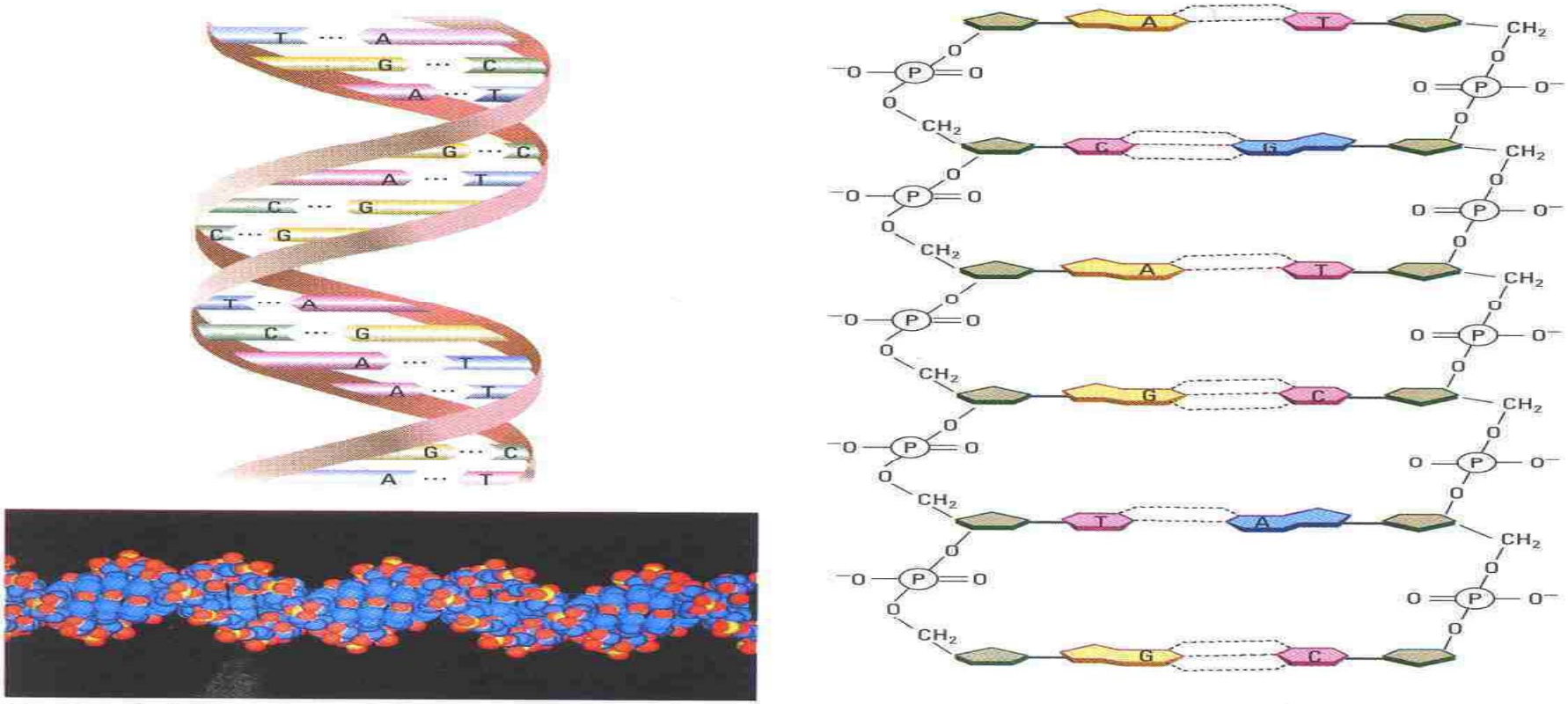


Fig. 12.4 - Três tipos de modelo para representar a dupla hélice do DNA.

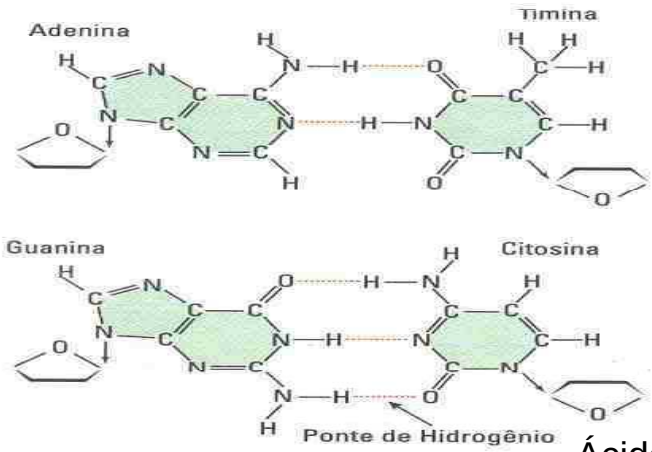


Fig. 12.5 - Ligação entre as bases nitrogenadas do DNA. A timina liga-se sempre à adenina, e a citosina une-se sempre à guanina.

A informação escrita em código

Sabemos que o gene corresponde a um determinado trecho da molécula de DNA. Portanto, dois genes diferem um do outro porque o número de bases e a seqüência em que elas estão arrumadas podem ser diferentes em cada trecho.

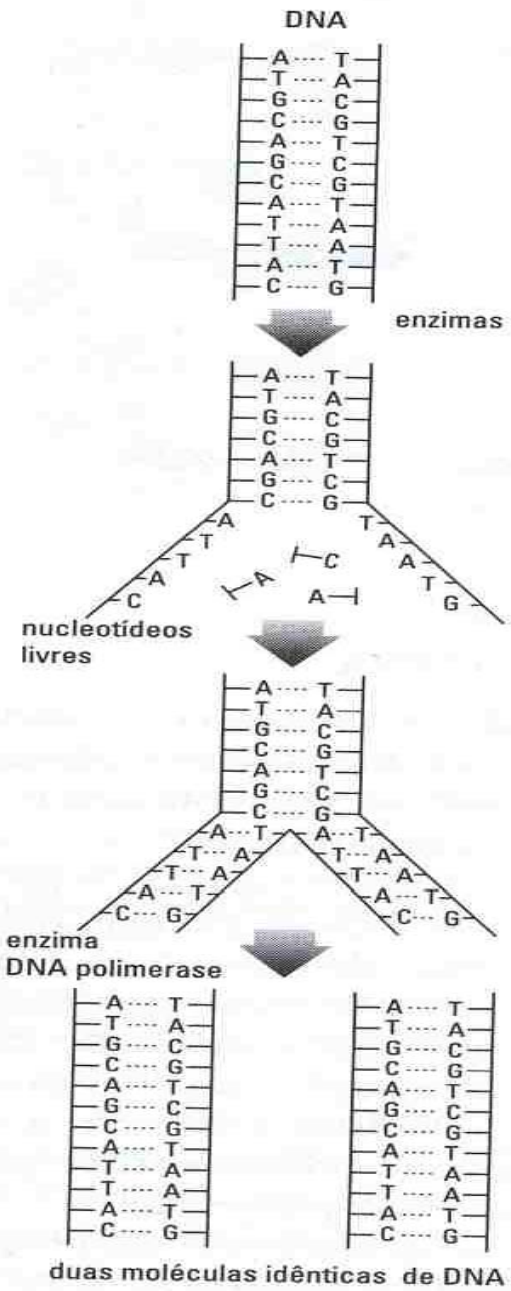
É possível comparar esta seqüência de bases a uma mensagem escrita com um alfabeto de quatro letras: A, T, C, G. Variando a seqüência e o número dessas letras, podemos escrever várias palavras e, dependendo das combinações dessas palavras, um número praticamente infinito de frases. Cada frase pode simbolizar a informação genética responsável pela síntese de uma proteína específica. O conjunto de informações vai variar de um organismo para outro, e, quanto maior for essa variação, maior será a diferença entre esses organismos.

A DUPLICAÇÃO DO DNA

- Enzimas que:
- * afastam os fios;
- ** união dos novos nucleotídeos;
- *** correção de erros na duplicação;
- Desenrolam a dupla hélice (rompimento das ligações de H) → nucleotídeos dissolvidos no nucleoplasma se encaixam → formação de outro fio complementar.

- *DNA polimerase* → união entre os novos nucleotídeos.
- É obrigatório o emparelhamento T-A e C-G;
- Cada molécula filha é formada por um filamento antigo, que veio do DNA original, e um filamento novo, recém-fabricado;
- A duplicação do DNA é *semiconservativa*;
- Um encaixe errado é logo corrigido pela DNA polimerase e por outras moléculas;

- Erros em média um caso em um bilhão de nucleotídeos;
- Bactérias: 500 nucleotídeos por segundo;
- 50 nucleotídeos por segundo;
- Erros podem levar à mutação → evolução!



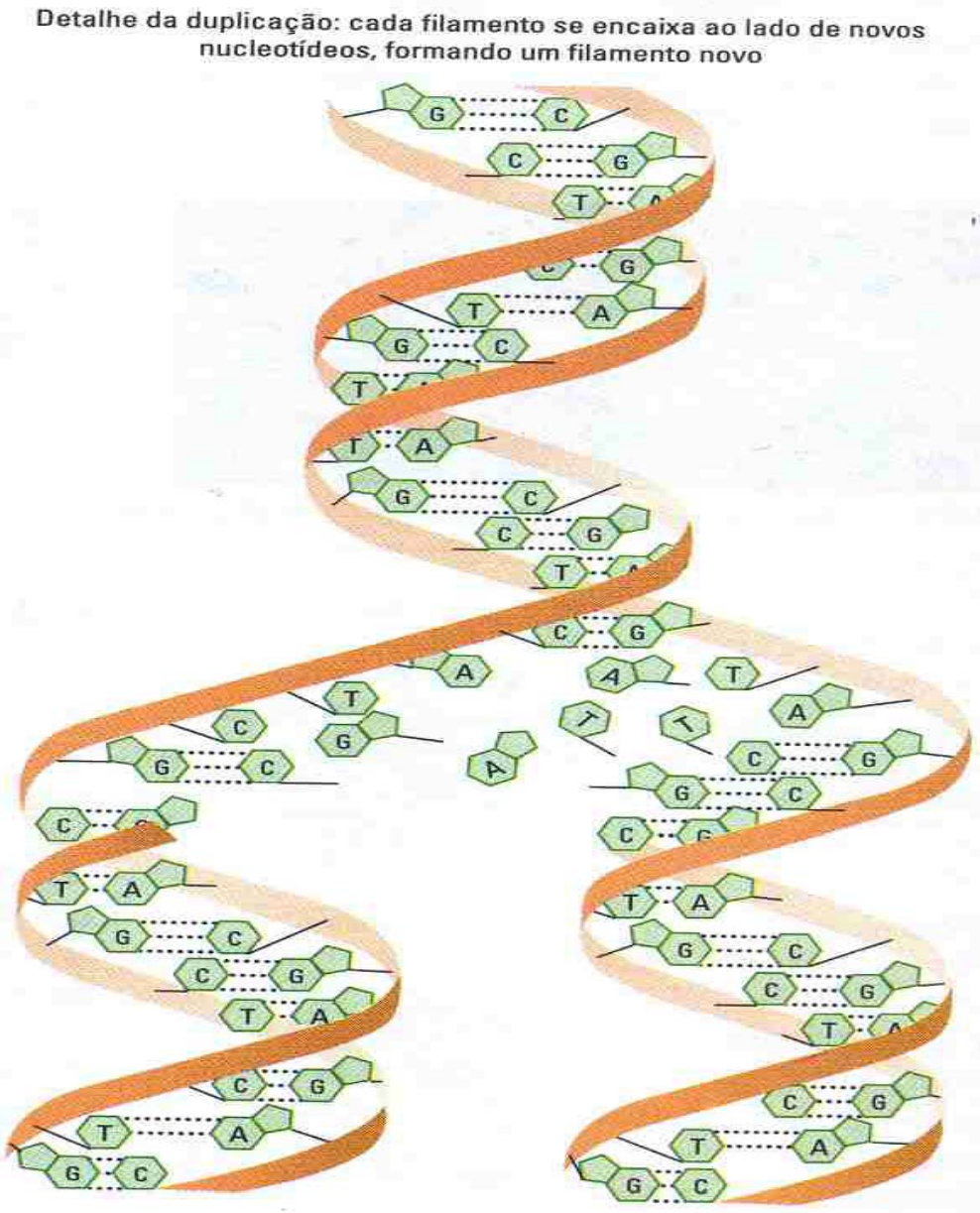


Fig. 12.6 - A duplicação semiconservativa do DNA

3. RNA: o controle da síntese de proteínas

- Proteínas → morfologia e funcionamento do indivíduo;
- DNA → controla a fabricação de proteínas e as atividades da célula;
- A informação do DNA é interpretada e executada pelo RNA;

Os três tipos de RNA

- Único filamento de polinucleotídeos;
- Todos os 3 tipos de RNA são fabricados no núcleo;
- RNA-m → Leva o código do DNA para o citoplasma, onde determinará a seqüência de aminoácidos da proteína;
- RNA-t → Transporta aminoácidos;

- RNA-r →Participa da estrutura dos ribossomos;

- Trabalho dos três RNA é executado em duas grandes etapas: a transcrição e a tradução

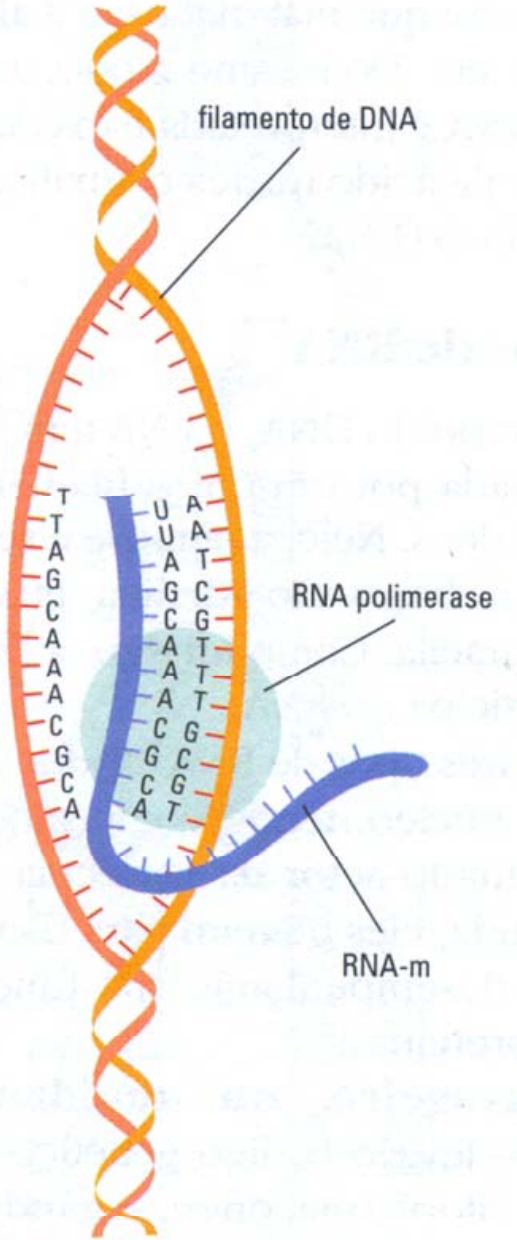
- DNA → RNA-m = Transcrição

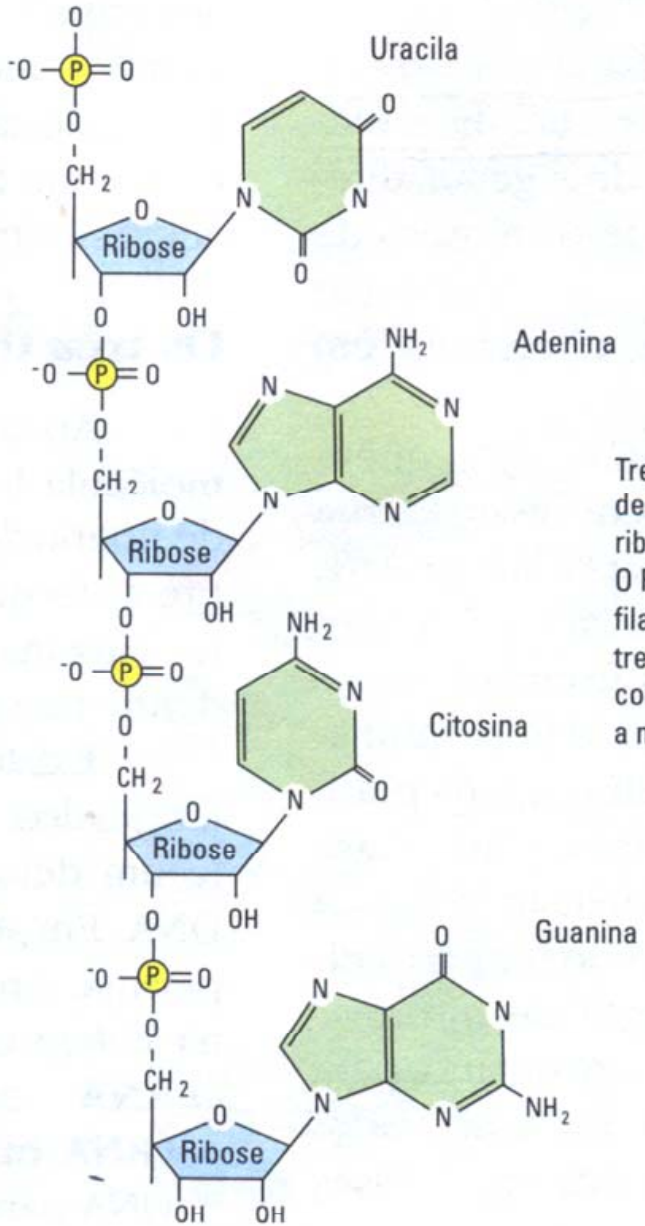
- RNA-m + RNA-t = Proteína = Tradução

Transcrição do código genético: a síntese do RNA-m

- Apenas um dos filamentos do DNA é usado para a síntese do RNA-m;
- *RNA polimerase* → específica para ligar apenas riboses (diferente da DNA polimerase);
- Síntese de RNA-m - Abertura da fita de DNA →→ encaixe dos nucleotídeos de RNA →→ AUGCCUGAU

  TACGGACTA





Trecho do RNA com os quatro tipos de bases encontrados nos ácidos ribonucléicos.
O RNA é sempre formado por um filamento único, embora em alguns trechos possa haver bases complementares, que fazem a molécula se dobrar.

Fig. 12.7 - Síntese do RNA mensageiro, a partir de um filamento de DNA. A seqüência de bases do RNA é determinada pela seqüência de bases do DNA. A uracila, exclusiva do RNA, emparelha-se com a adenina.

Tradução do código genético: do RNA à proteína

- Uma seqüência de bases no RNA passa para uma seqüência de a.a;
- O código genético contido no DNA é materializado na forma de uma proteína;
- Cada grupo de três bases consecutivas do RNA-m corresponde a uma a.a (*códons*);
- UAG, UAA e UGA → fim;
- AUG → metionina (começo);

- RNA-t → capaz de se ligar a unidade de a.a dissolvidos no citoplasma e transportar essas unidades até o RNA-m.
- RNA-t é um filamento de 70 nucleotídeos dobrado no espaço, com bases emparelhadas e livres;
- Possui numa das extremidades as bases CCA. O anticódon varia de um transportador para outro, encaixando-se nos códons do RNA-m;

- Para cada um dos vinte tipos de aminoácidos existe um transportador diferente, tornando o transportador específico para cada a.a (diferenças no anticódon);
- Para cada uma das ligações entre um a.a e seu RNA-t, existe uma enzima com formato específico, que garante tal exclusividade;
- Tradução realizada nos ribossomos;
- RNA-t, com os respectivos a.a, vão se encaixando nos códons correspondentes do RNA-m.

- Anticódon CGA, RNA-t transporta alanina (códon GCU);
- Códons do RNA-m determina a seqüência de a.a → proteína → característica do organismo;
- RNA-m desliza pelos polissomas → a.a vão se unindo → liberação dos RNA-t;

Primeira base	Segunda base				Terceira base
	U	C	A	G	
Uracila (U)	fenilalanina	serina	tirosina	cisteína	U
	fenilalanina	serina	tirosina	cisteína	C
	leucina	serina	fim	fim	A
	leucina	serina	fim	triptófano	G
Citosina (C)	leucina	prolina	histidina	arginina	U
	leucina	prolina	histidina	arginina	C
	leucina	prolina	glutamina	arginina	A
	leucina	prolina	glutamina	arginina	G
Adenina (A)	isoleucina	treonina	asparagina	serina	U
	isoleucina	treonina	asparagina	serina	C
	isoleucina	treonina	lisina	arginina	A
	metionina	treonina	lisina	arginina	G
Guanina (G)	valina	alanina	ácido aspártico	glicina	U
	valina	alanina	ácido aspártico	glicina	C
	valina	alanina	ácido glutâmico	glicina	A
	valina	alanina	ácido glutâmico	glicina	G

Fig. 12.8 - O código genético universal: os trios de bases do RNA-m, responsáveis pelos aminoácidos das proteínas. Cada combinação de três bases forma um tipo de aminoácido. Por exemplo: U (primeira base), C (segunda base) e U (terceira base) compõem o aminoácido serina; UAC = tirosina; AAC = asparagina, etc.

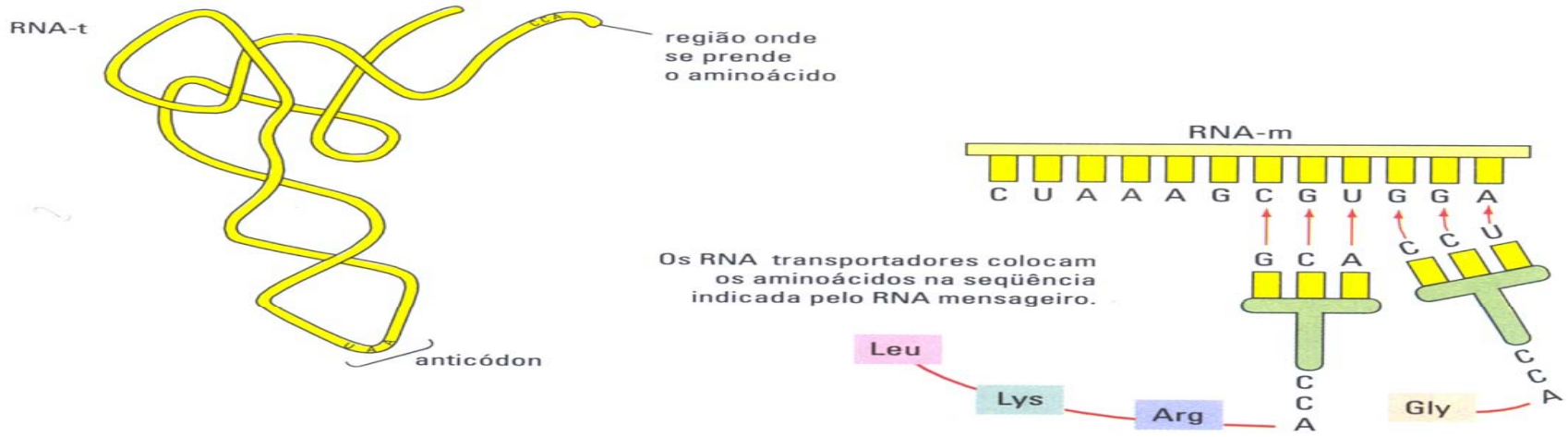


Fig. 12.9 - Estrutura tridimensional do RNA-t. As dobras são provocadas por atrações entre bases complementares. Cada RNA-t se encaixa, pelo anticódon, em um ponto determinado do RNA-m, levando um aminoácido específico. O RNA-t com o anticódon UAA, por exemplo, leva o aminoácido isoleucina para o trecho do RNA-m com o códon AUU. Desse modo, os aminoácidos são colocados na seqüência correta da proteína.

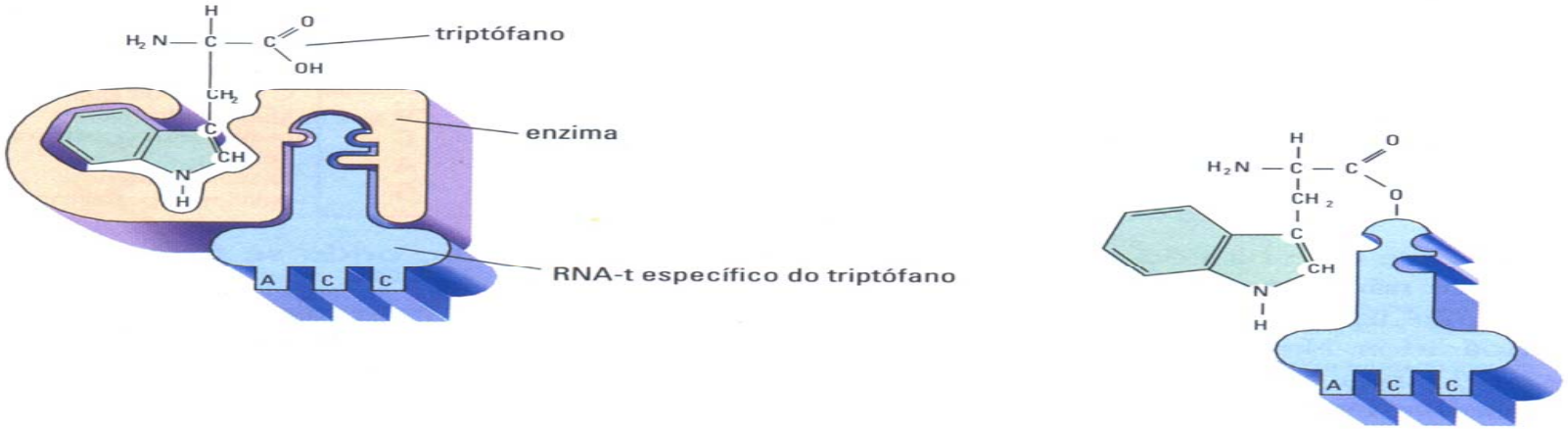


Fig. 12.10 - Reconhecimento do aminoácido pelo RNA-t, com auxílio de uma enzima específica.

Os antibióticos e a síntese de proteínas

Vários antibióticos, como a tetraciclina, a estreptomicina, o cloranfenicol e a eritromicina, atuam inibindo a síntese de proteína das bactérias. Como os ribossomos dos eucariontes são diferentes dos ribossomos das bactérias, a síntese de proteína em nosso organismo não é, em princípio, afetada por antibióticos — embora eles possam provocar efeitos colaterais que prejudicam a saúde, principalmente quando usados indevidamente e sem orientação médica.

RNA-r: o catalisador do processo de tradução

- Tradução envolve: ativação dos a.a → pontos de começo e fim → remover a.a metionina e etc;
- O RNA da subunidade menor catalisa a união RNA-m e RNA-t;
- A subunidade maior confere as ligações peptídicas entre os a.a;

- Tais subunidades se juntam no início e se separam no final;
- A união de a.a em bactérias leva 1/20 s (400 aminoácidos em média 20s);
- As proteínas são formadas por mais de uma cadeia polipeptídica (pontes bissulfeto, atrações elétricas e etc), sendo o gene responsável apenas pela fabricação de um polipeptídeo. As proteínas são formadas por um trabalho conjunto.

Por que um código de três letras?

Se cada base fosse responsável por um aminoácido diferente, os organismos teriam de ser formados por proteínas com apenas quatro tipos de aminoácidos, porque, como vimos, só há quatro bases no DNA (A, G, C, T). Isso seria incompatível com a complexidade capaz de manter as propriedades de vida.

Caso os códigos tivessem duas letras, haveria 4^2 ou 16 combinações diferentes (combinação das quatro bases, com repetição duas a duas). Esse número não é suficiente para codificar todos os vinte aminoácidos naturais.

Já o código tríplice possibilitaria 64 combinações diferentes (4^3), um número mais do que suficiente para codificar os vinte aminoácidos.

Observe, no entanto, que o código genético é "degenerado" ou "redundante", o que quer dizer que há mais de um códon com o mesmo "significado". A alanina, por exemplo, pode ser escolhida por qualquer um dos seguintes códons: GCU, GCC, GCA e GCG. Observe também que as duas primeiras "letras" não variam, o que poderia ser interpretado como uma prova a favor da origem do código tríplice a partir de um código de duas letras. Esse código poderia ter existido no passado, codificando uma variedade menor de proteínas, que usavam menos de vinte aminoácidos.

4. Como os genes são “ligados” e “desligados”

- Células possuem a mesma coleção de genes (células nervosas, epiteliais e musculares);
- Diferem por possuírem alguns genes em atividade e outros não;
- Mas, como é feito o controle dos genes que vão funcionar ou não?

- Existem quatro tipos de genes ao longo da molécula de DNA: *o gene estrutural*, *o gene repressor*, *o gene promotor* e o gene operador;
- O gene estrutural: setor do DNA responsável pela síntese de RNA-m, o qual comandará a síntese de proteínas;
- O gene promotor: se liga à enzima RNA polimerase;
- O gene operador: vizinho do gene promotor, o qual é bloqueado pelo gene regulador. Se estiver bloqueado atinge o promotor.

- O gene regulador: produz uma proteína denominada repressor, que é produzida pelo gene regulador e pode bloquear o gene promotor e o gene operador. Dependendo do tipo de repressor, podemos ter dois casos de controle: a indução e a repressão.

Indução

- Operador inicialmente bloqueado pelo repressor;
- Proteína grande que “cobre”, também, parte do gene promotor;
- Promotor não se liga à RNA polimerase → genes estruturais inativos;
- Substância modifica a forma do repressor;
- Exemplo:

- INDUÇÃO DOS GENES QUE PRODUZEM AS ENZIMAS PARA A UTILIZAÇÃO DA LACTOSE PELA BACTÉRIA *Escherichia coli.*

- Introdução da própria lactose na bactéria;
- A lactose modifica a forma do repressor → inativo;
- Evita gasto de materiais e energia;
- *E. coli* do intestino humano quando tomamos leite ou comemos derivados → produção de enzima para utilizar a lactose.

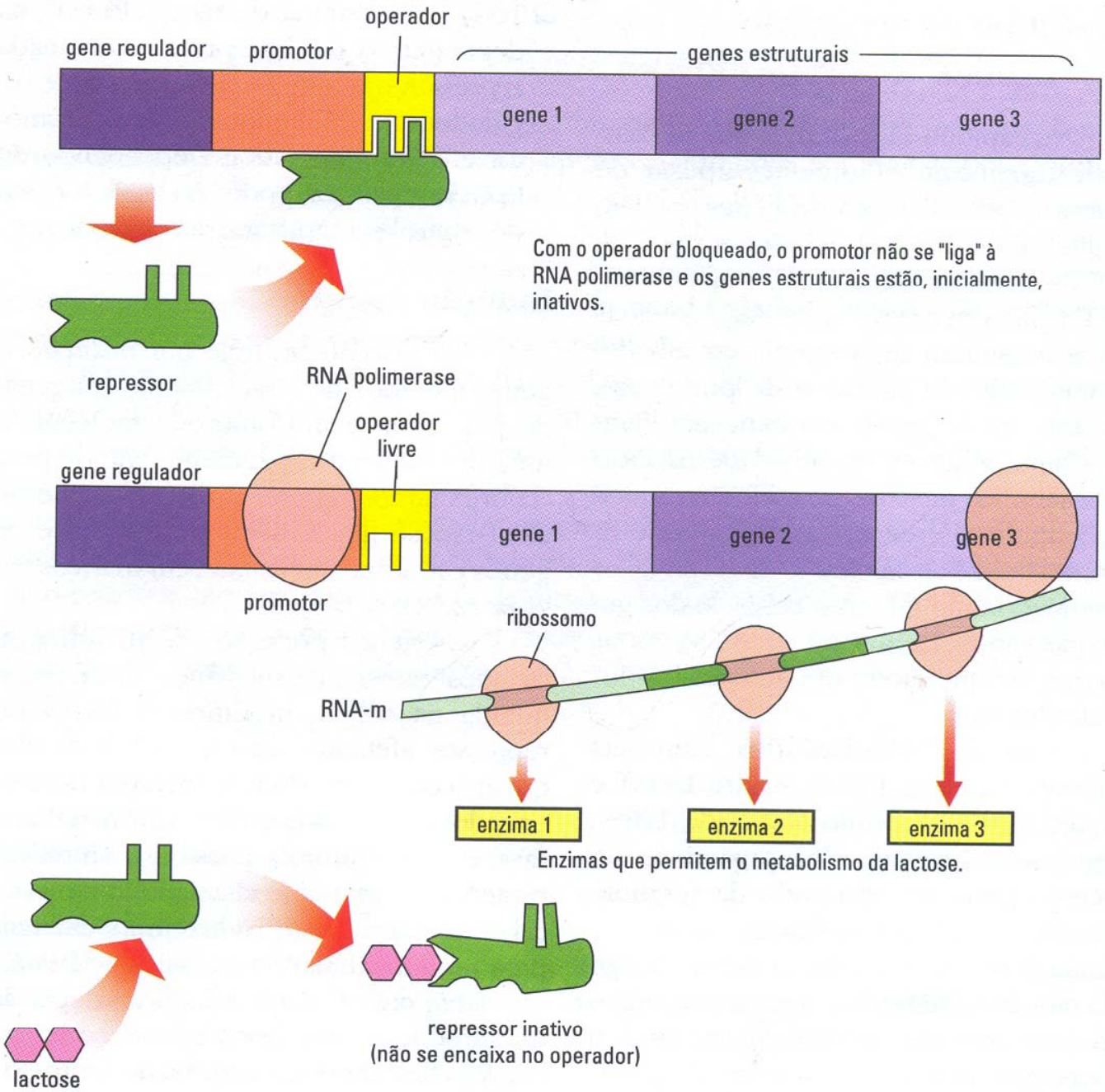


Fig. 12.13 - Indução: a lactose induz a produção de enzimas para seu metabolismo.

Repressão

- O repressor não é, a princípio, ativo na repressão, e o operador fica livre;
- Genes estruturais ativos;
- Genes estruturais modificados por alguma substância vinda do ambiente ou produzida pela própria célula;
- Exemplo:

- INTERRUPÇÃO NA PRODUÇÃO DAS ENZIMAS QUE FABRICAM O AMINOÁCIDO TRIPTOFANO QUANDO ESSE AMINOÁCIDO SE ACUMULA NA *E. coli.*

- O sistema pára de funcionar quando há excesso;
- *E. coli* do nosso intestino, quando comemos carne ou outro alimento rico em triptofano.

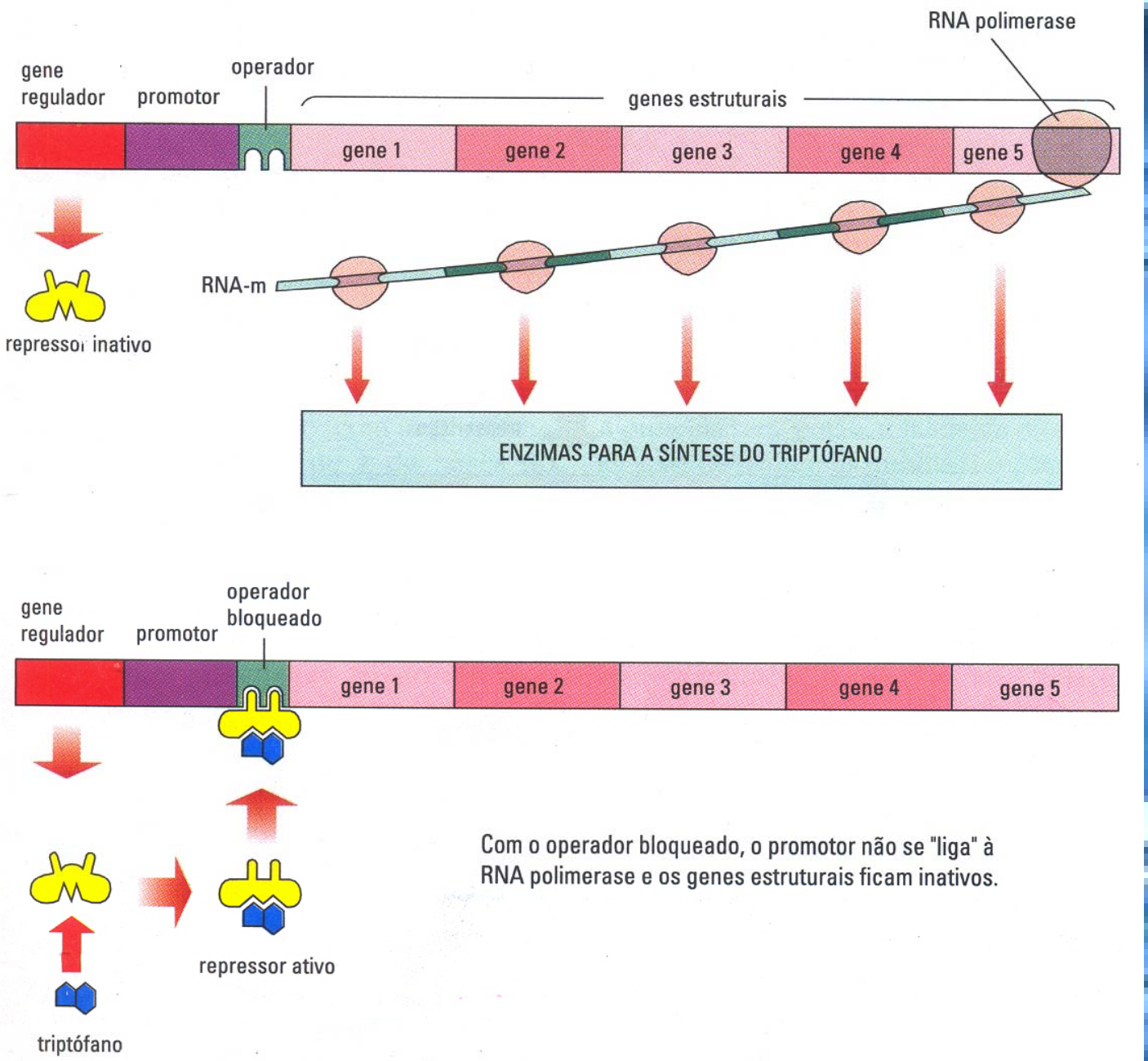


Fig. 12.14 - Repressão: o excesso de triptófano reprime a produção de enzimas que atuam na síntese do próprio triptófano.

O DNA que nunca se manifesta

O código genético humano é formado por cerca de 3 bilhões de pares de nucleotídeos, distribuídos ao longo de milhares de genes. Uma parte desses genes codifica proteínas. Outra parte codifica o RNA transportador e o RNA ribossomial. Finalmente, há os genes que funcionam como reguladores e promotores, controlando a atividade gênica. O mais surpreendente, porém, é que todo o DNA ativo de uma célula eucariótica constitui apenas cerca de 10% do total de DNA desta célula. A maior parte do DNA simplesmente parece não exercer nenhuma função no organismo. Esse DNA apenas se replica cada vez que a célula se divide.

Uma parcela desse DNA "silencioso" talvez não tenha, de fato, função alguma, mantendo-se exclusivamente por sua capacidade de se duplicar. Em alguns casos, no entanto, como no das seqüências de DNA conhecidas como *íntrons*, ele poderia ter um papel evolutivo.

O íntron é um segmento de DNA que aparece no meio de um gene, fazendo com que este gene fique dividido em partes funcionais — chamadas *éxons* — e partes sem função — os *íntrons*.

O interessante é que íntrons e éxons (figura 12.15) são transcritos para o RNA mensageiro, mas depois as partes do RNA correspondentes aos íntrons são removidas, ainda dentro do núcleo, de modo que o RNA mensageiro passa a ter uma seqüência contínua de códons responsável pela síntese de uma proteína.

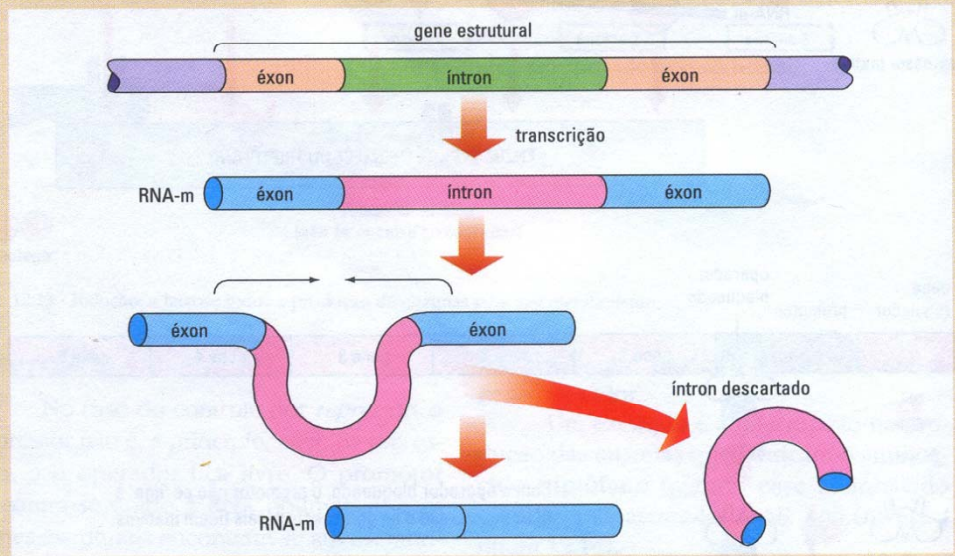


Fig. 12.15 - Íntron e éxon.

É possível que os íntrons facilitem a formação de novas combinações de DNA, criando novos genes e aumentando com isso a variedade genética de uma população. Como veremos no estudo da evolução (volume 3), a variedade genética é importante para a evolução das espécies.

5.Mutações

- A mutação é uma alteração na sequência de bases nitrogenadas de um segmento do DNA;
- Pode ocorrer naturalmente (incorporação errada) e não correção pelas enzimas;
- Fatores mutagênicos – radiações, raios cósmicos, exames de raio X, UV do Sol, substâncias químicas como no cigarro, fungos e plantas.

- Podem quebrar a molécula de DNA, acrescentando ou retirando nucleotídeos, ou alterar o pareamento normal de bases;
- Análogos de bases são incorporados durante a duplicação (pareamentos impróprios);
- A alteração de uma única → consequências sérias (anemia falciforme) – troca do códon troca um aminoácido;
- Pode ocorre a formação de um novo códon, responsável pelo mesmo aminoácido;
- Exemplo:

- Ácido glutâmico → Codificado por CAA e CAG;

G

- Mutações silenciosas → Não modifica o aminoácido

- Código degenerado protege contra um excesso de mutações;
- Mutação adiciona ou retira uma base:

✓ Mais violento, sequência alterada → proteína diferente.

- Mutações gênicas → afetam genes individualmente;
- *Mutações cromossomiais* → alteram toda uma região do cromossomo ou ele por inteiro;
- Câncer → alteração nos genes que controlam a divisão celular, formando células atípicas;
- Em sua maioria, mutações são prejudiciais;
- Mutações que "melhoram" → seleção natural → aumenta de número ao longo das gerações → evolução das espécies!

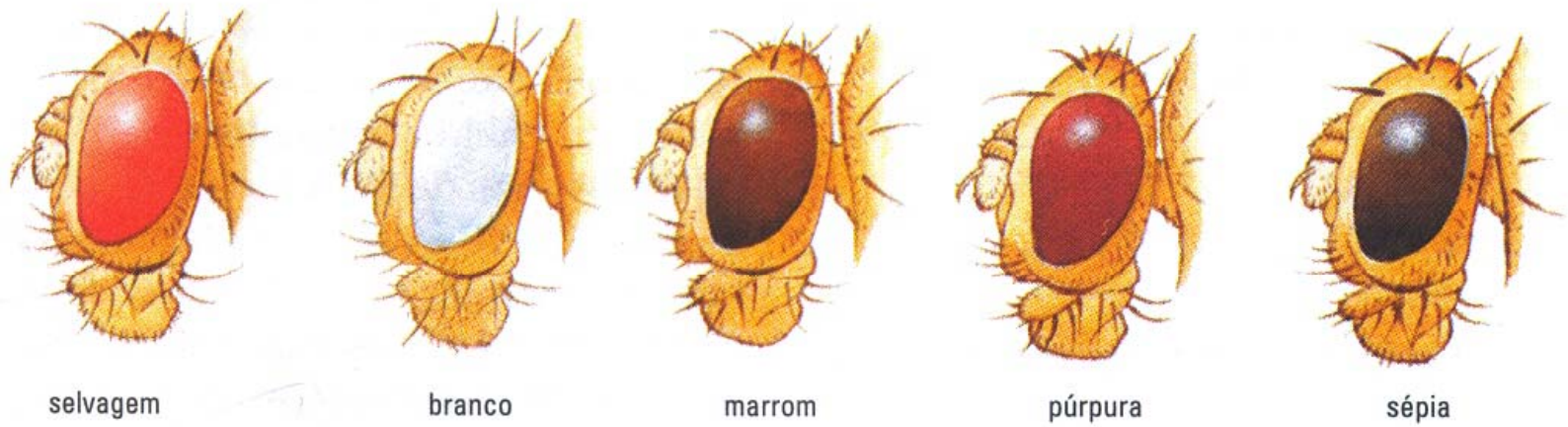


Fig. 12.16 - Os mutantes para cor de olhos em drosófila surgiram a partir da drosófila de olhos vermelhos (primeiro desenho), chamada forma selvagem. A mutação é uma fonte de novos genes e de novas características, importantes para a evolução.

A importância do erro

A capacidade de errar ligeiramente é a verdadeira maravilha do DNA. Sem esse atributo especial, seríamos ainda bactéria anaeróbia e a música não existiria (...). Errar é humano, dizemos, mas a idéia não nos agrada muito, e é mais difícil ainda aceitar o fato de que errar é também biológico.

(Lewis Thomas. *A medusa e a lesma*. Rio de Janeiro, Nova Fronteira, 1979, p. 36.)

6.A engenharia genética

- Microrganismos para produzir vinho, cerveja e queijos;
- Antibióticos de fungos;
- Organismos com maior resistência ou produtividade;
- No passado → complicado! Descobrir e selecionar, na natureza, mutantes com características desejadas ou provocar mutações ao acaso em indivíduos normais.

- Cruzar espécies diferentes → mistura das características desejadas;
- *Biotecnologia* – Uso dos organismos ou de seus produtos em benefício do homem;
- *Engenharia genética* – é uma nova biotecnologia, transplante de genes de uma espécie para outra, criando-se uma molécula de DNA que não existia na natureza.

Fábricas de proteínas

- *Enzimas de restrição* – encontradas em bactérias;
- Tesouras em trechos específicos do DNA;
- Ex:. *E. coli* → *EcoRI* → reconhece trechos de DNA com a sequência GAATTC (corta entre G e o A);
- Fragmentos de DNA de organismos diferentes e juntar com a *DNA ligase*.

- *DNA recombinante* – DNA com uma nova combinação de genes, produzido em laboratório;
- *E. coli* como fábricas de proteínas humanas;
- Bactérias – DNA cromossômico e plasmídio (DNA circular) →→ genes produtores de enzimas que neutralizam antibióticos ou atacam outras bactérias;
- Plasmídios utilizados como receptores de genes de outras espécies.

Plasmídios retirados

enzima de restrição

gene humano para insulina + plasmídio

DNA recombinante

inseridos na bactéria → clones!

- Antes da engenharia genética: insulina de suínos;
- Algumas pessoas eram alérgicas;
- Proteínas já em produção:

✓ Interferon;

✓ Ativador de plasminogênio tissular (TPA) → coágulos

✓ Fator anti-hemofílico (coagulação do sangue);

✓ Eritropoetina;

✓ Vacina contra hepatite B.

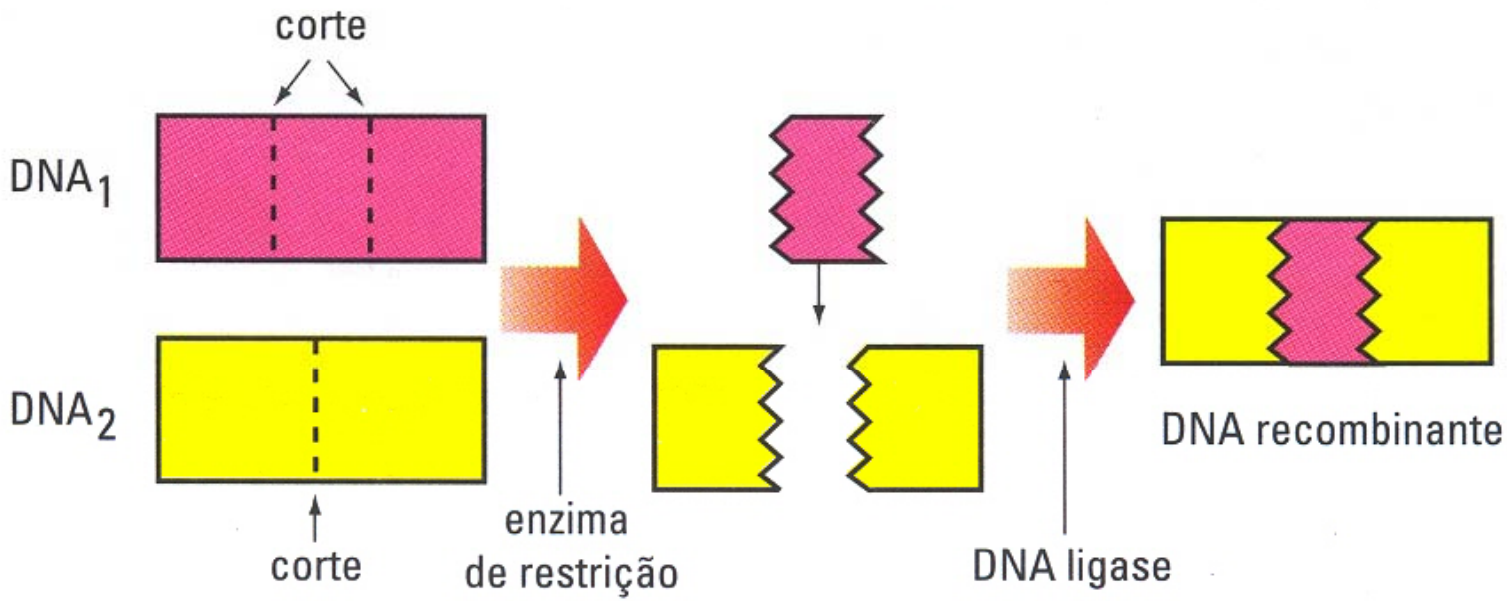


Fig. 12.17 - Cortando e colando segmentos de DNA com enzimas de restrição e com o DNA ligase.

A “impressão digital” de DNA

- DNA + enzima de restrição → Fragmentos com tamanhos diferentes;
- Cada indivíduo possui uma coleção característica de fragmentos;
- Quando comparamos o conjunto de fragmentos de dois indivíduos aparentados, notamos que eles são semelhantes, mas não idênticos. Motivo?

Variedade genética (mutação e recombinação).

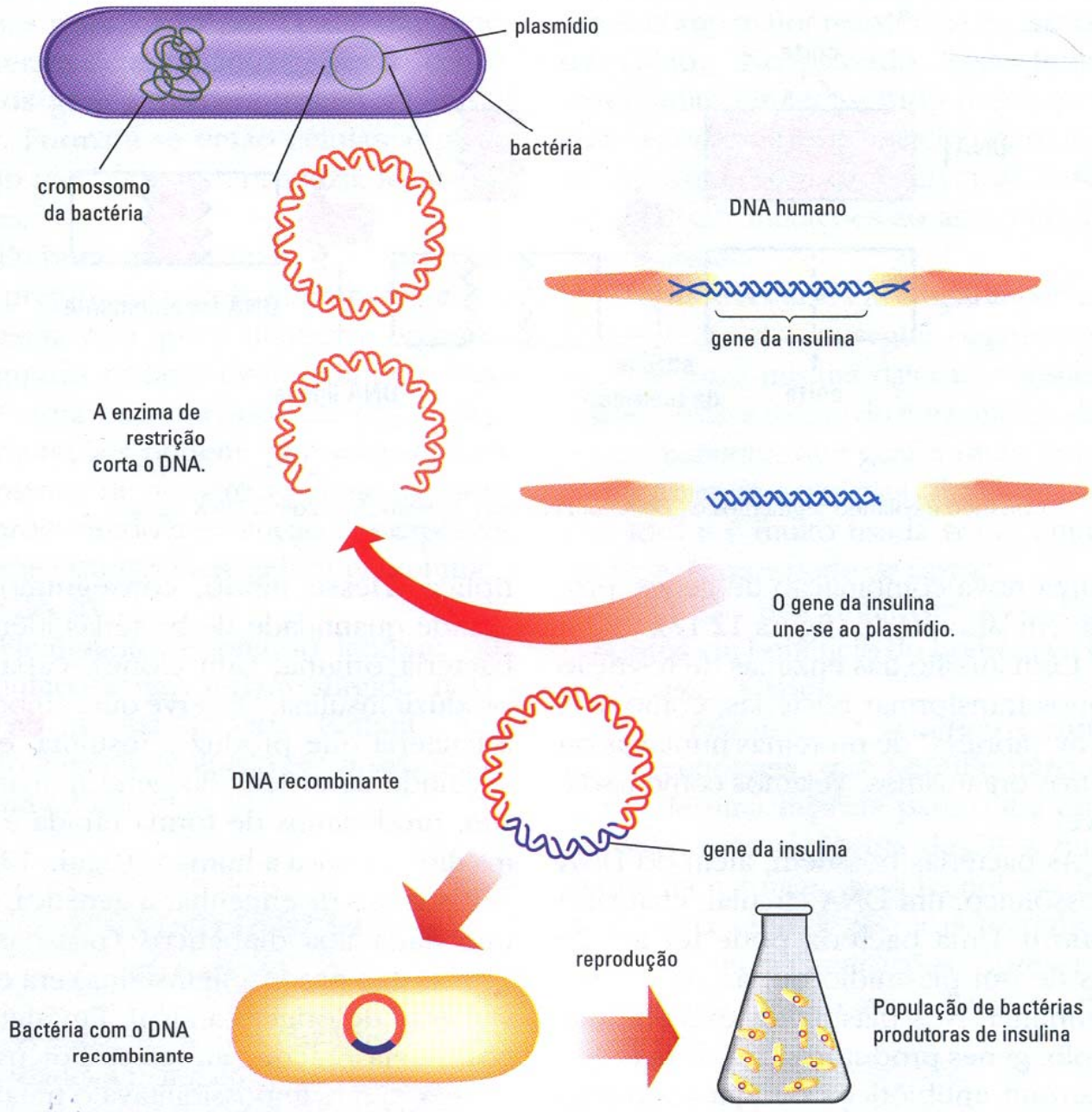


Fig. 12.18 - Criação de uma bactéria com DNA recombinante para a produção de insulina.

- Mutações podem:

✓ Duplicação dos nucleotídeos (DNA aumenta de tamanho);

✓ Retirada de nucleotídeos (DNA diminui de tamanho);

- Separação em função do tamanho;
- Eletroforese;
- Fragmentos maiores – devagar;
- Fragmentos menores – rápido;
- Formação de faixas ou bandas;

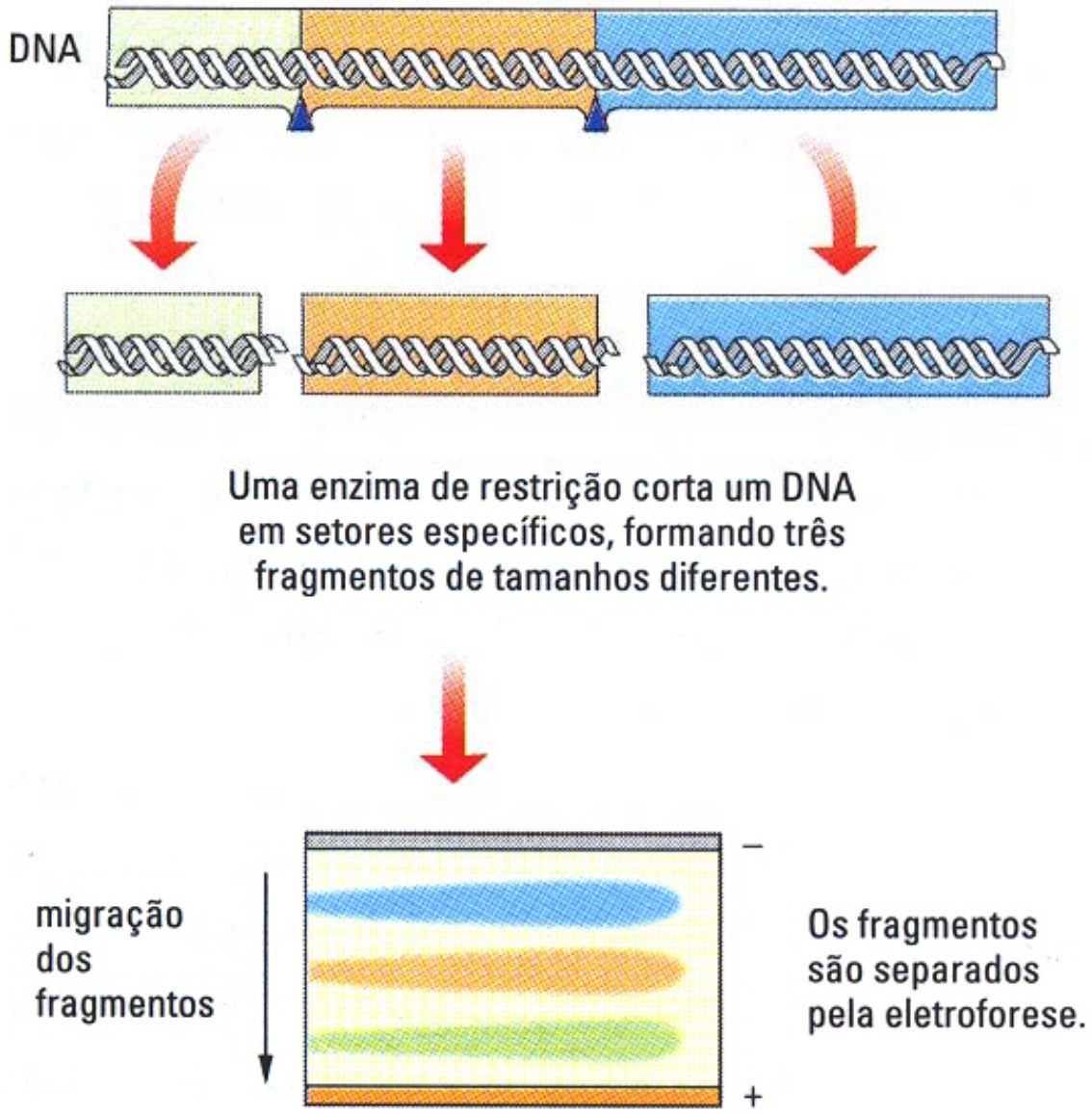


Fig. 12.19 - Separação dos fragmentos de restrição por eletroforese.

- Comparação entre um grande número de fragmentos de duas pessoas → impossível encontrar dois padrões de banda iguais. Por que?

Mutações ao acaso, não se evidenciando em característica, pois estão em regiões inativas.

- "impressão digital" ou um "código de barras" típico de cada pessoa;
- Criminologia;
- Paternidade;
- Extração a partir de glóbulos brancos (criança, mãe e suposto pai).

- Tratado, isoladamente, pelas mesmas enzimas de restrição;
- Grau de acerto: 99,99%;
- Antes: realização de exame de grupo sanguíneo;
- *Reação em cadeia da polimerase* ou *PCR* (*polimerase chain reaction*) → milhões de cópias de um segmento de DNA.

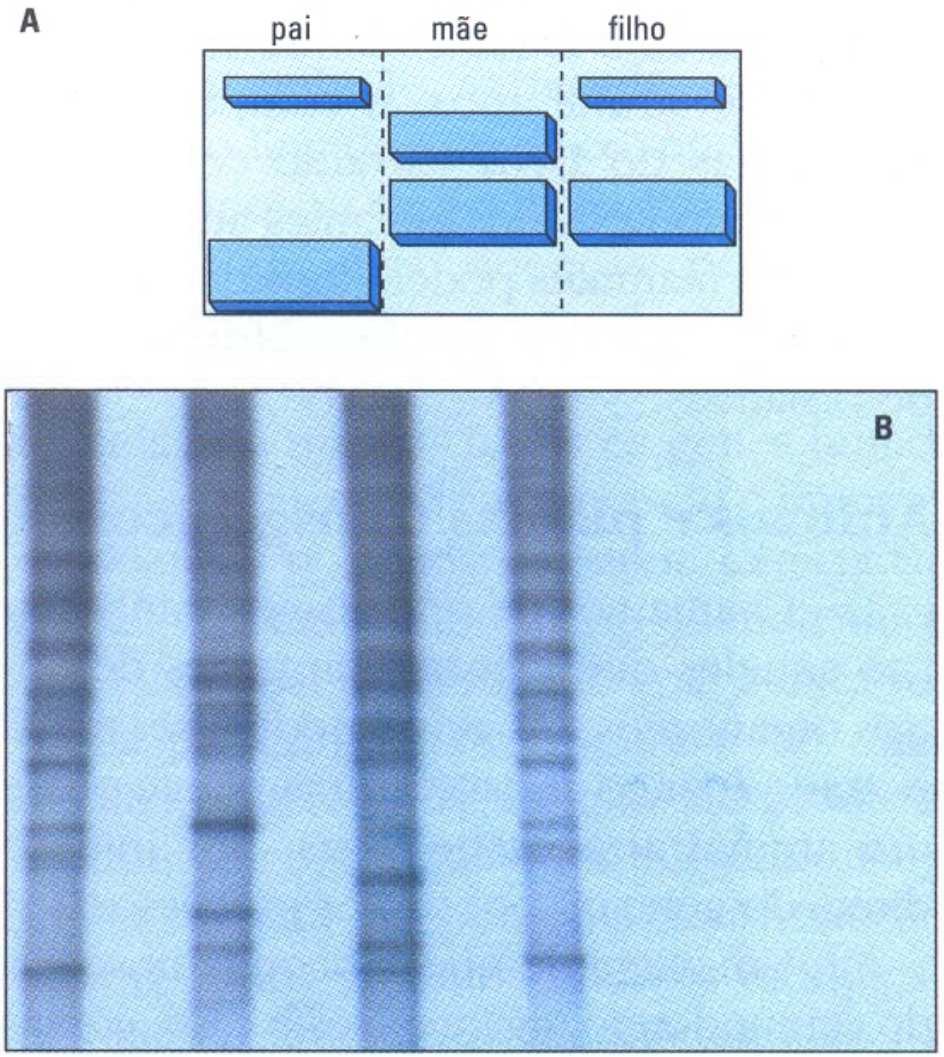


Fig. 12.20 - (A) Esquema mostrando duas bandas de DNA. A coincidência das bandas do filho e do homem mostram que ele é de fato o pai da criança. (B) Foto das bandas.

Animais e plantas transgênicos

- Organismos transgênicos → aqueles que incorporam genes de outros organismos;
- Camundongo gigante (GH);
- Produção de gametas com o gene transplantado;
- Suínos (GH) → mais proteína que gordura;
- Ovelha que produz fator anti-hemofílico no leite.

- Transplante para a planta do tabaco de um gene da bactéria *Bacillus thurgiensis* (toxina para larvas dos insetos predadores);
- Feijão da EMBRAPA que produz metionina (presente no arroz, mas não no feijão).

A terapia gênica

- Diagnóstico e tratamento de doenças genéticas;
- Gene para a doença → fabricação de um filamento complementar, identificando tal região;
- A doença, ou sua predisposição, poderá ser detectada ainda no embrião (retira-se líquido amniótico para exame).

- 1990 – menina incapaz de produzir Ac;
- Transfusão de seus próprios glóbulos brancos, sem o gene defeituoso e com o gene normal;
- Produção de substâncias que atacam o câncer;
- Diabetes – vírus atenuados que levariam o gene para fabricação de insulina.

Inspiração para a ficção científica

A engenharia genética também estimula a imaginação na área da ficção científica. No filme *Parque dos dinossauros*, de Steven Spielberg, foi sugerido que alguns fósseis de insetos preservados em âmbar (resina fossilizada de plantas) poderiam ter picado dinossauros e retido amostras do sangue em seu organismo. A partir dos genes tirados deste sangue, seria possível, segundo o filme, recriar os dinossauros.

No entanto, a grande maioria dos genes de um animal é destruída na fossilização. Tudo o que se consegue são alguns poucos fragmentos de alguns genes. Para conseguir um dinossauro inteiro, seria necessário descobrir todos os genes do animal e também a ordem em que eles estão arrumados no núcleo da célula. Um trabalho muito difícil e, por enquanto, impossível. Outro problema seria conseguir que esses genes funcionassem quando colocados em células atuais, diferentes das células dos dinossauros.

O Projeto Genoma Humano

- Informação de uma simples bactéria – 2000 páginas;
- Célula humana – 1 milhão de páginas;
- 3 bilhões de pares de bases;
- 5% a 10% diferem de pessoa para pessoa;
- Número estimado de genes: 50 mil e 100 mil.

- Pretende descobrir onde está cada um dos genes – o mapeamento – e estabelecer a sequência de bases de cada gene – sequênciamento;
- Aplicações:

✓ Genes para doenças genéticas;

✓ Funcionamento dos genes e sua participação;

✓ Sequência de aminoácidos;

✓ O homem e outras espécies;

✓ Fabricação de proteínas por E.G.

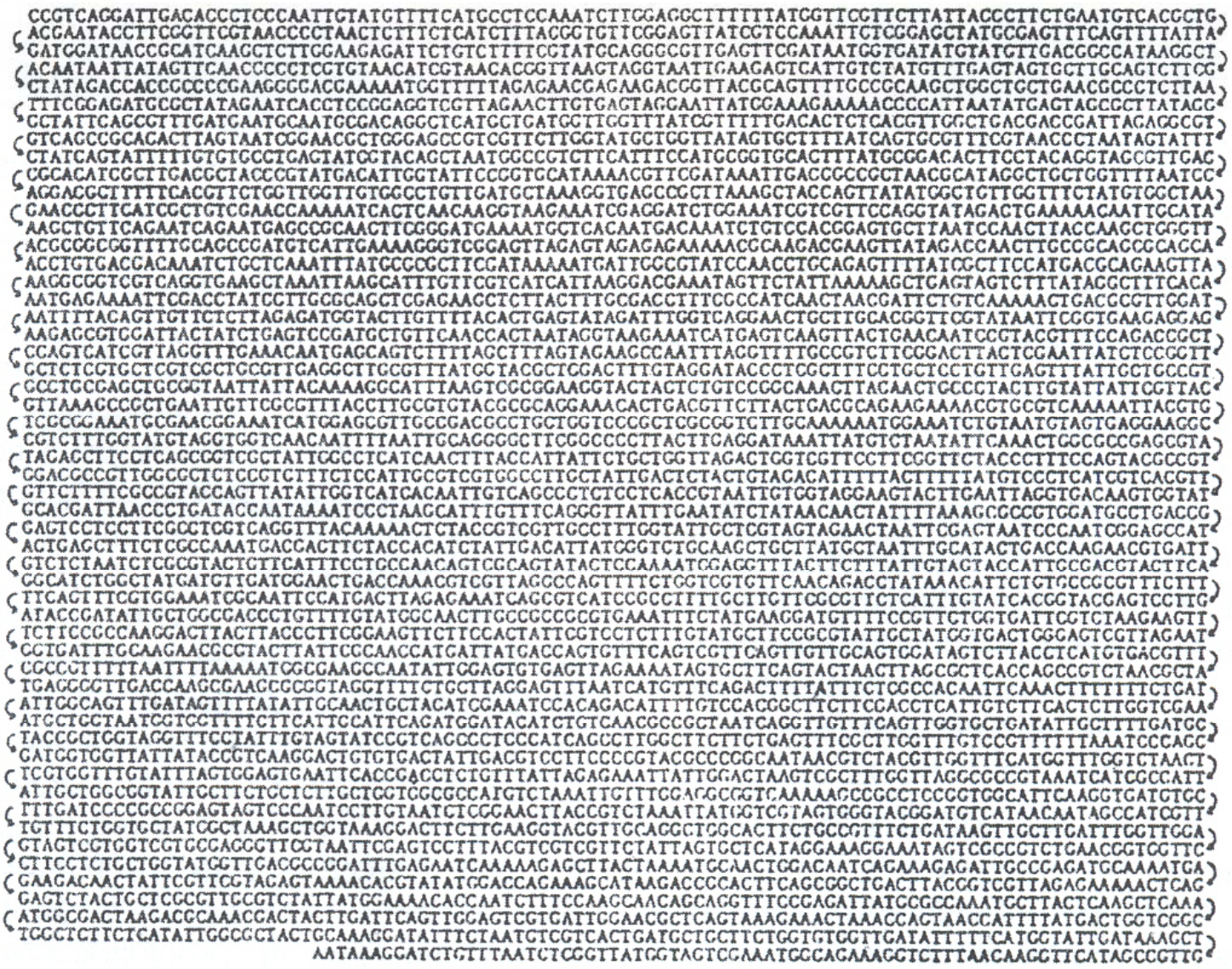


Fig. 12.21 - Seqüência completa de bases do vírus ØX174.

Problemas legais e éticos

A identificação dos genes responsáveis por doenças hereditárias abre caminho para a elaboração de testes capazes de detectá-las precocemente. Por um lado, isso permitirá ao indivíduo adotar um modo de vida apropriado — escolhendo alimentos e ambientes ou tomando remédios preventivos — para minimizar os efeitos dessas doenças. Por outro lado, os testes podem se constituir em uma invasão da privacidade do indivíduo: as empresas ou o governo poderiam discriminar indivíduos com base em uma espécie de "ficha" de DNA. Não é de espantar que este tipo de conhecimento tenha gerado intensas discussões legais, éticas e religiosas.

É o caso de perguntar: uma empresa teria o direito de realizar testes em seus funcionários ou em candidatos a um emprego para procurar doenças que poderão desenvolver-se no futuro? Como resolver o problema da discriminação contra pessoas nas quais tenha sido detectada uma predisposição para algumas doenças? Como a própria pessoa se sentiria sabendo que irá desenvolver uma doença incurável?

As posições sobre tais discussões variam muito. Há até os que acham que a decifração dos genes humanos deve ser interrompida imediatamente. Só que, neste caso, estaríamos bloqueando também uma série de descobertas importantes para a cura de diversas doenças.

Há também aqueles que são a favor de princípios legais, para garantir a privacidade e o uso adequado dessas informações. Assim, nenhum indivíduo deveria ser obrigado a submeter-se a testes genéticos. Além disso, os resultados de uma avaliação teriam de ser estritamente confidenciais. Finalmente, a informação somente poderia ser usada para tratar doenças e jamais para programar indivíduos com características desejáveis pelo governo, por outra pessoa ou instituição.

A terapia gênica, usada para modificar apenas algumas células doentes de uma pessoa, também tem provocado controvérsias. E se o processo for usado para modificar células embrionárias não apenas para curar doenças, mas também para produzir características desejáveis aos pais ou ao governo? E se as mudanças forem feitas nos gametas, gerando indivíduos com características pré-escolhidas?

Por enquanto, esses tipos de mudanças são proibidas, mas, no futuro, tais questões terão de ser debatidas por toda a sociedade.

Neste sentido, algumas decisões já foram tomadas. Em 1995, a Comissão Federal Americana de Oportunidades Iguais de Emprego declarou que é ilegal usar resultados de testes genéticos para eliminar candidatos a empregos. Pessoas saudáveis mas com predisposição genética para uma doença não podem ser discriminadas por empregadores.

Outra discussão é sobre o direito de propriedade dessas descobertas. Muitos cientistas criticam os institutos de pesquisa que requerem patentes para os genes que são descobertos. Para eles, isso é explorar comercialmente um patrimônio que deve pertencer a toda a humanidade.