



UTILIZAÇÃO DO JOGO “SALADA DE AMINOÁCIDOS” PARA O ENTENDIMENTO DO CÓDIGO GENÉTICO DEGENERADO

Andrielle Castilho-Fernandes¹; Alicia Greyce Turatti Pessolato¹; Lucas Eduardo Botelho de Souza¹; Ricardo Bonfim-Silva¹; Priscilla Carnavale Gomes Ferreira¹; Gustavo Leopoldo Rodrigues Daré².

1- Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Células-Tronco e Terapia Celular

2- Casa da Ciência do Hemocentro de Ribeirão Preto

Endereço para correspondência: Hemocentro de Ribeirão Preto - Casa da Ciência - Av. Tenente Catão Roxo, nº 2501 – Monte Alegre, Ribeirão Preto - SP. - E-mail: andrielle_dcf@yahoo.com

Palavras-chave: código genético degenerado, ferramenta didática, ensino de ciências.

Introdução

O paradigma da biologia molecular é definido pelo dogma central, o qual é basicamente subdividido em: replicação do DNA (ácido desoxirribonucléico), que permite a perpetuação da informação gênica; transcrição, que converte a informação do DNA em uma fita de RNA (ácido ribonucléico) complementar; e tradução, que converte a informação contida no RNAm (ácido ribonucléico mensageiro) em proteínas. Tais processos ocorrem por meio do código genético, o qual é composto por conexões entre códons e seus respectivos aminoácidos.

O código genético é considerado universal, pois está presente em todos os seres vivos. Além de universal, o mesmo é considerado degenerado, pois pode conter mais de um códon com a capacidade de reconhecer um mesmo aminoácido. Assim, as combinações entre as quatro bases nitrogenadas (adenina- A, uracila- U, citosina- C, guanina- G) do RNAm formam 64 códons, os quais traduzem apenas 20 aminoácidos. Apesar desta redundância, o código genético não é ambíguo, pois o mesmo códon não serve para dois aminoácidos diferentes (ALBERTS et al., 1999).

O código genético degenerado e o dogma central são considerados conteúdos de difícil compreensão, tanto pela complexidade dos processos biológicos quanto pelo modo com que estes são transmitidos na escola (CAMARGO E INFANTE-MALACHIAS, 2007; SCHEID E FERRARI, 2006), além de muitas vezes serem abor-

dados de forma errônea e mistificados pela mídia (MORI et al., 2009).

Diante deste contexto, torna-se imprescindível o desenvolvimento de estratégias didáticas que busquem facilitar o aprendizado de tais processos biológicos. Muitas publicações descrevem a construção e a utilização de ferramentas didáticas para o ensino do processo natural de síntese protéica, iniciado na transcrição e terminado na tradução, o qual resulta na obtenção de uma proteína (CARVALHO E MAFFEI, 2007; MORI et al., 2009; SIQUEIRA et al., 2010). No entanto, para uma melhor compreensão do significado biológico da extensa redundância característica do código genético, este artigo analisa a aplicação de um jogo didático, o qual percorre o processo inverso do dogma central, ou seja, inicia-se com a construção de uma proteína e desenrola-se até a sequência do DNA codificante.

Objetivo

O objetivo desta matéria é analisar a aplicabilidade e as potencialidades educacionais do jogo didático “Salada de Aminoácidos” como recurso de aprendizagem da degeneração do código genético e dos processos biológicos que compõem o dogma central.

Metodologia

História, contexto, resultados e comentários sobre a aplicação do jogo.

a) Esta abordagem de ensino foi aplicada em um grupo de alunas de Ensino Médio de escolas públicas e particulares, vinculados ao programa “Adote um Cien-

tista” promovido pela Casa da Ciência (<http://ead.hemocentro.fmrp.usp.br/joomla/>) da Fundação Hemocentro de Ribeirão Preto, da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto - SP.

Inicialmente foram ministradas duas aulas, tendo como conteúdo programático DNA, RNA, proteínas e os processos biológicos que compõem o dogma central.

Com o intuito de trabalhar os conceitos científicos apresentados e avaliar a construção deste conhecimento, as alunas foram divididas em duplas para a execução do jogo “Salada de Aminoácidos”.

Foi escolhida a proteína precursora da insulina devido ao seu pequeno tamanho e pelo fato de que a insulina está vinculada ao diabetes (PIEPER, 2007), o que facilitaria a contextualização do conhecimento e a participação ativa dos alunos na elaboração de seus próprios conhecimentos.

b) Material

O material utilizado consiste:

1. de uma sequência de aminoácidos relativa à proteína precursora da insulina (sequência extraída do banco de dados NCBI *Protein* http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_001172027.1) que deve ser recortada em tiras (Figura 1);

2. uma tabela do código genético (Tabela 1);

3. uma folha tracejada para “tradução” da sequência do RNAm (Figura 2), em que cada traço deve ser preenchido com uma base nitrogenada e uma folha tracejada para “transcrição” da sequência do DNA codificante (Figura 3);

4. uma exemplificação da sequência de nucleotídeos relativa ao RNAm da proteína precursora da insulina (figura 6) e demonstração dos nucleotídeos que constituem a sequência gênica da insulina humana (NCBI NUCLEOTIDE) – figura 7.

Instrumentos de Avaliação do Aprendizado

O processo avaliativo ocorreu durante toda a execução da aula, tendo como foco a interação das alunas entre si e os professores.

Foram registradas manifestações orais das alunas durante o período da execução do jogo. Após a realização do mesmo, foi aplicado um questionário individual. A escolha de duas formas de avaliação, utilizando-se o recurso escrito e oral, deve-se à constatação de que alguns alunos expressam melhor seu conhecimento através da oralidade e outros, através da escrita.

d) Etapas da dinâmica

1. O jogo inicia-se com as tiras de aminoácidos recortadas (Figura 1) dispostas de forma embaralhada, dando-se a idéia de “salada”.

2. Os alunos deverão deduzir, ou buscar em seus registros, a informação de que toda proteína inicia-se com uma metionina (MET). O jogo deve ser montado de maneira que os três últimos aminoácidos de cada tira da sequência primária sobreponham-se aos três primeiros aminoácidos da sequência seguinte, pois se trata dos mesmos aminoácidos, dando-se a idéia de “cascata ou trenzinho”. Dessa forma, os estudantes construirão a sequência primária da proteína pró-insulina, composta por 110 aminoácidos (Figura 4).

3. A seguir, com o auxílio da tabela do código genético (Tabela 1), deverão traduzir inversamente a sequência protéica para a sequência do RNAm, utilizando a folha tracejada com o título RNAm (Figura 2). Neste momento os alunos visualizarão as possíveis combinações de bases nitrogenadas que podem levar ao mesmo aminoácido. Nos últimos três tracejados da folha, os alunos deverão inferir que se trata do códon de parada. Este momento é de extrema importância e despenderá maior tempo, já que os alunos vivenciarão o fato de que o código genético é degenerado.

4. A última etapa da atividade consiste na transcrição inversa do RNAm para o DNA, utilizando-se a folha tracejada com título DNA (Figura 3). Nesta etapa é imprescindível que os alunos substituam a uracila (U) pela timina (T). Provavelmente, as duplas delimitarão os códons na sequência do RNAm (Figura 4B).

É fundamental que no final da atividade seja apresentada a sequência codificante real da pro-insulina (Figura 6). Caso o professor ache pertinente, o mesmo pode apresentar a sequência verdadeira do gene referente à insulina, a qual possui íntrons em adição à sequência codificante (Figura 7), para abrir a possibilidade de discussão sobre o “splicing” do RNA transcrito. Durante o fechamento da atividade o professor deve discutir a complexidade do universo “subcelular” e a importância de cada etapa dos processos biológicos que compõem o dogma central. Pode ser abordado ainda que o organismo precisa de proteínas na forma ativa para a realização das suas funções fisiológicas e devem ser discutidos também as modificações pós-traducionais. No caso da proteína estudada, a precursora da insulina, à medida que o organismo requisita a liberação da insulina pelas células produtoras, ocorre o processo de clivagem intracelular desta cadeia polipeptídica precursora (pró-insulina) para transformar-se em insulina ativa (modificações pós-traducionais).

Deve-se levantar a ideia de que a insulina ativa é uma proteína de pequeno tamanho, a qual contém 51 aminoácidos e, mesmo assim, o processo para construí-la é muito trabalhoso. Peça aos alunos que imaginem proteínas maiores como, por exemplo, a proteína muscular titina, a qual possui 34.350 aminoácidos (LABEIT E KOLMERER, 1995) e é 673 vezes maior que a insulina. Independentemente do tamanho da proteína, as células são capazes de realizar todas as etapas de forma correta, rápida e, caso ocorra algum erro durante as etapas que envolvem a produção proteica, o resultado pode ser prejudicial ao organismo (ALBERTS et al., 1999).

e) Resultados

Os estudantes manifestaram interesse constante na tarefa e fizeram relação com o conteúdo discutido previamente em aula teórica. Verbalizaram vários conceitos dos objetivos definidos para a aula, como:

tradução - “A função do RNAm era formar proteína, não era?”;

aminoácido iniciante universal - “Mas qualquer proteína começa com MET?” “Ué, mas pode colocar MET no meio da proteína? Ela não é só no início?”;

código degenerado - “Você tem certeza de que se colocar qualquer um dá certo?” – “Claro que dá, o aminoácido tem mais de uma opção.”;

códon de parada - “Ai, aqui é o stop códon, não é?”.

A dupla de alunas que primeiro terminou a tarefa foi mais rápida em todas as etapas (3 minutos na montagem do quebra-cabeça, 11 minutos na tradução inversa do RNAm e 7 minutos na transcrição inversa do DNA). A última dupla a terminar foi mais lenta em todas as etapas, e sua maior dificuldade foi na tradução inversa para o RNAm (4 minutos na montagem do quebra-cabeça, 33 minutos na tradução inversa do RNAm e 15 minutos na transcrição inversa do DNA).

Quanto à avaliação escrita (Figura 5), os conceitos de tradução, transcrição, códon de início e de parada foram expressos com clareza. Contudo, as alunas não foram capazes de inferir a importância da degeneração do código genético nos organismos vivos na questão 6 do questionário (Figura 5). A resposta esperada para questão seria: diminuir o efeito deletério das mutações e diminuir a possibilidade de gerar proteínas não funcionais.

f) Considerações finais

Sabe-se que a utilização de atividades dinâmicas possibilita a interação do aluno com o objeto de estudo e os capacita no emprego do conhecimento adquirido previamente (FRANCISCO JR. et al., 2008). Assim, este trabalho abordou uma ferramenta de ensino que exige concentração e uma profunda interação entre os alunos,

o que forneceu evoluções em termos conceituais. Todo o processo didático utilizado conduziu as alunas a um novo olhar sobre o tema estudado, à medida que se sentiam capazes de compreender os processos biológicos de maneira prática e dinâmica. A compreensão do conceito de código degenerado foi manifestada durante a execução da tarefa, e documentado o registro da oralidade das alunas. Porém, as alunas não desenvolveram compreensão total deste conceito, ao não conseguirem responder adequadamente a questão 6 da avaliação escrita. Para aprimorar esta etapa, os autores propõem a substituição da tabela tradicional do código genético por uma tabela simplificada (Tabela 2) que enfoca a degeneração do código genético.

Agradecimentos

Agradecemos às alunas do programa Adote um Cientista e aos docentes Dimas Tadeu Covas, Marisa Ramos Barbieri, André Peticarrari, Aparecida Maria Fontes, Maria José de Souza Gerlack Vecchia, Simone Kashima, Flávia Fulukava do Prado, Fernando Rossi Trigo e Gustavo Leopoldo Rodrigues Daré da Disciplina Ação Docente na Iniciação Científica (RCM: 5859), Pós Graduação da FMRP-USP, Área Clínica Médica (17138), Casa da Ciência – Hemocentro.

Convite

Caro amigo professor, gostaríamos de receber idéias, críticas e sugestões sobre este jogo “Salada de Aminoácidos” quanto à aplicabilidade do mesmo.

Referências Bibliográficas

- ALBERTS, B.; BRAY, D.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P.; trad. Carlos Termignoni...[et al] **Fundamentos da Biologia Celular**: uma introdução à biologia molecular da célula. 1 ed., Porto Alegre: Artmed, 1999.
- CAMARGO, S.S.; INFANTE-MALACHIAS, M.E. A genética humana no ensino médio: algumas propostas. **Genética na Escola**, v.02, n.01, p.14-16, 2007.
- CARVALHO, L.G.; MAFFEI, E.M.D. O ensino da transcrição e tradução para portadores de necessidades educacionais especiais – visuais e pessoas de visão normal. **Genética na Escola**, v.02, n.01, p.20-24, 2007.
- FRANCISCO JR., W.E.; FERREIRA, L.H.; HARTWIG, D.R. Experimentação Problematizadora: fundamentos teóricos e práticos para a aplicação em salas de aula de ciências. **Química Nova na Escola**, n.30, p.34-41, 2008.
- LABEIT, S.; KOLMERER, B. Titins: giant proteins in charge of muscle ultrastructure and elasticity. **Science**, v.270, n.5234, p.293-6, 1995.
- MORI, L.; ARIAS, M.C.; MIYAKI, C.Y.; DESSEN, E. M. B. Código Genético: o código dos vinte. **Genética na Escola**, v.03, p.25-32,

2009.

NCBI Protein: translation of life. Disponível em URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/NP_001172027.1>. Acesso em: 22/11/2010.

PIEPER, C.; **Diabetes tipo I**. Sociedade Brasileira de Diabetes. Comitê Editorial do Site SBD, Gestão 2006-2007. Disponível em URL: <<http://www.diabetes.org.br>>. Acesso em: 22/11/2010.

SCHEID, N.M.J.; FERRARI, N. A história da ciência como aliada no ensino de genética. **Genética na Escola**, v.01, n.01, p.17-18, 2006.

SIQUEIRA, F.S.; BORGES, J.S.; CARVALHO, P.G.; LADEIRA, F.D.; MORAES, K.C.M. Brincando com as trincas: para entender a síntese protéica. **Genética na Escola**, v.05, n.02, p.34-37, 2010.

Figuras

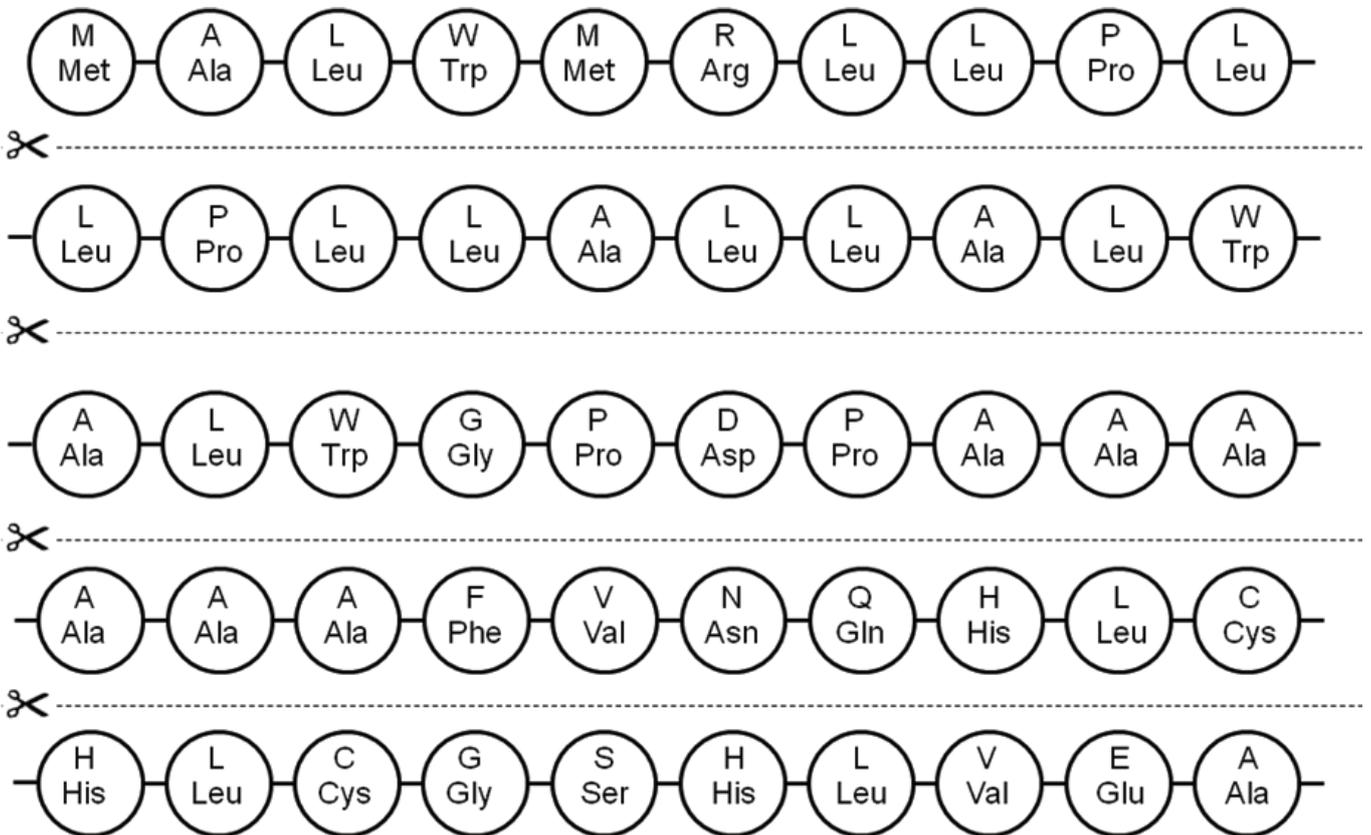
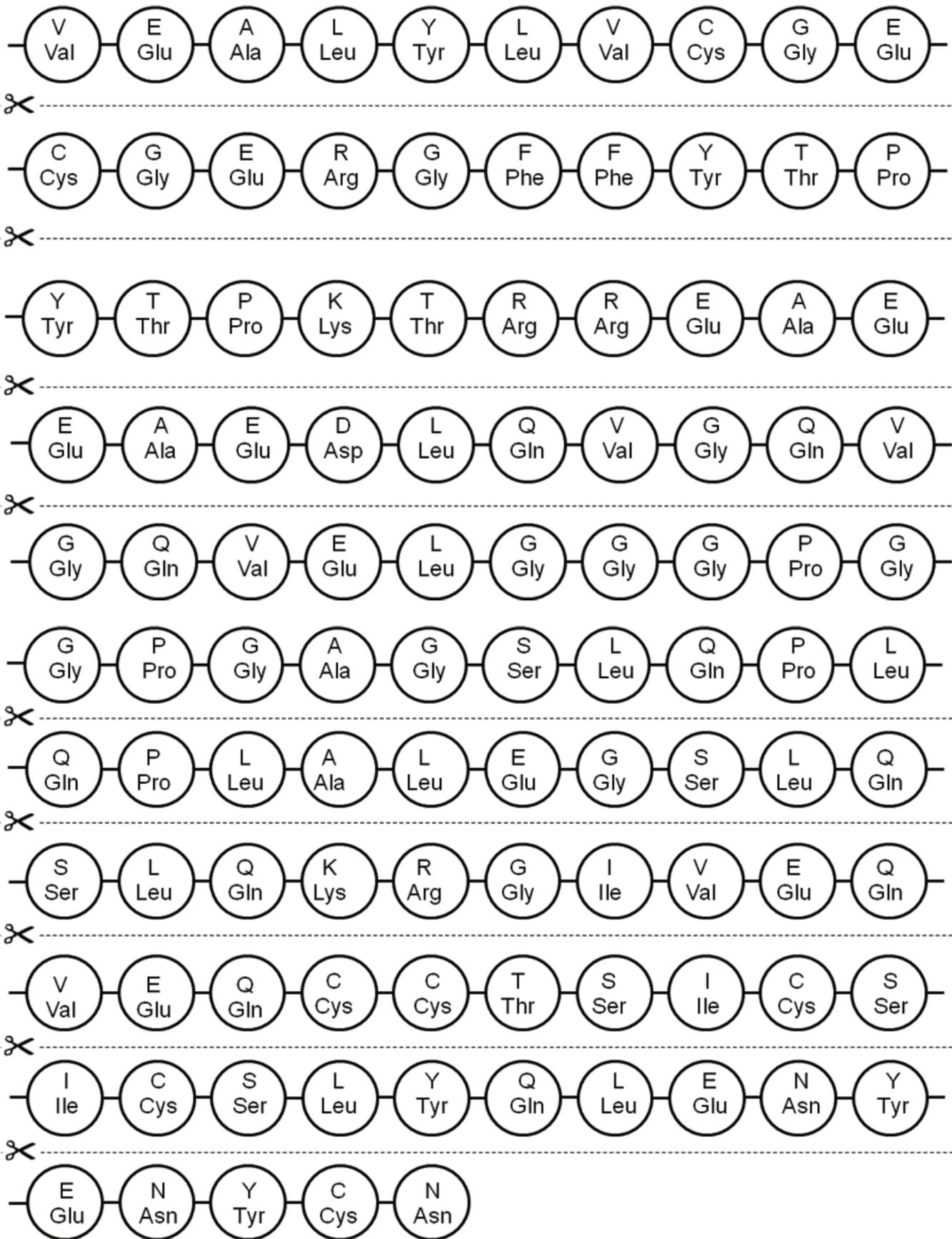


Figura 1 - Sequência de aminoácidos que compõem a proteína pro-insulina.



(Continuação) Figura 1 - Sequência de aminoácidos que compõem a proteína pro-insulina.

