



BRINCANDO COM AS TRINCAS: PARA ENTENDER A SÍNTESE PROTÉICA

Filipe Silva Siqueira^{1*}; Juliene Soto Borges^{2*}; Patrícia Giselle Carvalho^{2*}; Flávia Dias Ladeira^{2,3}; Karen C. M. Moraes^{1**}

1- Universidade Federal de Ouro Preto – UFOP. 2 - Centro Universitário de Belo Horizonte – UNI-BH. 3- Biominas Brasil. * Autores que contribuem igualmente. **Autor para correspondência

Karen C. M. Moraes (KarenMoraes_33@hotmail.com)

Universidade Federal de Ouro Preto - UFOP, Campus Morro do Cruzeiro, Departamento de Ciências Biológicas (DECBI), Núcleo de Pesquisas em Ciências Biológicas (NUPEB) - Ouro Preto – MG. CEP 35400-000

Palavras-chaves: tradução, código genético, atividades lúdicas.

RESUMO

Com a crescente valorização do lúdico na construção do conhecimento, este trabalho apresenta uma proposta alternativa para o ensino de síntese protéica. Possibilitando a participação de até doze alunos, o jogo se embasa na personificação dos mesmos em dois tipos de moléculas: RNAm e RNAt, visando a construção do conhecimento sobre a mecânica do processo traducional. Confeccionado com materiais de baixo custo e/ou recicláveis, a ferramenta de ensino aqui apresentada, torna-se viável e acessível a todos.

INTRODUÇÃO

Os materiais didáticos caracterizam-se como importantes ferramentas nos processos de ensino e aprendizagem, e os jogos se destacam por instigar a curiosidade e o interesse dos alunos pelo conteúdo (CAMPOS, 2002). Considerando as dificuldades existentes no ensino da genética e da biologia molecular devido à ausência ou precária infra-estrutura dos laboratórios em escolas públicas, e/ou ao nível de abstração necessária para a assimilação do seu conteúdo, acredita-se que a utilização dos jogos didáticos seja uma intervenção positiva na construção do conhecimento pelos discentes (CAMPOS, 2002).

A síntese protéica é um fenômeno universal que ocorre em todas as células e nos mais variados organismos, mas para que a tradução se processe, várias etapas precursoras do metabolismo celular são requisitadas. A sincronia entre eventos bioquímicos e moleculares que ocorrem independentemente é que asseguram a tradução e o próprio equilíbrio celular. Dentro desse contexto,

a transcrição, ou síntese de moléculas de RNA (ácido ribonucléico) assume posição de destaque. Em células eucariotas, esse processo inicia-se no compartimento nuclear, onde o DNA (ácido desoxirribonucléico) serve de molde para a síntese de moléculas de RNA. Esse processo inicia-se pela ligação de um complexo enzimático à molécula de DNA, a RNA - polimerase, que também possui atividade de helicase. Sua atividade desfaz a dupla hélice de DNA pelo afastamento das duas cadeias complementares e, conseqüentemente, ocorre o rompimento das pontes de hidrogênio. A RNA - polimerase medeia a síntese de uma molécula de RNA de acordo com a complementaridade das bases. Quando do processo traducional, a molécula de RNAm (RNA mensageiro) é considerada como molécula intermediária do fluxo as informações genéticas (GRIFFITHS et al., 2009).

Terminada a transcrição, as moléculas de RNA migram para o citoplasma da célula (eucarioto) onde coordenam diferentes processos. Os RNAm são formados por um único filamento que contém sequências de nucleotídeos (códon), e que especificam os aminoácidos a serem inseridos na proteína a ser sintetizada. Os RNA transportadores (RNAt) são pequenas moléculas em forma de trevo e responsáveis pelo transporte dos aminoácidos até o local da síntese protéica; em uma de suas extremidades livres apresentam a sequência ACC (local aonde ocorre a ligação com o aminoácido), e em outra região a molécula de RNAt possui uma sequência de três bases denominadas anticódon. O pareamento códon-anticódon viabiliza a tradução que ocorre em sítios específicos dos ribossomos. Além desses dois tipos de RNA, em uma célula encontramos também os RNAs ribossomais (RNAr). Esses RNAs unem-se a complexos protéicos e estruturam os ribossomos, que são

compostos por duas unidades estruturais denominados de subunidade menor e maior e que contêm sítios de ligação de moléculas de RNA transportador (RNAt): sítio P (peptidil, onde fica o polipeptídeo em formação), sítio A (aminoacil, onde há a entrada dos aminoácidos) e sítio E (saída).

A tradução é o processo de síntese de proteínas e se centra na decodificação da mensagem contida na molécula de mRNA. Essa decodificação está baseada na informação contida nas trincas de nucleotídeos (códon), que especificam o aminoácido a ser inserido na síntese da proteína. Essa correlação códon – amino ácido é definida pelo código genético decifrado na década de 1960 por Khorana e Nirenberg. A análise do código nos mostra que 64 possíveis combinações de trincas de nucleotídeos podem ser obtidas para os 20 aminoácidos existentes, havendo mais de um códon para um mesmo aminoácido. Dentre as combinações possíveis, três não especificam aminoácidos e são chamados de códon de terminação ou parada, pois estão diretamente relacionados ao término do processo traducional (ALBERTS, 1999). À medida que o ribossomo se desloca pela molécula de RNAm, a proteína vai sendo decodificada, e ao final do processo ocorre a dissociação das subunidades estruturais do ribossomo.

Segundo os Parâmetros Curriculares Nacionais para o Ensino Médio – PCN+, o estudo da Genética e da Biologia Molecular gera reflexões críticas sobre as relações entre ciência, tecnologia e sociedade, por isso se faz necessário conhecer a estrutura molecular da vida, por esta se caracterizar como um dos elementos essenciais para um posicionamento criterioso relativo ao conjunto das construções e intervenções humanas no mundo contemporâneo (PCN +, 2000).

OBJETIVO

Propor uma metodologia lúdica e facilitadora da construção do conhecimento sobre a síntese protéica, processo fundamental para a compreensão da relação entre genes, proteínas e do equilíbrio celular.

MATÉRIAS E MÉTODOS

As peças do jogo foram realizadas com materiais de baixo custo e recicláveis:

1. Dado - Caixa cúbica de papelão com aproximadamente 14 cm³. Em cada uma das facetas do dado, um desenho ilustrativo indica a ação a ser realizada pelo jogador (Figura 1).

Faces do dado:

Convocação (◇) - O jogador poderá escolher algum aluno da sala para responder a pergunta em seu lugar (Figura 1 - F.1).

Perde a vez (X) - O jogador fica uma vez sem jogar (Figura 1 - F.2).

Inversão (↻) - O jogador tem uma de suas bases nitrogenadas trocadas aleatoriamente (Figura 1 - F.3).

Recomeço (↺) - O jogador deve recomeçar todo o processo da transcrição no núcleo (Figura 1 - F.4).

Avanço (↑) - Ande uma casa sem responder a pergunta e ganhe a base nitrogenada (Figura 1 - F.5).

Pergunta extra (?) - Responda duas perguntas para selecionar uma base nitrogenada (Figura 1 - F.6).



Figura 1. Faces do dado

2. Cartas de perguntas - Cinquenta cartas possuindo 9,5 por 10,5 cm cada, e contendo perguntas relacionadas à genética geral enfocando a síntese protéica (Figura 2 - F. 1. b).

3. Ficha dos aminoácidos - Feitas com papel cartão e medindo 13,5 por 4,5 cm (Figura 2 - F.1.a).

4. Placas dos jogadores - Doze placas de 27 por 15 cm, sendo seis delas correspondentes a RNAt e seis outras correspondentes a RNAm. As placas são confeccionadas com papelão e barbante, para serem penduradas no pescoço do participante. Cada placa possui fitas adesivas do tipo dupla face para adesão das letras representativas das bases nitrogenadas (Figura 2 - F. 2).

5. Tabuleiro - Tecido Não Tecido (TNT) - azul, rosa, roxo e marrom; folhas e letras de Etil Vinil Acetato (EVA). TNT azul com medidas de 2,64 por 1,40 m foi utilizado como fundo do tabuleiro, com os de cor rosa e roxo foram feitos círculos e colados ao fundo azul, representando o citoplasma e o núcleo de uma célula respectivamente. O TNT de coloração marrom foi utilizado na representação do ribossomo e os de coloração verde serviram para delimitar regiões celulares. Letras de EVA também foram usadas para identificação das posições no tabuleiro (Figura 2- F. 3).

6. Letras – Feitas com cartolina coloridas e utilizadas na representação das bases nitrogenadas A (adenina), C (citosina), G (guanina), U (uracila) e T (timina), com 7 cm cada (Figura 2 - F. 4).

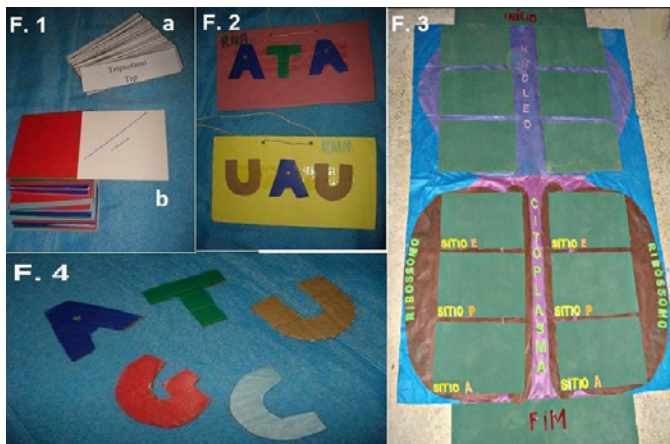


Figura 2. Peças do jogo

7. Quadro do Código Genético Universal - imagem ilustrativa para consulta durante o jogo. (Figura 3).

		2.ª BASE				
		U	C	A	G	
1.ª BASE	U	UUU } Fenilalanina (Phe) UUC } UUA } Leucina (Leu) UUG }	UCU } Serina (Ser) UCC } UCA } UCG }	UAU } Tirosina (Tir) UAC } UAA } Córdão de finalização UAG }	UGU } Cisteína (Cis) UGC } UGA } Córdão de finalização UGG } Glicina (Gln)	3.ª BASE
	C	CUU } Leucina (Leu) CUC } CUA } CUG }	CCU } Prolina (Pro) CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidina (His) CAC } CAA } Glutamina (Gln) CAG }	CGU } Arginina (Arg) CGC } CGA } CGG }	
	A	AUU } Isoleucina (Ile) AUC } AUA } AUG } Metionina Córdão de iniciação	ACU } Treonina (Tir) ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagina (Asn) AAC } AAA } Lisina (Lis) AAG }	AGU } Serina (Ser) AGC } AGA } AGG }	
	G	GUU } Valina (Val) GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanina (Ala) GCC } GCA } GCG }	GAU } Ácido aspártico (Asp) GAC } GAA } Ácido glutâmico (Gln) GAG }	GGU } Glicina (Gln) GGC } GGA } GGG }	

Figura 3. Código Genético Universal (<http://www.google.com.br/imgres>)

REGRAS DO JOGO

1. O professor deve escolher 12 alunos para participarem do jogo, sendo estes divididos em 2 equipes de 6 alunos cada. Destes seis alunos, 3 juntos representarão moléculas de RNAm e os outros, de forma individual, simbolizarão moléculas de RNAt. Durante o jogo, os alunos RNAm usarão uma placa demonstrativa onde serão anexadas as letras simbolizando as trincas (códon) transcritos; os RNAt usarão placas simbolizando os anticódons.

2. Os jogadores se posicionarão inicialmente no tabuleiro na região representativa do núcleo. Logo no início do jogo os alunos/ moléculas RNAt se dirigirão à região do citoplasma.

3. O professor representa o DNA, e apresenta para os alunos RNAm das duas equipes trincas de

nucleotídeos sucessivamente. Para iniciar o jogo, o professor apresentará a sequência TAC, que simula o início do processo transcricional.

4. O professor não poderá intervir na escolha dos nucleotídeos.

5. Os alunos representantes do RNAm de cada equipe devem jogar o dado, seguir as instruções do mesmo e responder pelo menos três perguntas cada um, selecionadas por eles aleatoriamente. Para cada resposta correta, o jogador irá escolher uma letra que deverá ser correspondente a um dos nucleotídeos da trinca apresentada pelo professor. Caso o aluno não responda corretamente a questão, ele não adquire uma letra/ nucleotídeo, passando a vez do jogo a um membro da outra equipe. Somente após o primeiro aluno RNAm ter acertado as três questões e se posicionado no primeiro quadrado verde da região nuclear é que o segundo aluno RNAm terá o direito de jogar o dado e responder as questões. Tendo respondido corretamente as três questões esse segundo aluno/ molécula se posicionará no segundo quadrado verde da região nuclear e dará as mãos ao primeiro aluno/ molécula. Somente após os três alunos de cada equipe terem respondido corretamente a nove perguntas é que eles podem sair do núcleo, mas de mãos dadas representando a molécula mensageira recém sintetizada e contendo trincas de nucleotídeos.

6. No citoplasma, e de mãos dadas, os alunos RNAm de cada equipe se posicionarão no tabuleiro em regiões específicas dos ribossomos (sítios A, P e E). O primeiro aluno se posicionará no sítio P, o segundo, no A e o terceiro ficará momentaneamente fora do ribossomo. Posteriormente, os jogadores representantes de moléculas RNAt de cada equipe reconhecerão as trincas (códon) presentes no RNAm de sua equipe. Baseado no pareamento códon-anticódon e respeitando-se o quadro do código genético universal, os alunos RNAt levarão para região do ribossomo um aminoácido pertinente. Entretanto, antes de levarem o aminoácido para a região ribossomal, cada um dos alunos RNAt também deverá responder a três questões referentes ao processo da tradução, escolhidas aleatoriamente.

7. A tradução ocorrerá de tal forma que, quando o primeiro RNAt levar seu respectivo aminoácido ao sítio P, o aluno RNAm posicionado nesse sítio se deslocará para o sítio E. Em seguida, o aluno RNAm que se encontrava no sítio A, se deslocará para o sítio P e, o terceiro aluno RNAm, se posicionará fora do ribossomo e poderá então se alocar no sítio A, que se encontra vazio. Dessa maneira, as trincas de nucleotídeos contidas no RNAm poderão ser decodificadas com o auxílio de alunos/moléculas RNAt e, assim, a dinâmica do processo traducional será ilustrada.

8. Ganhará o jogo a equipe que obtiver a sequência correta de três aminoácidos formando um peptídeo ao final do tabuleiro.

DISCUSSÃO

O trabalho aqui proposto foi desenvolvido e aplicado na disciplina de Genética Geral para alunos do curso de Ciências Biológicas - Licenciatura, no Centro Universitário de Belo Horizonte – UNIBH. Após a realização desta atividade lúdica, devido ao seu caráter dinâmico e interativo, os alunos envolvidos relataram como significativa a contribuição da mesma na construção do conhecimento sobre síntese protéica, podendo ser utilizado como uma importante ferramenta didática pelos professores da rede básica da educação.

BIBLIOGRAFIA RECOMENDADAS

ALBERTS, B.; BRAY, D.; JOHNSON, A. Fundamentos da Biologia Celular: uma introdução à Biologia Molecular da Célula. Porto Alegre: Artes Médicas Sul, 1999.

De ROBERTIS, EDUARDO; ROBERTIS JR, EDUARDO. Bases da Biologia Celular e Molecular. Guanabara Koogan – 2º Edição. 1993.

CAMPOS, Luciana Maria Lunardi; BORTOLOTO, T.M; FELÍCIO, A.K.C. A Produção de Jogos Didáticos para o Ensino de Ciências e Biologia: Uma Proposta para Favorecer a Aprendizagem. São Paulo, 2002.

GRIFFITHS, A.J.F.; WESSLER, S.R.; LEWONTIN, R.C., GELBART, W.M.; SUZUKI, D.T. Introdução à Genética. Guanabara Koogan, 8º Edição. 2009.

PCN – Parâmetros Curriculares Nacionais para o Ensino Médio – PCN+, 2000.