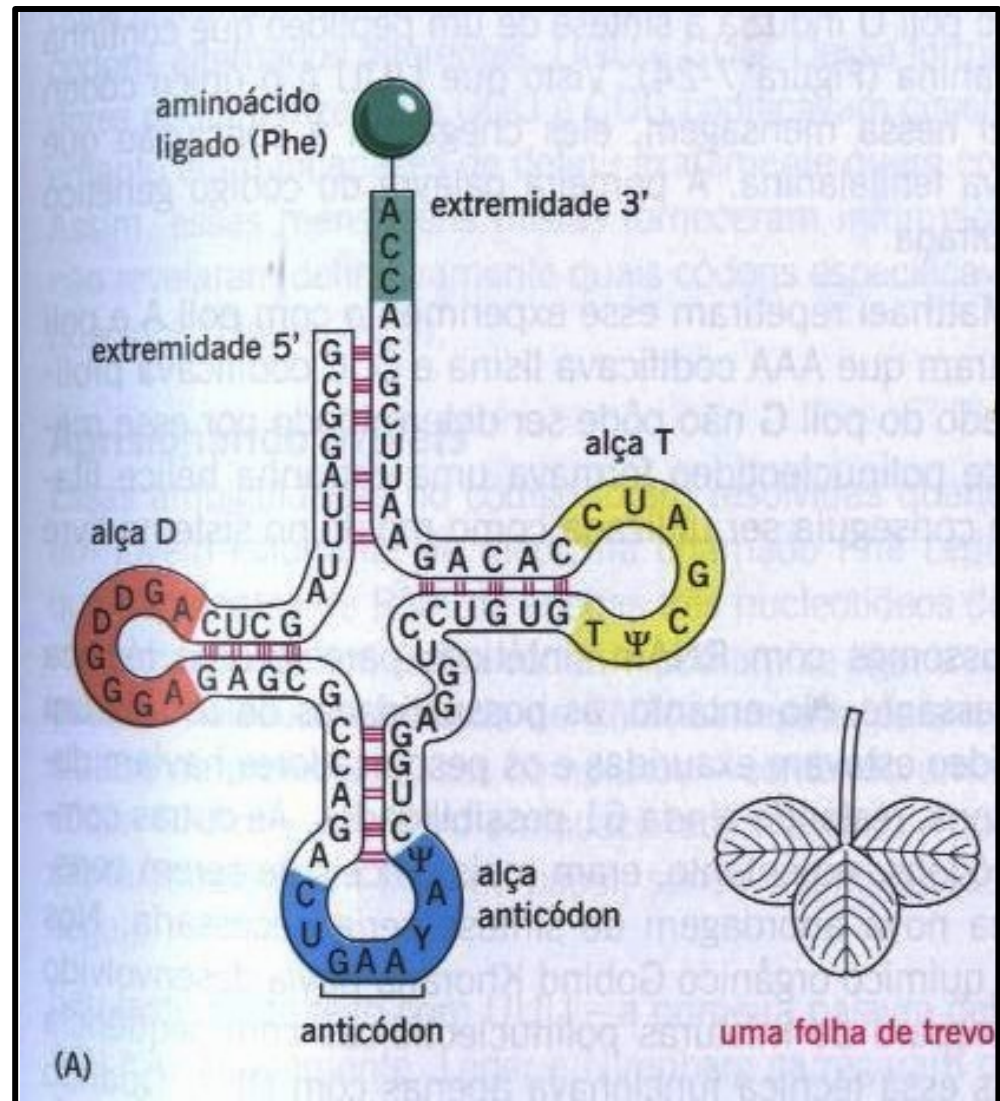


Síntese de proteínas

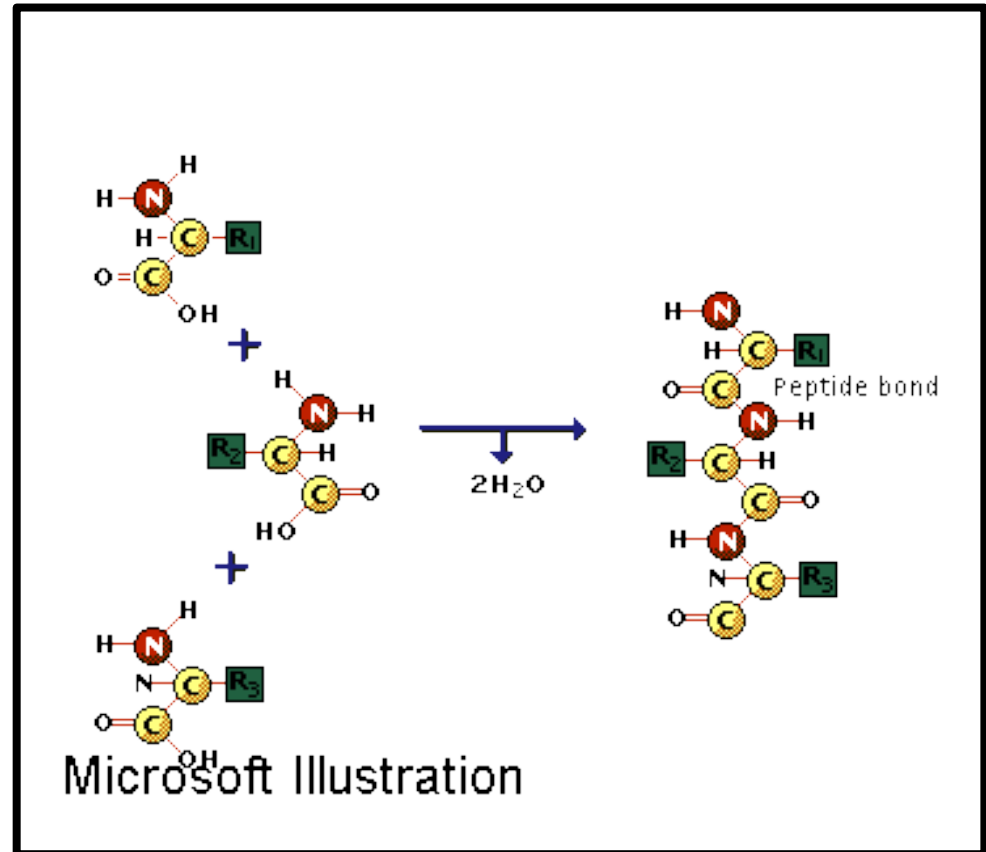
- DNA → RNAm → proteína
- - citoplasma → 20 aa → formar uma pt → RNAt específico → subunidades do ribossomos → precarregada com fatores protéicos auxiliares.
- a síntese protéica começa quando todos estes componentes estiverem juntos no citoplasma para formar um ribossomo funcional.

- **RNA_t**
- muitos possuem um comprimento de 70 a 90 nucleotídeos.
- - **ANTICODON** – é a sequência de nucleotídeos que é complementar ao **CODON** o qual especifica qual o aa será incluído no peptídeo → RNAm.

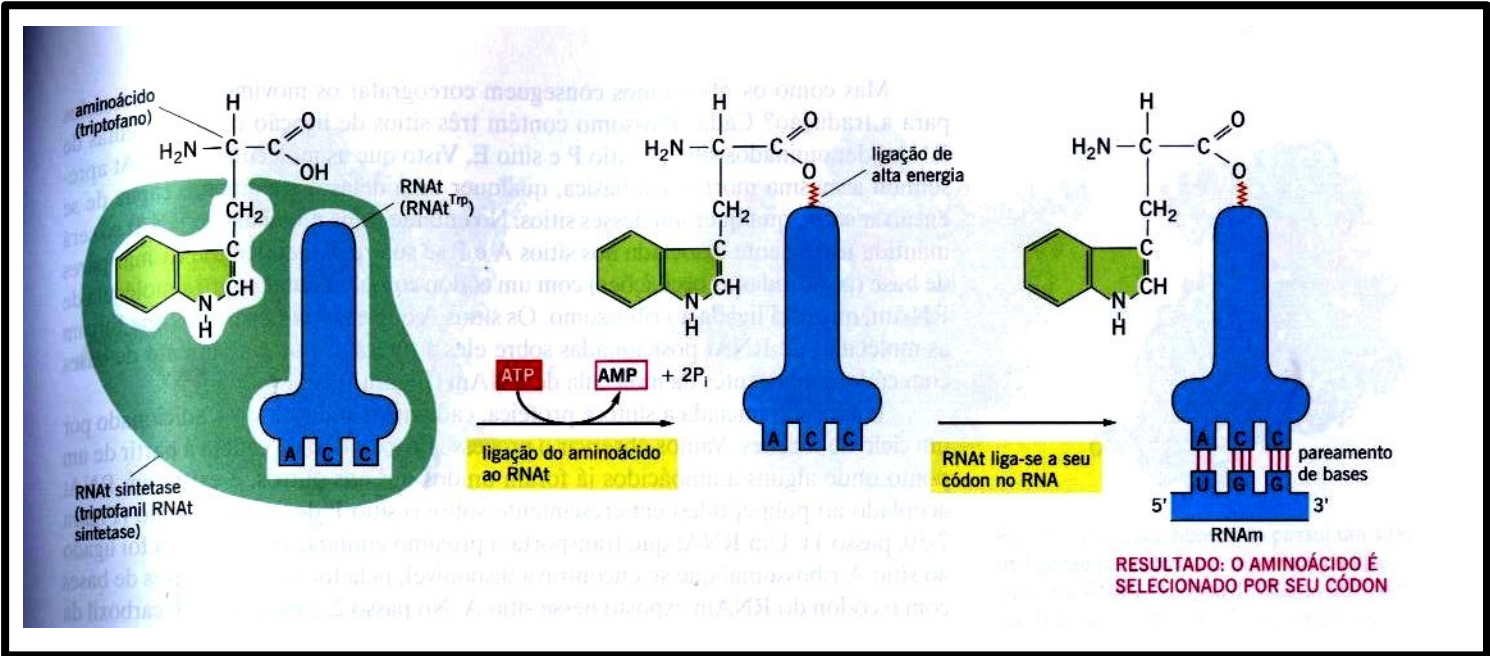
- Trinucleotídeo CCA → braço aceptor → liga-se o aminoácido.
- Braço do anticódon.
- Braço D → diidrouridinas.
- Braço T → trinucleotídeo T ψ C → T (ribotimidina) → ψ pseudouridina.
- Variável → é diferente nos diversos RNAt



- **ligação peptídica** → (**Peptidil transferase**) ligação formada entre o aminoácido na extremidade carboxi terminal da cadeia polipeptídica em crescimento com o grupamento amino do próximo aminoácido que será adicionado



- **Aminoacil-RNAt sintetase** → enzima que cataliza a reação de ligação do aminoácido ao seu respectivo RNAt.
- existe uma enzima diferente para cada aminoácido (20 aa ao todo).



- **O código genético é degenerado**
- no decorrer da síntese protéica a translocação do maquinário se move na direção 5' → 3' ao longo do RNAm e a sequência do RNAm é lida a cada 3 nucleotídeos (**codon**).
- uma vez que o RNA é construído a partir de 4 tipos de nucleotídeos, aí são 64 possíveis sequências composta de 3 nucleotídeos (4x4x4).
- **stop codons** → codons que indicam fim da síntese da cadeia polipeptídica
- **metionina** e o **triptofano** possuem apenas 1 codon, e eles são os mais abundantes aminoácidos encontrados nas proteínas.

O código genético é degenerado

GCA	AGA						GGA			UUA					AGC					
GCC	AGG						GGC			UUG					AGU					
GCG	CGA						GGG		AUA	CUA				CCA	UCA	ACA		GUA		
GCU	CGC						GGU	CAC	AUC	CUC	AAA		UUC	CCC	UCC	ACC		GUC		
	CGG	GAC	AAC	UGC	GAA	CAA		CAU	AUU	CUG	AAG	AUG	UUU	CCG	UCG	ACG	UGG	UAC	UAA	
	CGU	GAU	AAU	UGU	GAG	CAG				CUU				CCU	UCU	ACU	UAU	GUU	UGA	
Ala	Arg	Asp	Asn	Cys	Glu	Gln	Gly	His	Ile	Leu	Lys	Met	Phe	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val	parada
A	R	D	N	C	E	Q	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V	

- os movimentos e eventos precisos da síntese protéica são catalisados pelos ribossomos.
- à subunidade menor se liga o RNAm e RNAt, enquanto que a subunidade maior catalisa a formação da ligação peptídica.

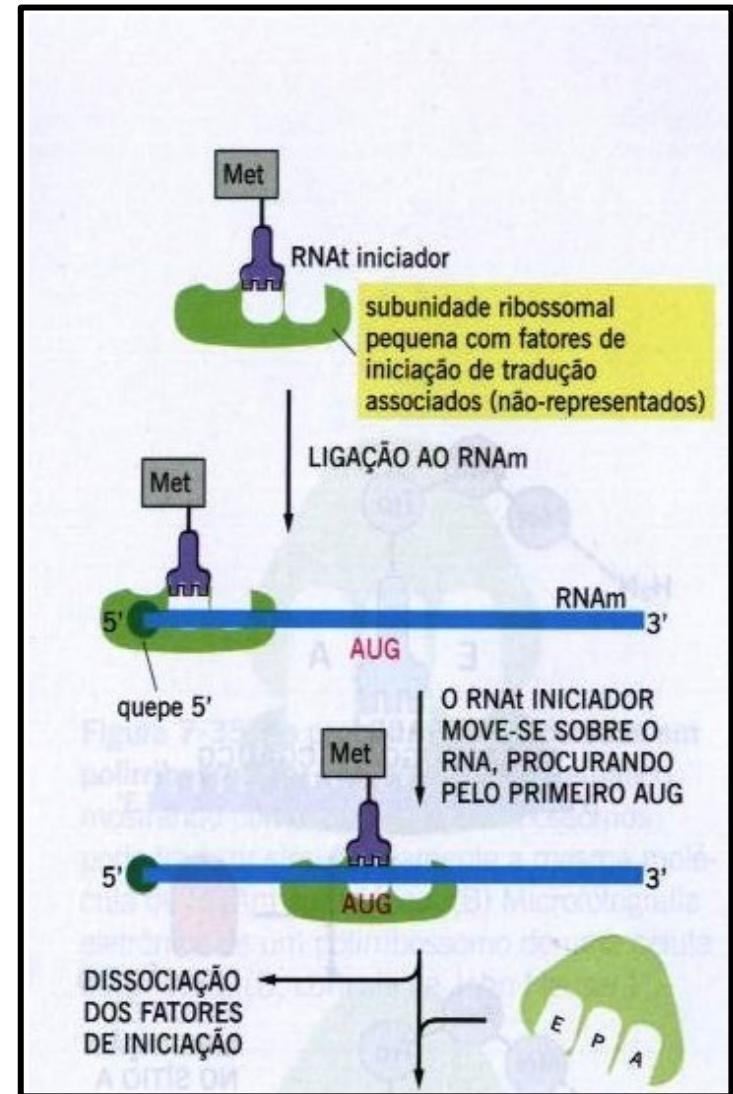
- um ribossomo contém 3 sítios de ligação para as moléculas de RNA:
 - 1 para o RNAm e 2 para o RNAt.
 - 1 dos sítios é chamado de sítio de ligação do **peptidil-RNAt** ou **sítio P**, mantém a molécula de RNAt a qual está ligada a extremidade em crescimento da cadeia polipeptídica.
 - outro sítio chamado de **aminoacil-RNAt** ou **sítio A**, segura a entrada da molécula de RNAt carregada com um aa.

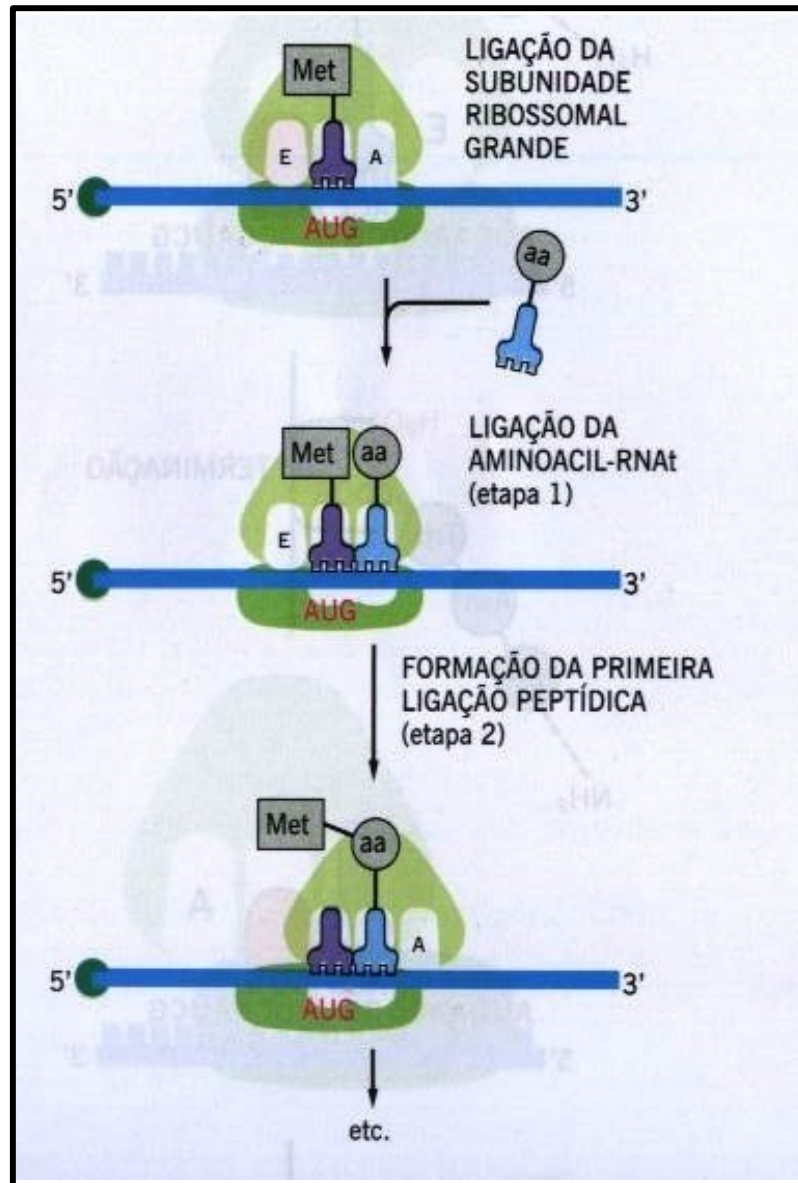
- **Iniciação** da síntese protéica, o complexo aminoacil RNAt mais subunidade menor são levadas a se ligarem em um ponto exato da molécula de RNAm onde a cadeia polipeptídica deve ser começada.

Fatores de iniciação (IFS) são compostos por várias cadeias polipeptídicas.

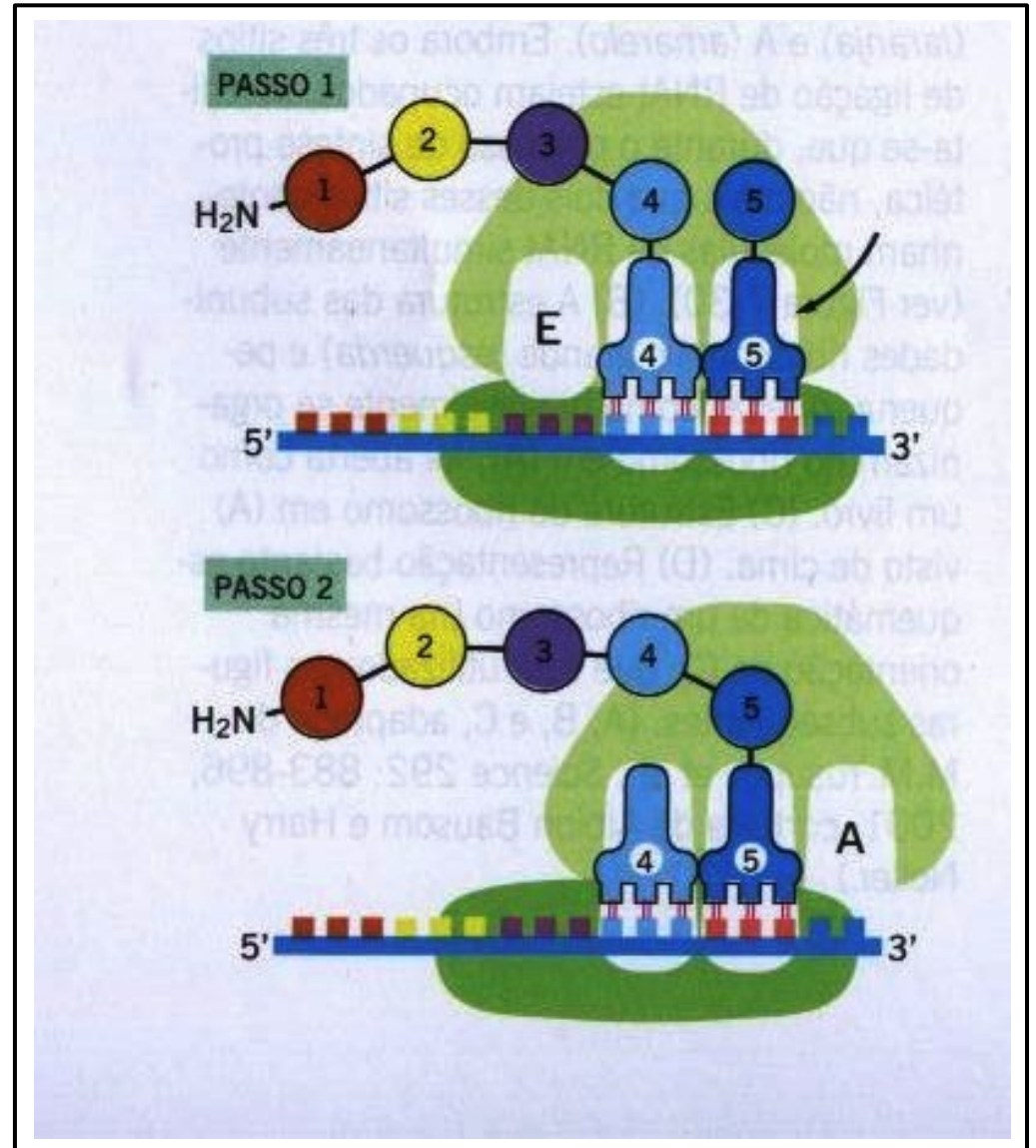
-somente após a subunidade menor estar ligada com os fatores de iniciação e encontrarem o codon de iniciação (AUG) é que a subunidade maior se liga.

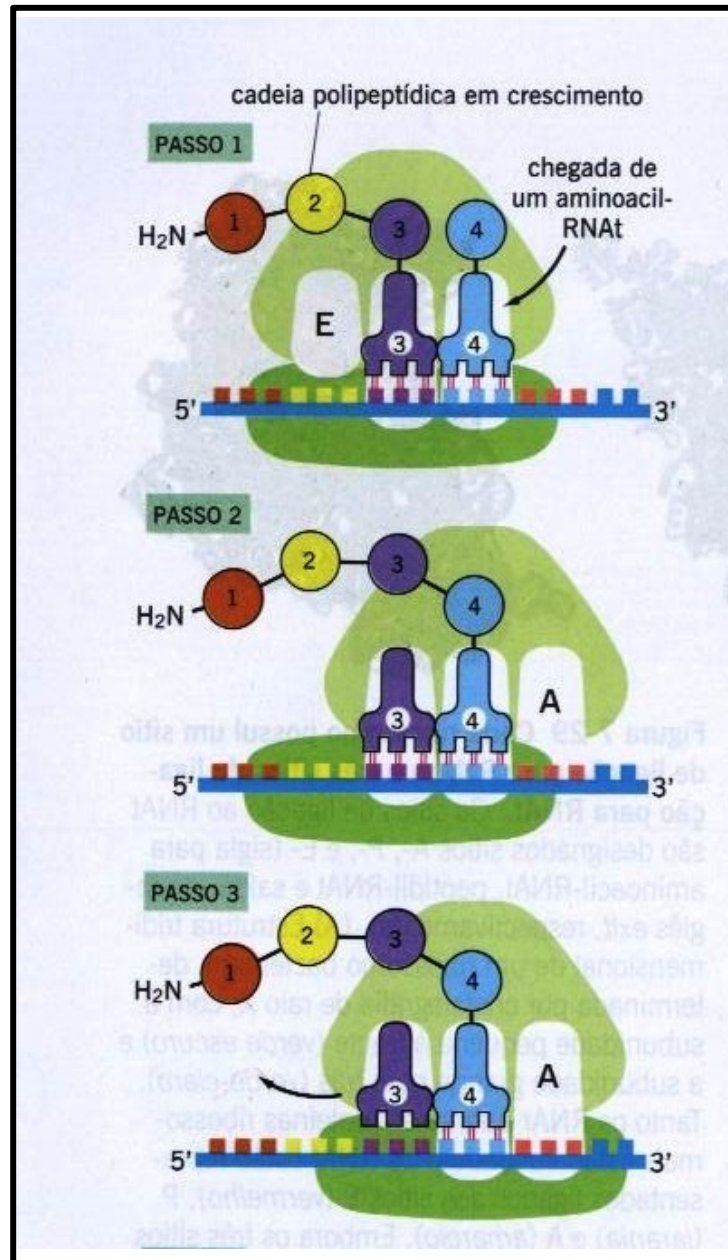
a subunidade menor percorre o RNAm, estando ligado a ele o RNAt-iniciador até encontrar o códon AUG.



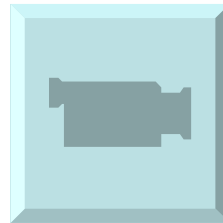


Alongamento da cadeia polipeptídica

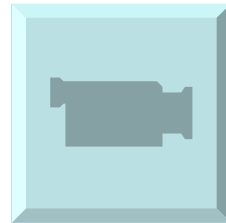




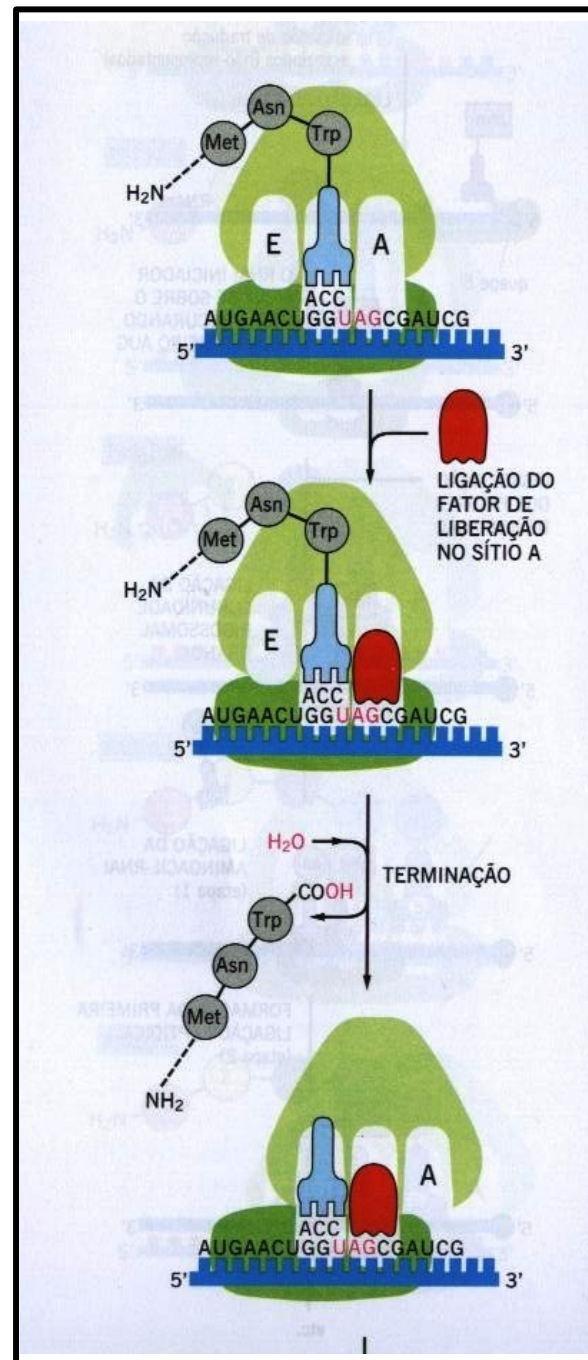
Alongamento da cadeia polipeptídica

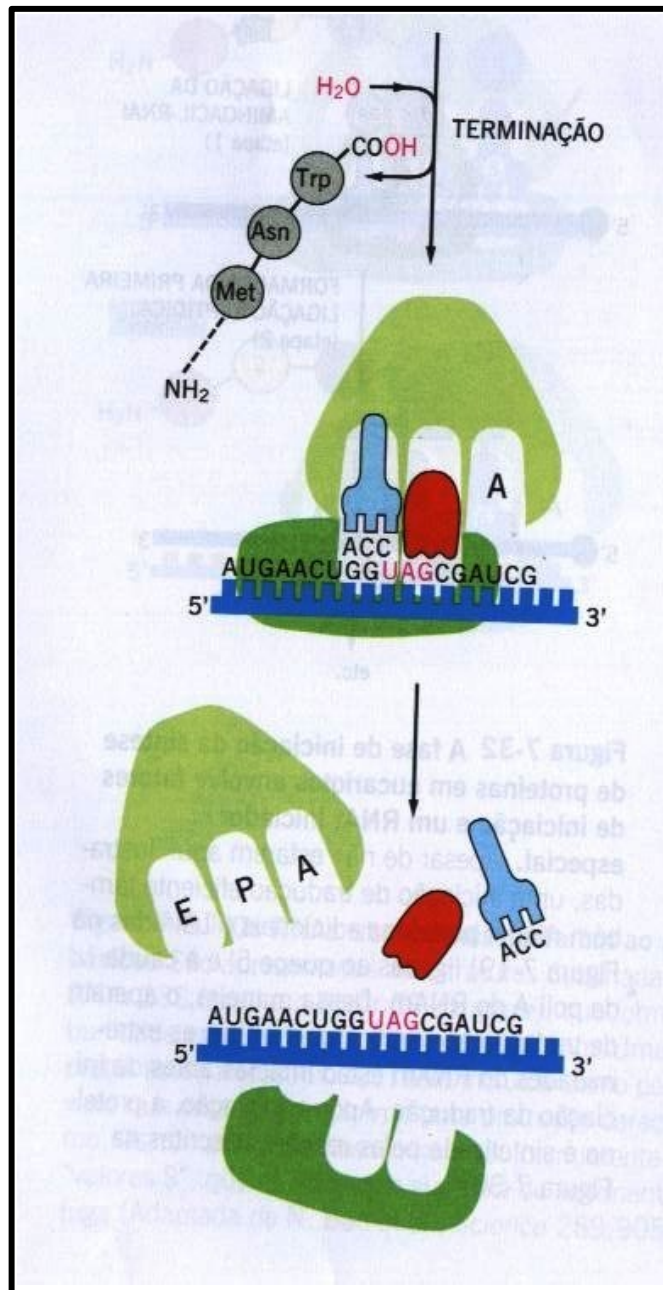


Alongamento da cadeia polipeptídica



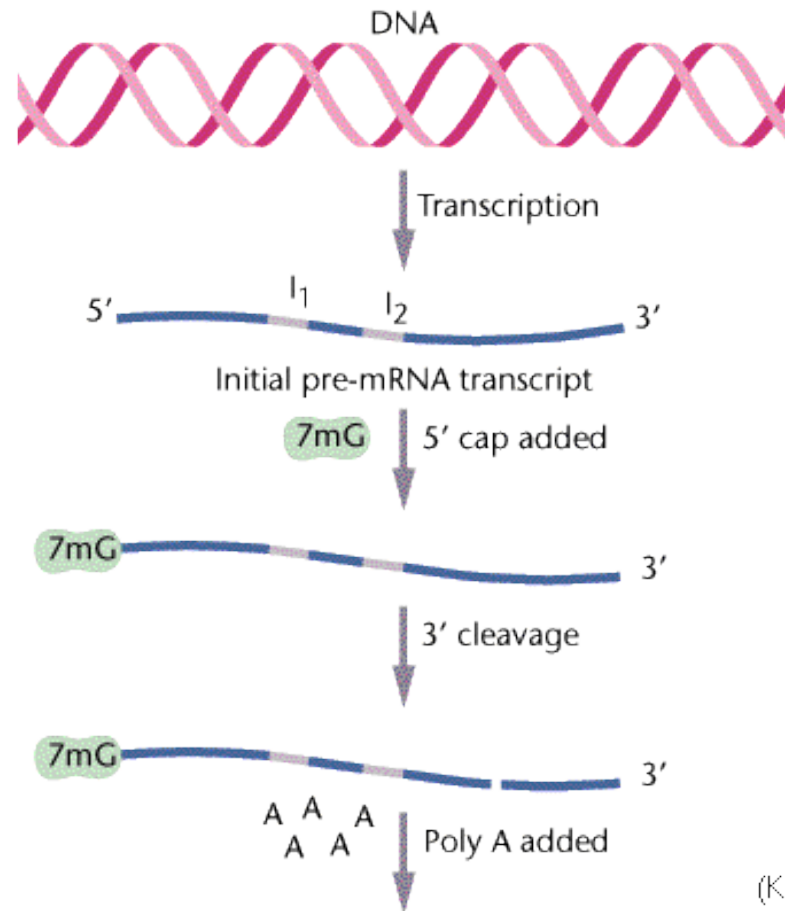
Término da síntese de proteína





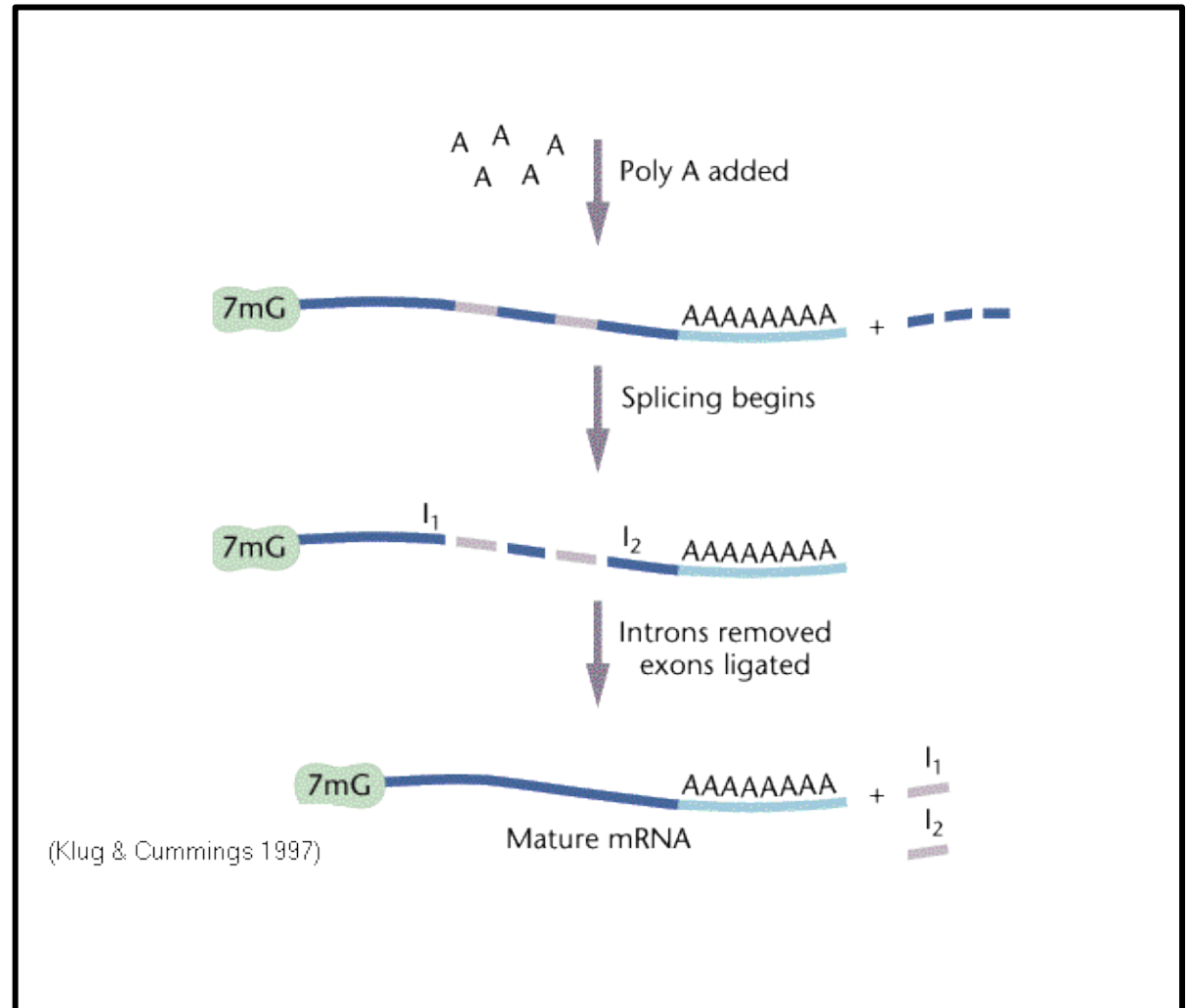
estrutura “CAP”

→ composta de um resíduo de 7-metil-guanosine ligado ao trifosfato da extremidade 5’.



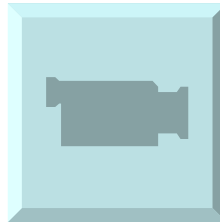
(Klug & Cummings 1997)

poly A → na
extremidade 3'
segmento de
cerca de 200
resíduos
adenílicos.



Polirribossomos

- a síntese completa de uma proteína leva em média de 20 a 60 segundos.



• Síntese protéica em procariotos

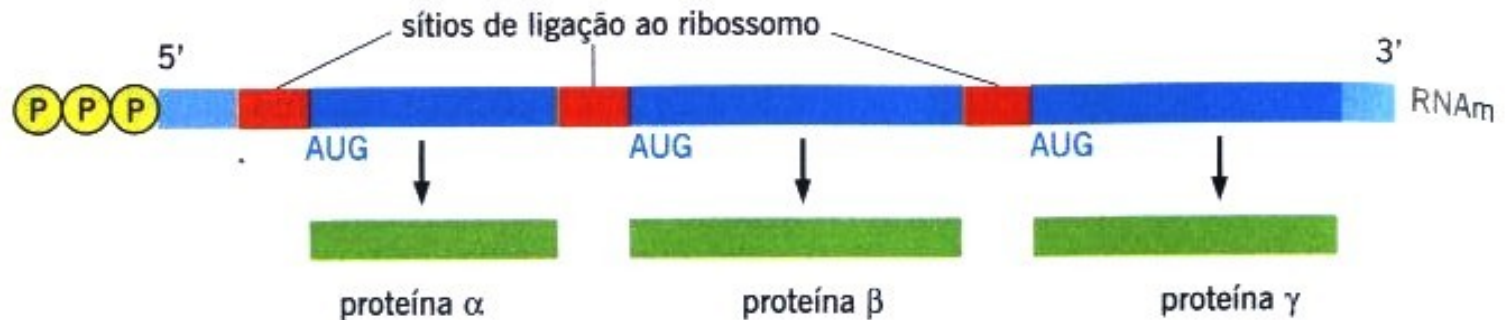
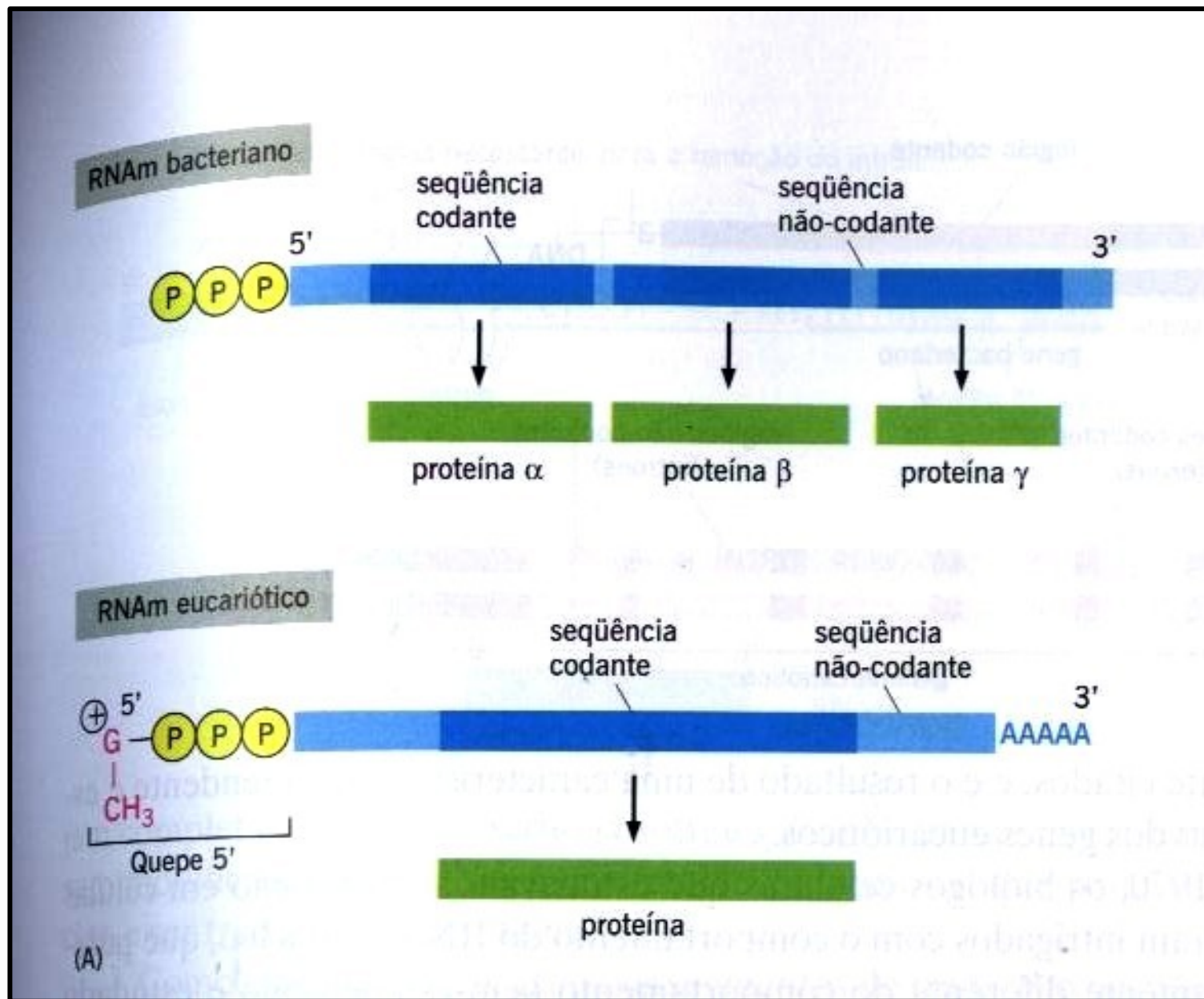
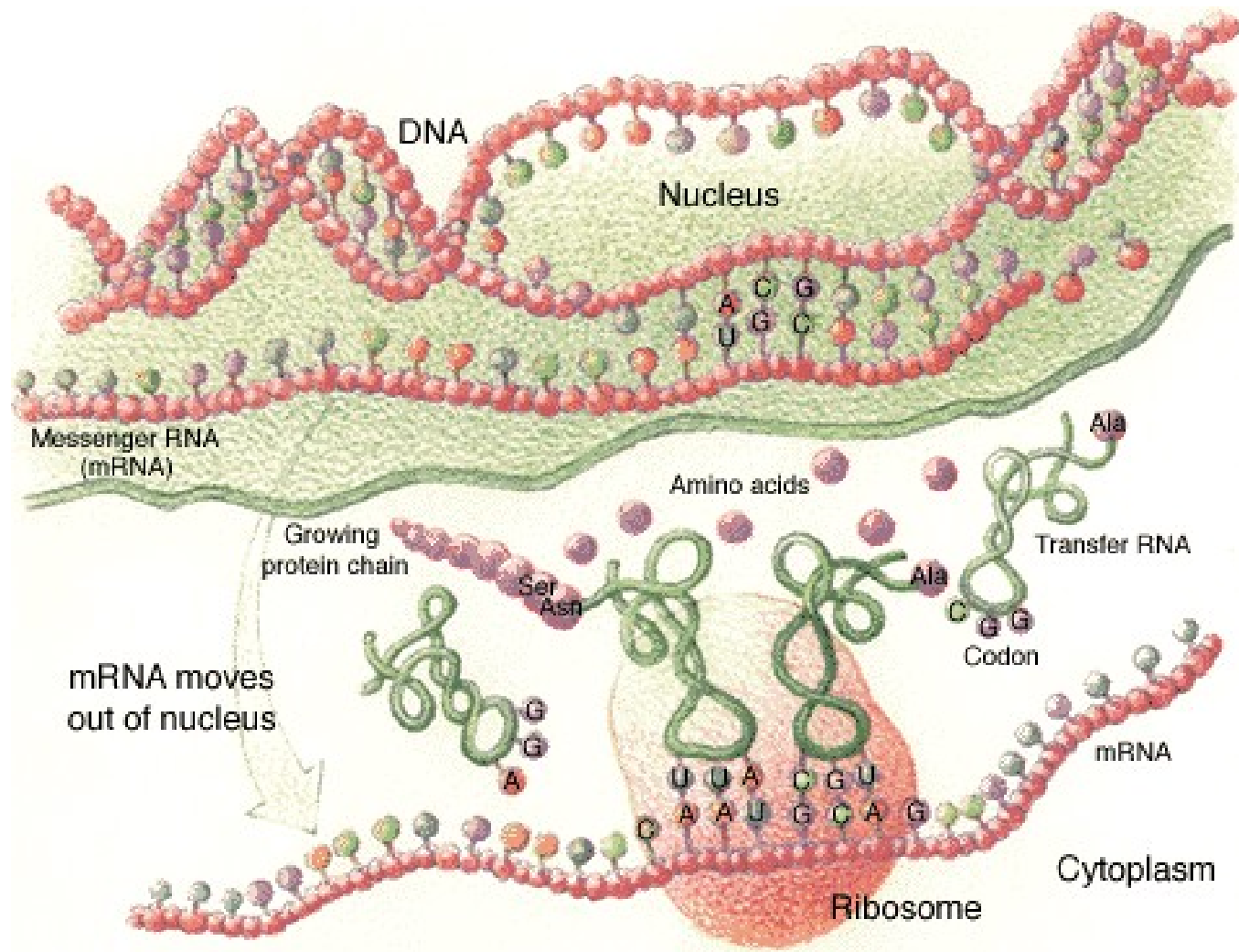


Figura 7-33 Uma única molécula de RNAm procariótico pode codificar várias proteínas diferentes. Diferentemente dos ribossomos eucarióticos, os quais reconhecem um quepe 5', os ribossomos procarióticos iniciam a transcrição em sítios de ligação ao ribossomo, os quais podem estar localizados no interior de uma molécula de RNAm. Essa característica permite que procariotos sintetizem mais de um tipo de proteína a partir de uma única molécula de RNAm.



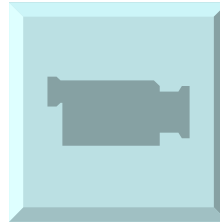


Inibidores da Síntese de proteínas

TABELA 7-2 Antibióticos que Inibem a Síntese Protéica ou de RNA

ANTIBIÓTICO	EFEITO ESPECÍFICO
Tetraciclina	bloqueia a ligação da aminoacil-RNA ^t ao sítio A do ribossomo (etapa 1 na Figura 7-30)
Estreptomicina	evita a transição do complexo de iniciação para um ribossomo capaz de extensão de cadeia, podendo também causar erros de decodificação
Cloranfenicol	bloqueia a reação de peptidil transferase nos ribossomos (etapa 2 na Figura 7-30)
Eritromicina	bloqueia a reação de translocação nos ribossomos (etapa 3 na Figura 7-30)
Rifamicina	bloqueia a iniciação das cadeias de RNA pela ligação à RNA polimerase

- Transcrição



- Tradução

