

Genética e Biologia Molecular

6 Código genético: informação flui do DNA para a proteína



Roteiro da semana

- O código genético
- Controle da expressão gênica
- O Dogma central
- DNA / cromossomo / gene / genoma / herança

Início de conversa

A informação flui do DNA para a proteína

Após a descoberta da dupla hélice, verificou-se que a informação genética estava contida na sequência linear das quatro bases A, G, T e C ao longo da molécula do DNA e que, de alguma forma, codificava os 20 diferentes aminoácidos levando à formação de uma determinada proteína.

A questão básica era: como a linguagem linear das quatro letras do DNA era traduzida na linguagem linear das 20 letras das cadeias polipeptídicas?

Em 1966, essa questão foi respondida com a elucidação do código genético.

O processo de expressão gênica se inicia no núcleo, com a **transcrição**, na qual a sequência de desoxirribonucleotídeos em apenas uma fita de DNA é usada para construir uma sequência de ribonucleotídeos no RNA complementar. Todo gene tem um início, que corresponde à **região promotora** (na qual a polimerase do RNA se encaixa), e um fim, que corresponde à **sequência de término de transcrição**. O produto da transcrição pode ser: RNA mensageiro (RNAm), RNA ribossômico (RNAr) e RNA transportador (RNAt). O RNA mensageiro (RNAm), após um processamento, se move para o citoplasma e é ele que determina a proteína a ser produzida. O RNAm contém a informação codificada, que consiste em séries lineares de trincas de nucleotídeos. Cada trinca, chamada

códon, é complementar à informação armazenada no DNA e determina a inserção de um aminoácido específico em uma proteína.

As proteínas, produto final de muitos genes, são polímeros compostos de monômeros de aminoácidos. Existem 20 aminoácidos diferentes compondo comumente as proteínas que estão listadas na tabela a seguir (**Tabela 1**).

Nome	Símbolo
Glicina ou Glicocola	Gly, Gli
Alanina	Ala
Leucina	Leu
Valina	Val
Isoleucina	Ile
Prolina	Pro
Fenilalanina	Phe ou Fen
Serina	Ser
Treonina	Thr, The
Cisteína	Cys, Cis
Tirosina	Tyr, Tir
Asparagina	Asn
Glutamina	Gln
Aspartato ou Ácido aspártico	Asp
Glutamato ou Ácido glutâmico	Glu
Arginina	Arg
Lisina	Lys, Lis
Histidina	His
Triptofano	Trp, Tri
Metionina	Met

Tabela 1

O código genético

O código usado pela célula para traduzir a linguagem em código contida no DNA é denominado **código genético**. Ele é válido para as regiões do genoma que contêm genes ou “receitas” para a síntese de proteínas.

No código genético, cada trinca de nucleotídeos do DNA corresponde a um aminoácido na proteína. As quatro letras do DNA (A, T, C e G), quando combinadas de três em três, formam 64 trincas diferentes. Mas, dessas 64 trincas possíveis, apenas 61 correspondem a aminoácidos na proteína; as demais são usadas na pontuação do código, isto é, são sinais de início e de parada da síntese de proteínas. Como existem apenas 20 tipos diferentes de aminoácidos nas proteínas dos seres vivos, alguns aminoácidos são codificados por mais de uma trinca. Isso significa que o código é degenerado.

A expectativa inicial de que o código genético para o DNA cromossômico tivesse caráter universal foi rigorosamente confirmada em uma grande variedade de organismos, desde procarionotos mais simples até eucariotos mais complexos. Isto pode ser demonstrado mais claramente quando proteínas humanas são sintetizadas por tradução bacteriana de genes humanos.

As exceções são encontradas, principalmente, na comparação do DNA nuclear com o DNA da mitocôndria. Como exemplo, o código de parada UGA do DNA nuclear é lido como triptofano na sequência de DNA da mitocôndria, enquanto o códon AGA, que codifica arginina no DNA nuclear, é um códon de parada na mitocôndria.

! Atenção: código genético NÃO é sinônimo de genoma

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

Tabela 2 Código genético

Tradução gênica

A síntese de proteína significa, na verdade, “o que estava informado no gene”, ou seja, é a tradução gênica. Desse processo, participam entre outros um ribossomo, um RNAm, vários RNAt, vários aminoácidos e diferentes enzimas.

Um ribossomo se encaixa em uma extremidade da molécula de RNAm e “caminha” até a outra extremidade. A cada etapa desse caminhar, diferentes moléculas de RNAt vão alinhando os aminoácidos segundo a sequência de códons do RNAm. Cada molécula de RNAt, em uma de suas extremidades, possui uma trinca de bases nitrogenadas, denominada anticódon, a qual é complementar a um determinado códon presente na molécula de RNAm; na outra extremidade, cada RNAt se liga a um aminoácido que será transportado até os ribossomos.

A informação contida na sequência de nitrogenadas do RNAm vai sendo traduzida em uma sequência de aminoácidos na proteína recém-sintetizada. Um segundo ribossomo pode se encaixar no mesmo RNAm, à medida que o primeiro ribossomo “caminha”. Em seguida, um terceiro, um quarto e assim por diante se encaixam, formando um conjunto de ribossomos que traduzem um mesmo RNAm, o qual é denominado polirribossomo.

Ao final do processo, várias cadeias polipeptídicas do mesmo tipo podem ser formadas a partir de uma mesma molécula de RNAm. A tradução gênica se inicia com um RNAt específico, cujo anticódon é UAC, que reconhece o primeiro códon AUG do RNAm denominado códon de início de tradução. A síntese de uma cadeia polipeptídica termina quando o ribossomo chega a um dos três códons “pare”, que não codificam aminoácidos e são denominados códons de parada.

Controle da expressão gênica

A regulação gênica evita que o genoma inteiro de um organismo seja continuamente transcrito em cada célula em todas as condições. Os mecanismos de controle foram refinados ao longo da evolução, otimizando a eficiência genética.

Os organismos procariotos regulam a expressão gênica em resposta às condições ambientais. Em bactérias, a regulação da expressão gênica está frequentemente vinculada às necessidades metabólicas das células. Um intrincado mecanismo de regulação exerce o controle sobre a transcrição, assegurando a eficiência da expressão da informação genética. Geralmente, um conjunto de genes que codificam proteínas com funções relacionadas tende a se organizar em agrupamentos sob um controle coordenado comum, chamados operon. Os operons incluem as sequências regulatórias que estão adjacentes, e a transcrição dos genes pode ser induzida ou reprimida.



Assista ao [vídeo](#) sobre **tradução gênica**.

A descoberta e estudo do operon lac em *Escherichia coli* (*E. coli*) foi pioneiro na pesquisa da regulação gênica em bactérias. Os genes envolvidos no metabolismo da lactose são regulados, de modo coordenado, por meio de um sistema de controle negativo, que responde à presença ou ausência da lactose (sugestão: explicar mais detalhadamente o sistema de operon-lac) (Figura 6.1).

Conceitos de genética

Nos organismos eucariontes, a regulação da expressão gênica é muito mais complexa e envolve mecanismos que exercem controle sobre a transcrição, a estabilidade do RNAm, a tradução e as modificações pós-traducionais.

Além disso, a organização da cromatina no núcleo desempenha um papel importante na regulação da expressão gênica, sofrendo remodelação que permite ou não o acesso às sequências de DNA reguladoras que ela contém. A iniciação da transcrição exige a reunião de complexos básicos de transcrição em sítios promotores. Remodelamento gene - específico da cromatina, modificações nas histonas ou modificações no DNA podem permitir ou impedir o acesso de fatores de transcrição e da RNA polimerase aos promotores e reforçadores, resultando em níveis aumentados ou diminuídos de iniciação de transcrição.

A expressão dos genes eucarióticos também é regulada através de várias etapas pós-transcricionais, como o encadeamento alternativo do pré-RNAm, o controle da estabilidade do RNAm e o silenciamento do RNAm.

O encadeamento alternativo aumenta o número de produtos gênicos codificados por um mesmo gene, enquanto as mudanças na estabilidade do RNAm regulam a quantidade de RNAm disponível para a tradução.

O silenciamento gênico induzido por RNA é um mecanismo pós-transcricional de regulação gênica, que afeta a tradução ou a estabilidade do RNAm. Ele atua através da hibridação de pequenos RNAs antissenso com regiões específicas do RNAm e também pode reprimir a transcrição através da alteração da cromatina. Esse RNA regulador é denominado RNAi, ou RNA de interferência, cujo mecanismo de funcionamento constitui um instrumento poderoso e promissor para a pesquisa em tratamento de doenças.

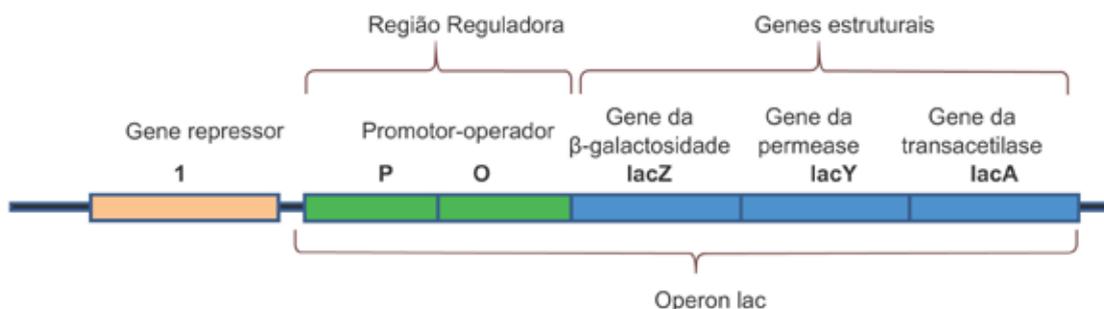


Fig. 6.1 Controle da expressão gênica: representação simplificada dos genes e das unidades reguladoras envolvidas no controle do metabolismo da lactose. / Fonte: CEPA,

A expressão gênica também é regulada em nível proteico, por meio da modulação da tradução do RNAm e por meio da modificação da estrutura e da estabilidade das proteínas (Figura 6.2).

O Dogma central continua?

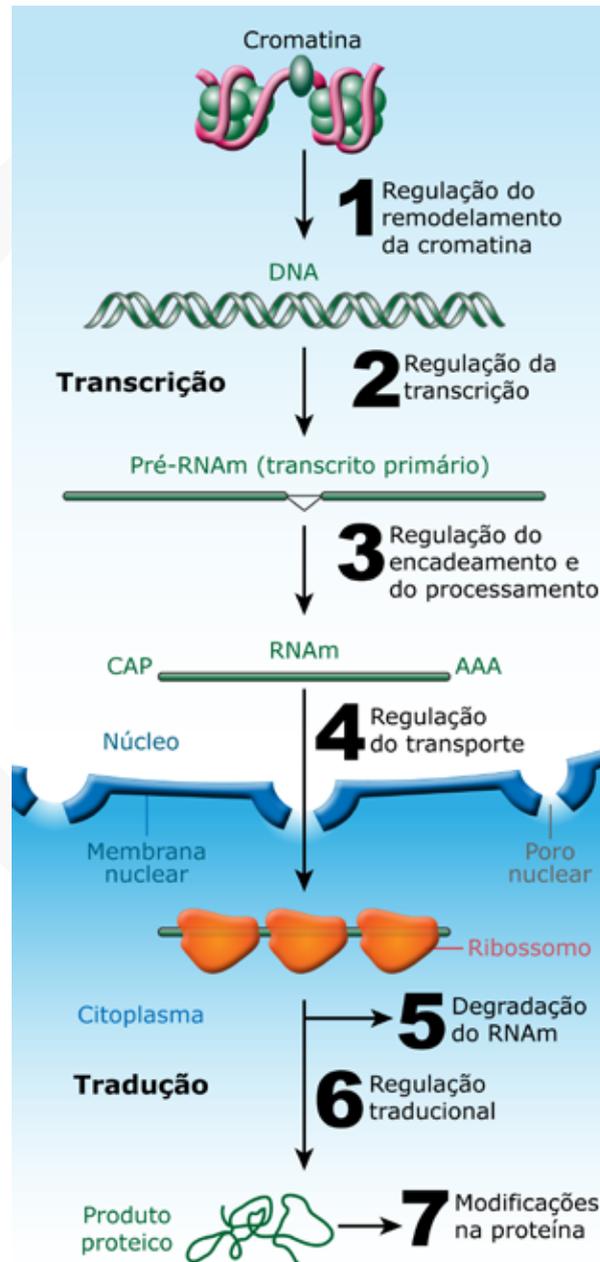


Fig. 6.2 Controle da expressão gênica: em eucariontes, a regulação pode ocorrer em qualquer etapa da expressão do material genético. Todas estas formas de regulação afetam o grau de expressão do gene / Fonte: CEPA

O Dogma Central: o DNA produz um RNA e este produz Proteína.

Considerando-se que quase todo o DNA está localizado nos cromossomos, no núcleo, enquanto grande parte das proteínas são sintetizadas no citoplasma, o RNA foi identificado como a molécula intermediária, que transferiria a informação do DNA do núcleo para o citoplasma.

A relação entre DNA, RNA e proteínas, como concebida em 1953, foi a seguinte:



Dessa forma, o DNA faz o RNA que, na maior parte das vezes, faz uma só proteína. Essa relação foi chamada **o dogma central da genética**. Para cada gene, acreditava-se também que haveria uma proteína correspondente, ou seja: um gene -> uma proteína. A genômica revelou que, frequentemente, a conexão entre o gene e o produto proteico é muito mais complexa. Os genes podem ter diversos sítios de iniciação de transcrição, que produzem vários tipos diferentes de transcritos. O encadeamento alternativo e a edição das moléculas de pré-RNA podem gerar dezenas de proteínas alternativas a partir de um único gene. Por este mecanismo, mais de 50% dos genes humanos produzem mais de uma proteína. Dessa forma, os proteomas são significativamente maiores que os genomas. Os cerca de 25.000 genes do genoma humano codificam mais de 100.000 proteínas diferentes, e este número ainda pode ser maior.

projeto Genoma Humano

Após a publicação da sequência do genoma humano em revista especializada, estimou-se o número de genes em

~25.000, **menos genes do que o esperado!**

Poucas proteínas?

Já foram identificadas mais de 100.000 sequências proteicas

projeto Genoma

Análise do cromossomo 13

60% dos genes codificam mais de uma proteína

Média de isoformas = **3**

projeto Proteoma

Uma proteína

Histona H4 codificada por mais de 14 genes

DNA/cromossomo/gene/genoma/herança

Slides confeccionados pela autora: Mariz Vainzof.

As fotos e os painéis a seguir foram retirados da apostila *A USP vai à sua Escola – parte 2* (disponível no site do IB-USP, Projeto Genoma Humano. Você pode acessar o pdf pelo link no ambiente virtual). Todos os painéis e figuras foram autorizados pela Prof^a Eliana Dessen.

Do Organismo ao Genoma (Prof^a Eliana Dessen)

A série de 5 painéis “do organismo ao genoma” tem por objetivo mostrar que os organismos vivos são formados por células que funcionam de acordo com instruções contidas no DNA, o material genético. Identificar os agentes envolvidos no fluxo de informação que ocorre na célula e entender a relação entre eles é um primeiro passo para a compreensão dos fenômenos daí decorrentes. Outro importante aspecto dessa série de painéis é explicitar a estreita relação que existe entre os atores apresentados (moléculas, organelas, códigos etc.) com as funções por eles desempenhadas.

PAINEL 1

Todo ser vivo é formado por uma ou mais células. O corpo humano, por exemplo, é composto por trilhões delas. As células são tão pequenas que é preciso um microscópio para visualizá-las.

Sugestões de temas para correlações:

- introduzir ou reforçar o conceito de que todos os seres vivos, a espécie humana entre eles, são formados por células
- são necessários equipamentos ópticos para visualizar as células e estudá-las. Como funcionam esses instrumentos?
- combinar o conteúdo com uma aula prática, que possibilite a elaboração de preparações citológicas simples e a observação de células pelos próprios alunos.
- enfatizar que os vegetais também são formados por células.

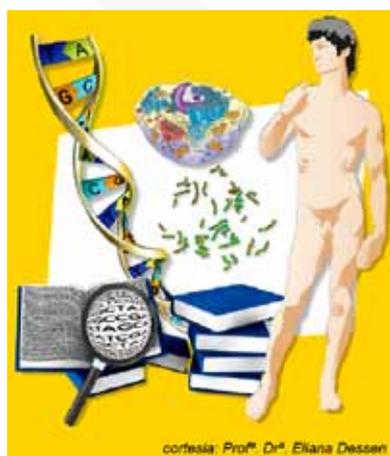


Fig. 6.3 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen



Fig. 6.4 Painel 1 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen

PAINEL 2

O nosso corpo é constituído de trilhões de células, organizadas em diversos tipos de tecidos. Todas essas células se originam de uma única célula, denominada zigoto que, por sua vez, é o resultado da união de duas outras: o espermatozóide e o óvulo. À medida que o embrião cresce, grupos de células vão se tornando diferentes em estrutura e função, em decorrência de um processo chamado **diferenciação celular**.

Sugestões de temas para correlações e atividades em sala de aula:

- Introduzir ou reforçar o conceito de célula como unidade fundamental de todos os seres vivos, inclusive da espécie humana.
- motivar os alunos para a necessidade de conhecer o funcionamento de instrumentos como os microscópios, fundamentais para a visualização e estudo das células.
- relacionar a forma e o tamanho dos diferentes tipos de células com as funções que elas desempenham. Para tornar esta discussão mais lúdica, conferir o jogo “Baralho Celular” (acesse o link pelo ambiente virtual).
- construir, com os alunos, um protocolo de aula prática capaz de levar à visualização de diferentes preparações citológicas. Se possível, montar a aula para que os alunos possam visualizar diferentes tipos de células, como células da epiderme de vegetais (cebola, tomate) ou da mucosa bucal. (kits para aulas práticas estão disponíveis para empréstimo na Diretoria de Ensino Norte 2).
- colocar para discussão a pergunta: Por que os organismos pluricelulares necessitam de tecidos formados por diferentes tipos de células se existem organismos como as bactérias e protozoários formados por uma única célula?
- introduzir o conceito de diferenciação celular.



Fig. 6.5 Painel 2 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen

PAINEL 3

No núcleo das células eucarióticas estão os cromossomos

Cromossomo é cada um dos filamentos observáveis no núcleo da célula eucariótica, formados por DNA e proteínas. Durante a interfase, os cromossomos são visualizados com um emaranhado de fios. Por essa razão, é impossível observá-los como unidades individualizadas e o conjunto deles é denominado cromatina. Na divisão celular, os filamentos tornam-se altamente compactados e visíveis em microscopia óptica como unidades com tamanhos e formas diversas. O número e o tamanho dos cromossomos são os mesmos em todas as células somáticas de um mesmo organismo, mas variam em organismos diferentes. Nas células somáticas humanas, o DNA está distribuído por 23 pares de cromossomos.

Todo o DNA contido em um gameta (n) corresponde ao seu genoma. Assim sendo, as células somáticas, originadas da união dos gametas materno e paterno, possuem dois genomas.

O professor pode aproveitar esta oportunidade para:

- enfatizar a organização básica que todas as células animais possuem,
- localizar o material genético no interior das células eucarióticas,
- referir-se às diferentes formas e tamanhos que os cromossomos apresentam,
- comparar a organização básica das células animais com a das vegetais,
- comparar a organização básica das células eucarióticas com a das procarióticas,
- contrastar a organização da célula com a dos vírus,
- comentar as diferentes organizações que o material genético apresenta na interfase e durante a divisão celular,
- apresentar os cromossomos como portadores da informação genética,
- apresentar cariótipos de espécies diversas,
- comentar que a análise do cariótipo permite a identificação de portadores de doenças causadas por alterações na forma ou no número dos cromossomos, e
- definir genoma.

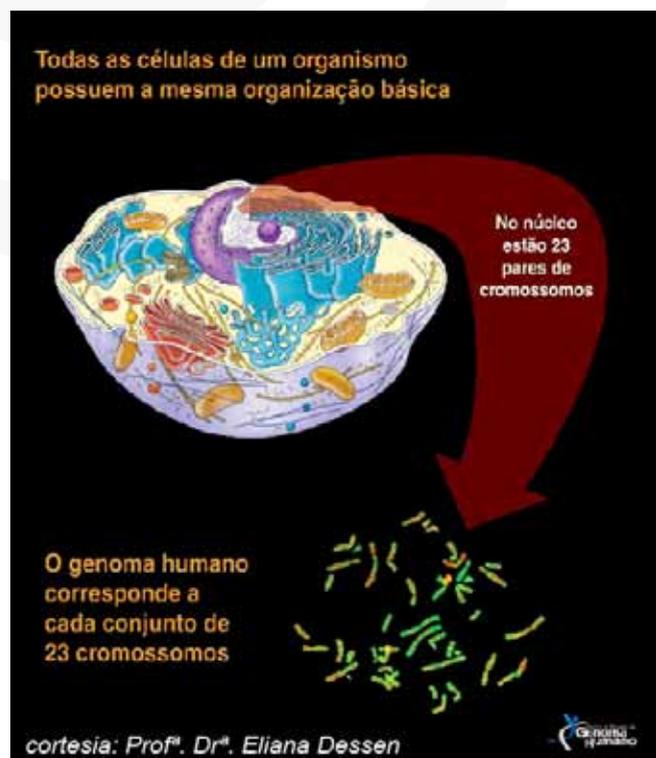


Fig. 6.6 Painel 3 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen

PAINEL 4

Cada cromossomo é formado por uma única e longa molécula de DNA associada a proteínas. Como mencionado anteriormente, durante a divisão celular, o grau de empacotamento do DNA nos cromossomos atinge seu grau máximo (metáfase), possibilitando que eles sejam observados como unidades individualizadas.

O DNA (ácido **desoxirribonucléico**) é uma molécula em forma de dupla fita com arranjo helicoidal. Cada uma das fitas é formada por uma série de nucleotídeos ligados entre si. Cada nucleotídeo é composto por uma molécula de açúcar (a desoxirribose), um fosfato e uma base nitrogenada. Existem quatro tipos possíveis de bases nitrogenadas no DNA, adenina (A), timina (T), citosina (C) e guanina (G). As duas fitas da molécula de DNA são mantidas unidas pelo emparelhamento dessas bases: A sempre emparelha com T e C, com G. A sequência de bases nitrogenadas na molécula é muito importante, pois determina as instruções contidas no DNA. Cada molécula de DNA possui uma longa lista de instruções ou receitas, que, quando executadas, dão às células formas e funções características. Cada instrução pode ser comparada a uma receita para a realização de uma determinada função dentro da célula. A maioria das funções na célula é desempenhada por proteínas, moléculas orgânicas que são sintetizadas no citoplasma segundo instruções ou receitas, contidas no DNA. Cada receita corresponde a um gene. Do ponto de vista molecular, o gene é um segmento de DNA, cuja sequência de nucleotídeos especifica a sequência de aminoácidos de uma determinada proteína.

O professor pode aproveitar esta oportunidade para:

- enfatizar a composição de um cromossomo,
- ressaltar as diferentes formas de organização (níveis de empacotamento) do material genético na interfase e durante a divisão celular,
- salientar que o cromossomo metafásico está duplicado e que apresenta duas cromátides,
- que cada uma das cromátides contém uma longa molécula de DNA,
- que um gene corresponde a um segmento de DNA que contém uma receita, ou seja, a síntese para uma molécula, geralmente proteína (ele pode também codificar RNA transportador e ribossômico, que não serão traduzidos em proteínas), e
- que os genes estão ativos na interfase.

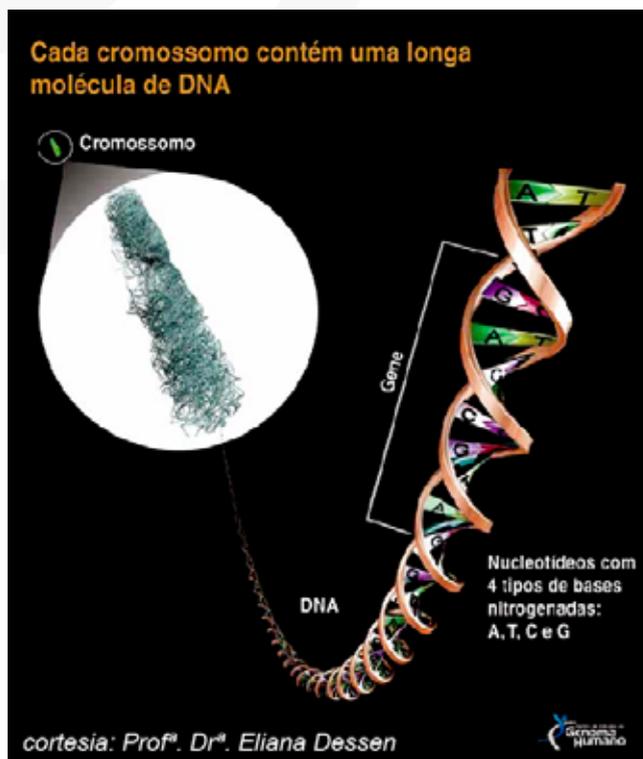


Fig. 6.7 Painel 4 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen

PAINEL 5

Como mencionado anteriormente, no genoma estão todas as instruções contidas no DNA. Tais instruções estão escritas numa linguagem que pode ser entendida pela célula, isto é, numa série de apenas quatro letras: A, T, C e G. Se a sequência de cerca de 3 bilhões de letras do genoma humano fosse alinhada como as letras contidas nas páginas de um livro, com 4.000 letras por página, seriam necessárias 750.000 páginas, o equivalente a duas pilhas de livros de 25 metros cada.

Os cientistas descobriram, na década de 60, o código usado pela célula para traduzir a linguagem em código contida no DNA. Esse código, denominado código genético, é válido para as regiões do genoma que contêm genes ou receitas para a síntese de proteínas, cerca de 2% do genoma.

Informações complementares para o professor

O produto de um gene pode ser um RNA que não vai ser traduzido, como os RNAs transportadores e RNAs ribossômicos, por exemplo, ou então um RNA mensageiro que será traduzido em uma proteína. As proteínas são formadas por uma série de aminoácidos ligados entre si e desempenham várias funções na célula. Elas podem, por exemplo, funcionar como enzimas que atuam no metabolismo celular (como as quinases), ou ser estruturais (como a queratina), ou desempenhar funções fisiológicas (como a hemoglobina e a insulina), ou de transporte (como a hemoglobina), ou então ser uma proteína reguladora (como os fatores de transcrição que controlam o funcionamento dos genes).

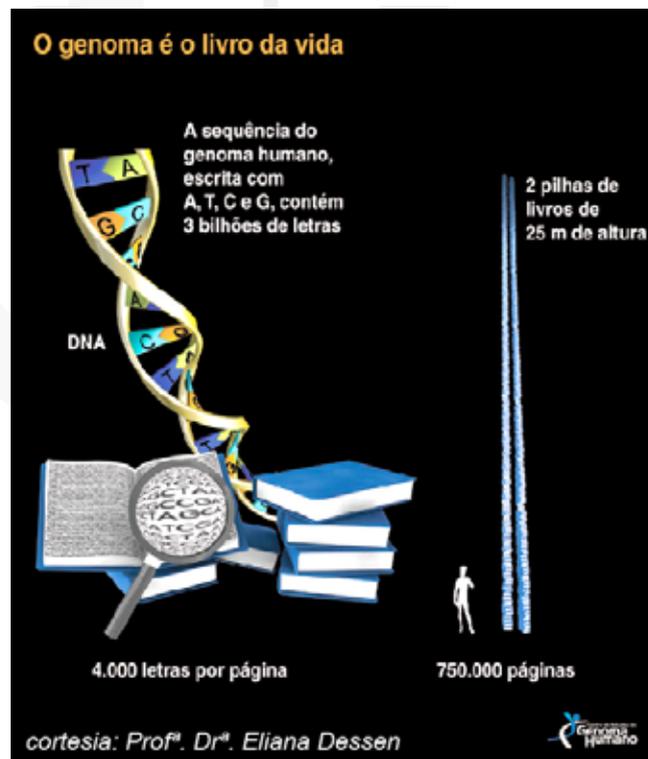


Fig. 6.8 Painel 5 / Fonte: cortesia de Eliana Dessen



Para saber mais sobre este assunto, acesse o texto complementar [Organização da célula eucariótica](#) e os [Painéis Do Organismo ao Genoma](#).

Bibliografia consultada

CONCEITOS DE GENÉTICA. WILLIAM S. KLUG, MICHAEL R. CUMMINGS, CHARLOTTE A. SPENCER e MICHAEL A. PALLADINO. 9ª EDIÇÃO. Editora: Artmed®.

Dna Recombinante - Genes e Genomas. Watson J. D. Richard M. Myers. Caudy Amy A. Witkowski, Jan A. 3ª EDIÇÃO. Editora: Artmed®.

Genética Molecular Humana. Strachan T. e Read P.A. 2ª EDIÇÃO Editora: Artmed®.

Biologia molecular da célula. Bruce Alberts, Alexander Johnson, Julian Lewis, Martin Raff, Keith Roberts e Peter Walter. 4ª Edição. Editora: Artmed®.

Complementação

Organização da célula eucariótica - Painel interativo. Centro de Estudos do Genoma Humano - IB-USP. (acesse o link para o pdf pelo ambiente virtual)

Painéis Do Organismo ao Genoma. (acesse o link para o pdf pelo ambiente virtual)



Atividades

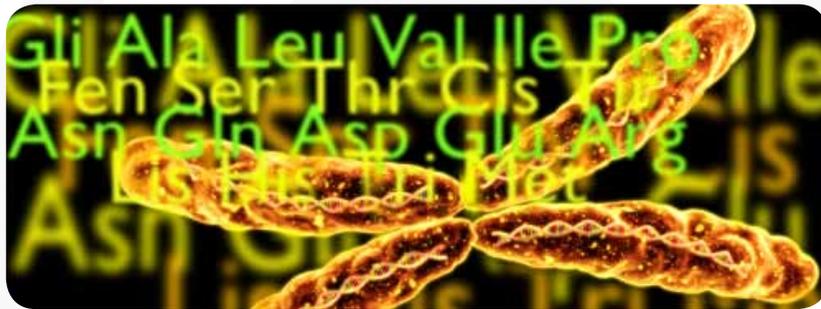
Questionário

Durante a triagem de mutações no gene CFTR em pacientes com fibrose cística, foram encontradas as mutações abaixo. Explique o efeito de cada uma das mutações na proteína e indique aquelas que podem ser consideradas responsáveis pelo quadro clínico do paciente. (letras maiúsculas: exon; minúsculas: intron)

⁽ⁱ⁾
 TTC AGC TGG ACC AGA CCA ATT ⁽ⁱⁱ⁾C TTG AGG AAA GGA TAC ⁽ⁱⁱⁱ⁾A ^(iv)G AGA ^(v)a CAG CGC gtacgctagc...
 F S W T R P I L R K G Y R O R

1. Deleção de 'GG';
2. Substituição de 'G' por 'C';
3. Substituição de 'C' por 'A';
4. Substituição de 'A' por 'G';
5. Substituição de 'g' por 'a'.

		2ª base			
		U	C	A	G
1ª base	U	UUU (Phe/F) Fenilalanina UUC (Phe/F) Fenilalanina UUA (Leu/L) Leucina UUG (Leu/L) Leucina	UCU (Ser/S) Serina UCC (Ser/S) Serina UCA (Ser/S) Serina UCG (Ser/S) Serina	UAU (Tyr/Y) Tirosina UAC (Tyr/Y) Tirosina UAA "Ocre" (Stop) UAG "Âmbar" (Stop)	UGU (Cys/C) Cisteína UGC (Cys/C) Cisteína UGA "Opala" (Stop) UGG (Trp/W) Triptofano
	C	CUU (Leu/L) Leucina CUC (Leu/L) Leucina CUA (Leu/L) Leucina CUG (Leu/L) Leucina	CCU (Pro/P) Prolina CCC (Pro/P) Prolina CCA (Pro/P) Prolina CCG (Pro/P) Prolina	CAU (His/H) Histidina CAC (His/H) Histidina CAA (Gln/Q) Glutamina CAG (Gln/Q) Glutamina	CGU (Arg/R) Arginina CGC (Arg/R) Arginina CGA (Arg/R) Arginina CGG (Arg/R) Arginina
	A	AUU (Ile/I) Isoleucina AUC (Ile/I) Isoleucina AUA (Ile/I) Isoleucina AUG (Met/M) Metionina, Start	ACU (Thr/T) Treonina ACC (Thr/T) Treonina ACA (Thr/T) Treonina ACG (Thr/T) Treonina	AAU (Asn/N) Asparagina AAC (Asn/N) Asparagina AAA (Lys/K) Lisina AAG (Lys/K) Lisina	AGU (Ser/S) Serina AGC (Ser/S) Serina AGA (Arg/R) Arginina AGG (Arg/R) Arginina
	G	GUU (Val/V) Valina GUC (Val/V) Valina GUA (Val/V) Valina GUG (Val/V) Valina	GCU (Ala/A) Alanina GCC (Ala/A) Alanina GCA (Ala/A) Alanina GCG (Ala/A) Alanina	GAU (Asp/D) Ácido aspártico GAC (Asp/D) Ácido aspártico GAA (Glu/E) Ácido glutâmico GAG (Glu/E) Ácido glutâmico	GGU (Gly/G) Glicina GGC (Gly/G) Glicina GGA (Gly/G) Glicina GGG (Gly/G) Glicina



Fonte: CEPA