



# A BRUXA

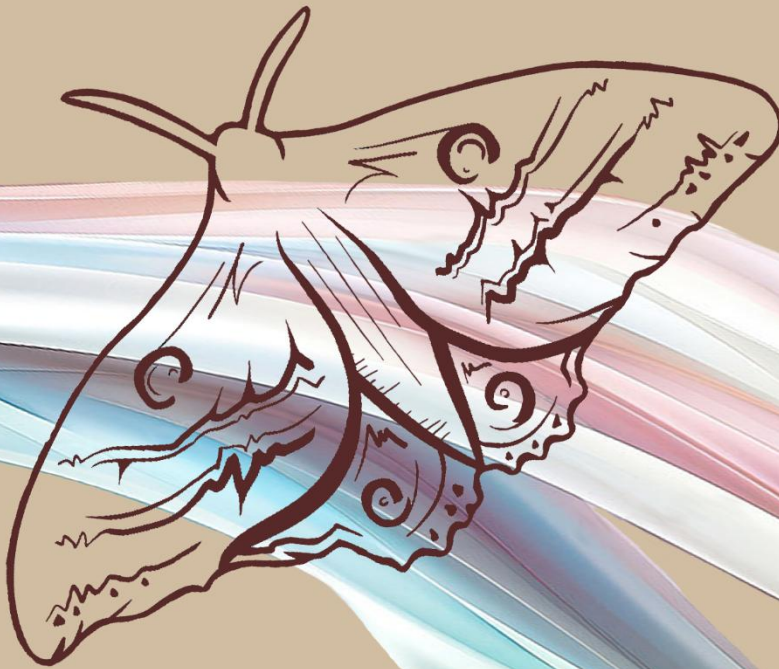
UMA REVISTA DE BIOLOGIA CULTURAL

[www.revistaabruxa.com](http://www.revistaabruxa.com)

ISSN 2594-8245

Volume 9

maio 2025



2

**Cabral, L.M.** 2025. Palíndromos em biologia: a curiosa presença de jogos de palavras no DNA ..... **A Bruxa 9(2): 10-19.**



## Palíndromos em biologia: a curiosa presença de jogos de palavras no DNA

**Luiz Mors Cabral**

Laboratório de Bioquímica das Interações, Departamento de Biologia Celular e Molecular, Instituto de Biologia,  
Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil  
luizmors@id.uff.br

### RESUMO

Palíndromos são frases ou palavras que se pode ler, indiferentemente, tanto da esquerda para a direita quanto da direita para a esquerda. Estão presentes em diversas culturas humanas, sendo considerados desde um mero jogo de palavras até expressões artísticas, religiosas ou mágicas. Curiosamente, os palíndromos possuem uma outra face, que permaneceu oculta durante milhares de anos: eles são frequentemente encontrados nas macromoléculas que estão no princípio da vida. Uma simetria inesperada presente nos códigos celulares da vida, e que só foi descoberta com os avanços da biologia molecular durante o século XX. Neste artigo, apresentamos os palíndromos do DNA e suas funções biológicas, fazendo uma correlação com a prática da palindromia.

Palavras-chave: evolução; macromoléculas; palindromia.

### ABSTRACT

#### Palindromes in biology: the curious presence of wordplay in DNA

Palindromes are phrases or words that can be read the same way forwards and backwards, regardless of direction. They are found in different human cultures, ranging from simple word games to artistic, religious, or magical expressions. Interestingly, palindromes have another aspect that remained hidden for thousands of years: they are often found in the macromolecules that are at the beginning of life. This unexpected symmetry is present in the cellular codes of life, and it was only discovered with advancements of molecular biology in the 20th century. In this article, we present DNA palindromes and their biological functions, drawing a correlation with the practice of palindrome.

Keywords: evolution; macromolecules; palindromy.

### INTRODUÇÃO

#### Um relato pessoal

Eu era estudante na Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ) por volta do ano 2000, quando o artista plástico Luís Andrade realizou a instalação “À” no prédio da Universidade. Para quem não conhece, a UERJ ocupa um conjunto muito imponente de prédios, em uma região central do Rio de Janeiro, com dois blocos distintos unidos por uma série de rampas. As rampas são espaços de ventilação, mas também convidam o estudante a transitar pela Universidade a pé. Eu mesmo, nos mais de quatro anos em que frequentei a Universidade, sempre privilegiei as rampas em detrimento às escadas e aos elevadores. A intervenção de Luís Andrade consistia em uma série de palíndromos posicionados nas rampas da UERJ. Não lembro quantos e nem quais foram as frases usadas, mas lembro muito bem do meu encantamento com a obra. Durante todo o período em que as frases permaneceram penduradas, percorri a UERJ inúmeras vezes, de cima a baixo, com ânimo e curiosidade redobrados, lendo e relendo os palíndromos impressos em letras gigantes ligando os blocos da Universidade.

O tempo passou e eu me tornei um biólogo molecular. Hoje, trabalho investigando o papel de determinados genes no desenvolvimento de plantas. Curiosamente, a biologia molecular e a palindromia



têm muito mais em comum do que eu poderia imaginar naqueles passeios descompromissados pelas rampas da UERJ. Isso porque sequências palindrômicas são frequentemente encontradas nas macromoléculas que estão na base da vida celular. Neste artigo, apresento uma revisão sobre palíndromos no DNA, fazendo uma correlação com exemplos da palíndromia em manifestações culturais humanas.

## MATERIAL E MÉTODOS

Este artigo é de natureza teórica, desenvolvida através de revisão bibliográfica e análises de documentos, tanto científicos como artísticos ou artefatos culturais de diferentes naturezas. Optou-se por uma revisão narrativa, permitindo uma ampla descrição sobre o assunto, sem esgotar todas as fontes de informação. Foram utilizados artigos científicos obtidos a partir da busca com os descritores "palíndromos", "*palindromes*" "palíndromos em ácidos nucleicos", "*palindromes in nucleic acids*", "palíndromos em biologia" e "*palindromes in biology*" nos endereços eletrônicos *Google Acadêmico*, *SciELO* e *PubMed*. Foram utilizados 10 artigos científicos, selecionados de forma a representarem toda a gama de elementos palindrômicos ligados aos ácidos nucleicos. Artigos tratando de palíndromos em RNA e em proteínas não foram incluídos no estudo.

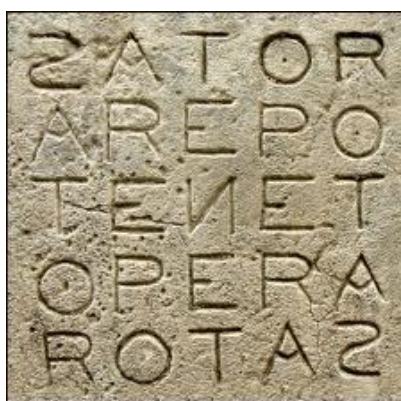
## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Palíndromos na história

A Universidade de Yale possui uma coleção enciclopédica de obras de arte que abrange todos os interesses. São aproximadamente 4.000 obras em exibição, distribuídas por três diferentes edifícios. As galerias exibem obras de arte desde os tempos antigos até o presente, incluindo vasos da dinastia Tang da China, pinturas italianas antigas, tecidos de Bornéu, tesouros da arte americana, máscaras da África Ocidental, arte moderna e contemporânea, esculturas antigas, obras-primas de Degas, Van Gogh e Picasso, e muito mais. Recentemente, devido à pandemia de covid-19, houve um esforço de acelerar as possibilidades de visita remota ao acervo, o que pode ser feito através do portal da galeria na internet (<https://artgallery.yale.edu/>).

Entre as peças que se pode acessar pelo computador estão os exemplares da coleção Dura-Europos, que abriga um antigo palíndromo incrivelmente popular chamado Quadrado Sator (Figura 1). A palavra palíndromo tem etimologia grega. Vem da palavra *παλίνδρομος*, que significa "voltar correndo". Em essência, são palavras, frases ou textos inteiros que se pode ler nas duas direções. Tanto de trás para frente quanto de frente para trás, eles apresentam o mesmo conteúdo de texto.

O Quadrado Sator pode ser traduzido aproximadamente como: "O plantador, Arepo, segura as rodas com esforço". Existem outros três exemplos do Quadrado Sator em Pompéia e alguns outros já foram encontrados no Mediterrâneo, na Grã-Bretanha, em Portugal e na Síria.



**Figura 1.** O Quadrado Sator, de Dura Europos (c. 165-256 d.C.) está agora na Galeria de Arte da Universidade de Yale. Imagem adaptada de GRIFFITH (1971).



Um outro exemplo interessante é o amuleto de Siltstone, encontrado em Nea Paphos, no Chipre em 2011 (Figura 2). Nele se encontra a representação de uma múmia (provavelmente Osíris) em um barco, com o deus do silêncio, Harpócrates, acima dela. Do outro lado do amuleto existe um palíndromo com 59 letras. O mesmo palíndromo já foi encontrado em papiros mágicos gregos, fazendo parte de diversos feitiços (VERSNEL & HORSTMANSHOFF, 2002).



**Figura 2.** O amuleto encontrado no Chipre, apresentado em suas duas faces. Na primeira, a deusa Osíris em um barco e no verso, o palíndromo com 59 letras. Imagem adaptada de VERSNEL & HORSTMANSHOFF (2002).

Palíndromos também foram importantes no mundo romano. Em latim, uma palavra ou frase lida nos dois sentidos era chamada de *cancrina* (“semelhante a um caranguejo”), derivando do tipo de movimentação feita pelo caranguejo (Crustacea: Decapoda) lateralmente em ambas as direções. Não passava despercebido para os romanos o fato de que Roma ao contrário é amor, uma palavra também de origem latina, e diversas frases palindrômicas incorporam essas palavras (VARGAS, 2021).

Outro exemplo digno de nota diz respeito à uma extrapolação da arte dos palíndromos para o mundo da música, feita por Bach no **Cânone do Caranguejo (Crab canon)**, uma música que deve ser tocada ao mesmo tempo de trás para frente e de frente para trás, em um exercício fabuloso de construção musical (GONZÁLEZ-ESPINOZA *et al.*, 2017). Esses e outros achados antigos mostram que o prazer dos jogos de palavras e das acrobacias mentais irradiou-se profundamente na sociedade antiga, atestando a existência de uma cultura ativa de escrita e leitura, não apenas para fins de comunicação, mas também pelo simples prazer da construção literária.

### Um pouco da história da genética

Em 1905, em uma carta ao seu colega Adam Sedgwick, o biólogo inglês William Bateson usou a palavra “genética” para designar “a ciência da hereditariedade e da variação”. Bateson propôs usar a palavra “genética” para nomear a cátedra que foi criada para ele em Cambridge em 1906. Podemos, portanto, afirmar que o termo “genética” nasceu em 1906, mas precisar quando nasceu a ciência à qual ele se refere é uma tarefa um pouco mais complicada. Teria sido em 1866, ano da publicação do artigo seminal de Mendel sobre hibridização de plantas? Ou em 1900, quando três botânicos, Hugo de Vries, na Holanda, Carl Correns, na Alemanha, e Erich von Tschermak, na Áustria, redescobriram independentemente as leis de Mendel? Não existe uma resposta definitiva para essa questão. O trabalho experimental de Mendel com ervilhas foi crucial, mas faltava algo muito importante. Mendel soube abstrair de seus resultados experimentais uma lei de herança dos caracteres, mas a verdade é que ele não tinha ideia sobre o que era responsável pela transmissão das características. Ele se referiu à existência de “fatores” de hereditariedade, mas não sabia explicar o que exatamente eram esses “fatores” (STURTEVANT, 1965).



Em 1915 o cientista estadunidense Thomas Hunt Morgan fez uma série de estudos em busca da resposta exatamente para essa questão: o que eram os "fatores hereditários" postulados por Mendel? Na Universidade de Columbia ele montou a famosa "sala das moscas", na qual estudou as moscas drosófilas (Diptera: Drosophilidae). Morgan e seus alunos criavam as moscas e as expunham à luz ultravioleta, interessados nas mutações que a radiação causaria nas gerações seguintes. O grupo de Morgan extraía os cromossomos das moscas e aplicava técnicas de coloração que permitiam observar os cromossomos e seus detalhes em um microscópio. A ideia era associar efeitos aberrantes da exposição à radiação a alterações no formato, tamanho e número de cromossomos (STURTEVANT, 1965). Da análise das moscas mutantes nasceu o primeiro mapa da posição de genes sobre um cromossomo, que deu a Morgan o Prêmio Nobel de Medicina e Fisiologia de 1933. Com o trabalho de Morgan os fatores mendelianos ganham materialidade, com a descoberta de que os cromossomos são os responsáveis pela transmissão das características. Na minha opinião, foi na sala das moscas que nasceu, de fato, a ciência que hoje chamamos de "genética". Foi ali que o tema da hereditariedade e da variação ganhou uma ferramenta (a exposição à radiação UV) e uma teoria robusta (os cromossomos são o local onde as variações ocorrem). A radiação que Morgan e seu grupo aplicavam sobre as moscas causava alterações genéticas, mas essas eram completamente aleatórias. Era impossível prever o que iria acontecer, ou planejar edições genéticas nesse momento. E assim permaneceria por muitas décadas.

Uma vez que se descobriu que era o DNA a molécula responsável pelas características dos organismos, iniciou-se uma verdadeira corrida para desvendar seus segredos. Em 1944, Edwin Chargaff, um pesquisador austríaco trabalhando nos Estados Unidos, tentava entender o funcionamento do DNA. Ele extraiu DNA de vários organismos diferentes, tentando compreender suas diferenças. Mas sua grande descoberta não foi relacionada às diferenças, e sim à uma estranha similaridade entre os diversos DNAs que ele analisava. Chargaff entendeu que, independentemente de qual organismo havia sido retirado o DNA, uma mesma regra sempre se aplicava: nucleotídeos do tipo Adenina sempre estavam presentes na mesma quantidade de nucleotídeos Timina. Da mesma forma, nucleotídeos Citosina sempre estavam presentes nas mesmas quantidades dos nucleotídeos Guanina (KRESGE *et al.*, 2005). A chamada "Lei de Chargaff" seria finalmente explicada quando a estrutura do DNA foi desvendada, em 1953. O DNA era uma molécula composta por duas fitas pareadas, onde nucleotídeos Adenina formam pares na fita oposta com nucleotídeos Timina, enquanto Citocinas pareiam com Guaninas. Por isso as adeninas sempre estavam nas mesmas quantidades de timinas, e citocinas nas mesmas quantidades de guaninas. Sempre que havia um nucleotídeo em uma fita, o correspondente estaria na fita complementar. Essa é uma das grandes belezas do DNA: a simplificação dos nucleotídeos que o formam utilizando as letras A (para Adenina), T (para Timina), C (para citosina) e G (para guanina) faz dele é um código que pode ser, de fato, escrito. E a regra de Chargaff é uma das "regras gramaticais" regulando esse código tão interessante.

A lei de Chargaff, associada à estrutura da molécula, com duas fitas pareadas, dão ao DNA uma série de possibilidades de formação de palíndromos. Quem gosta desses jogos de palavras sabe que existem diferentes maneiras de se estruturar um palíndromo. Existem palíndromos silábicos, palíndromos circulares e até palíndromos quadrados (como o já citado Quadrado Sator, onde os palíndromos se dão não somente de forma horizontal, mas também na relação de verticalidade entre letras de linhas diferentes). Pois o DNA também se presta à formação de palíndromos de diferentes tipos. E a evolução, ao que parece, soube aproveitar essas possibilidades. Aqui, vou mostrar alguns arranjos palindrômicos comumente encontrados no DNA. Não é objetivo deste trabalho esgotar o assunto, o que seria praticamente impossível. Pretende-se somente mostrar que o processo evolutivo encontrou funcionalidade naquilo que a cultura humana transformou em jogos, evocações religiosas ou arte.

### Palíndromos no DNA: palíndromo reverso

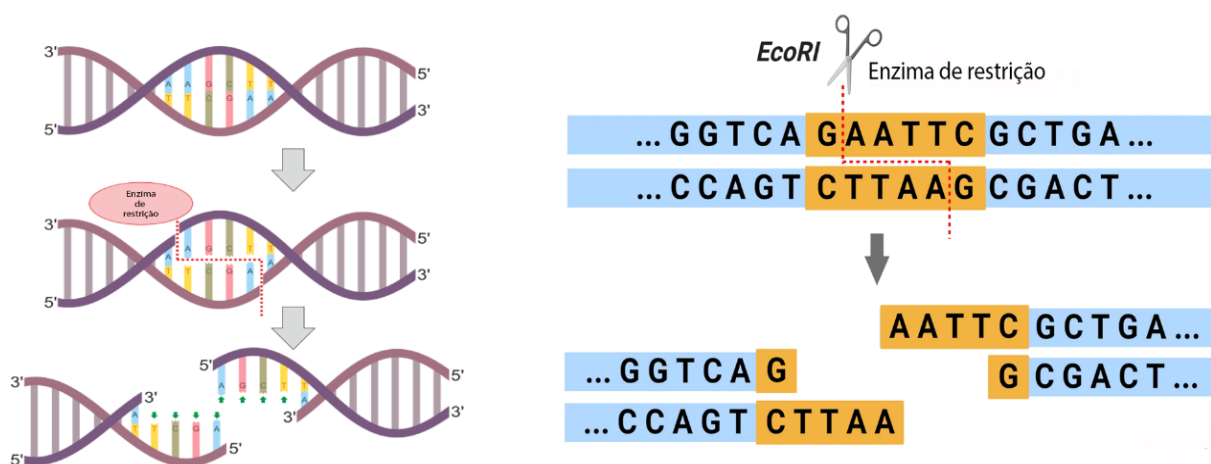
Desde a década de 1960 já se conhecia a capacidade das bactérias de resistir a infecções por vírus. Trabalhos como o de MESELSON & YUAN (1968) e o de ROULLAND-DUSSOIX & BOYER (1969) descrevem que as bactérias possuem um interessante mecanismo de defesa baseado em enzimas capazes de cortar o DNA



dos vírus, eliminando o agente infeccioso. Por serem capazes de restringir a ação dos vírus, elas receberam o nome de “Enzimas de Restrição”. Sua descoberta garantiu Prêmio Nobel de Medicina e Fisiologia em 1978 à Werner Arber, Dan Nathans e Hamilton Smith (RAJU, 1999). Na tentativa de entender como exatamente essas enzimas funcionam, Arber levantou a hipótese de que elas seriam capazes de se ligar ao DNA em locais representados por sequências específicas de nucleotídeos. De fato, experimentos usando enzimas purificadas mostravam que elas cortavam fragmentos de DNA sempre nas mesmas posições. Não era um corte aleatório ou uma mutação randômica. Aquelas enzimas sabiam encontrar a posição certa no DNA para fazer o corte.

Mais ou menos ao mesmo tempo que entendíamos o funcionamento das enzimas de restrição, o bioquímico inglês Frederick Sanger descobria uma maneira de sequenciar o DNA, uma descoberta fundamental, que lhe valeu, em 1980, o segundo prêmio Nobel (o primeiro ele havia ganhado em 1958 por ter desvendado a estrutura da insulina). Com a invenção de uma maneira de sequenciar o DNA, e com o conhecimento de enzimas que reconhecem e cortam sequências específicas, finalmente, e pela primeira vez na história, a humanidade podia planejar modificações no DNA. É o surgimento da era da manipulação genética, que nasce do encontro de três conhecimentos: a estrutura do DNA, o funcionamento das enzimas de restrição e uma ferramenta para sequenciar o DNA.

A descoberta das enzimas de restrição e seus mecanismos de ação revelou uma curiosa característica: um certo tipo de palíndromo, chamado palíndromo reverso, ocorre no DNA, em sequências de reconhecimento de enzimas de restrição. Um bom exemplo é a sequência palindrômica reconhecida pela enzima de restrição EcoRI (Figura 3).



**Figura 3.** Duas representações de cortes com enzimas de restrição. Na primeira, tem-se um esquema geral e na segunda, uma visão em detalhes do corte promovido pela enzima EcoRI. Repare que a sequência reconhecida pela enzima na fita de cima (GAATTC) se repete, de trás para frente, na fita de baixo, caracterizando um palíndromo reverso.

As regiões de palíndromo reverso são extremamente comuns e representam a enorme maioria das sequências reconhecidas por enzimas de restrição. Existem sim enzimas que identificam regiões não palindrômicas do DNA, mas são realmente muito poucas. E essa predominância dos palíndromos reversos como domínios de reconhecimento de enzimas de restrição sempre me impressionou. Pensando do ponto de vista evolutivo, é obviamente vantajoso para uma bactéria que pretende se defender de um agente infeccioso que sua maquinaria de defesa seja capaz de reconhecer o DNA inimigo observando tanto a fita de cima quanto a fita de baixo do DNA. Essa capacidade duplica a chance de sucesso na inativação do DNA viral, duplicando também a capacidade de sobrevivência da bactéria. Caso a enzima reconhecesse uma sequência presente somente em uma das fitas do DNA a chance de alcançar o objetivo de proteção seria reduzida pela metade. Ao longo do processo evolutivo, portanto, reconhecer uma região palindrômica é uma vantagem considerável para a resistência das bactérias. À medida que a exploração de vários



genomas, incluindo o genoma humano, avançou, graças a técnicas cada vez mais avançadas e mais facilmente disponíveis de sequenciamento e de análise computacional, tornou-se claro que os palíndromos no DNA eram inúmeros, e com as mais diferentes funções biológicas.

### Palíndromos no DNA: palíndromo perfeito

Note que os palíndromos reversos só se tornam de fato palíndromos pela presença de uma fita complementar no DNA. Dessa forma, a relação palindrômica se estabelece entre a fita de cima e a fita de baixo da molécula, o que difere do entendimento mais usual do que é um palíndromo. Mas existem também outros tipos de palíndromos no DNA, sequências que são palindrômicas na mesma fita. São os chamados palíndromos perfeitos (GANAPATHIRAJU *et al.*, 2020).

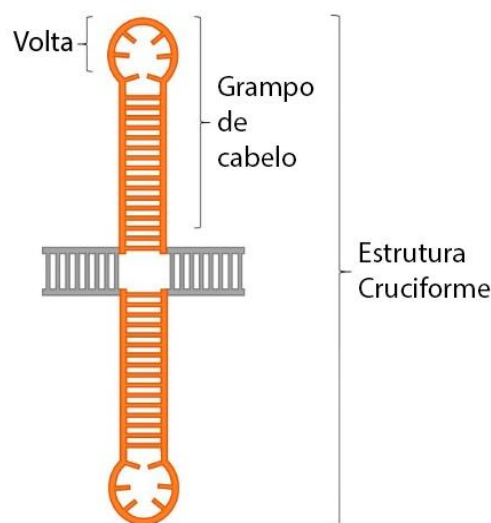
O palindromista mais tradicional pode ficar incomodado com essa definição, porque, sendo minucioso, os chamados palíndromos perfeitos em DNA não são de fato regiões palindrômicas tradicionais. O que ocorre aqui é a repetição, em uma mesma fita de DNA, da sequência homóloga inversa, ou seja, a presença de uma Adenina em uma parte do palíndromo implicará na presença de seu nucleotídeo homólogo, Timina, na outra parte. Dessa forma, teremos duas repetições invertidas que não são idênticas, mas são homólogas uma à outra e que podem também ser separadas por uma região espaçadora (Figura 4). Regiões assim são encontradas nos genomas de todas as espécies investigadas até agora e frequentemente desempenham papéis importantes como locais de ligação para proteínas ou sequências reguladoras.

Palíndromos perfeitos têm a capacidade única de se dobrar sobre si mesmo para formar uma estrutura secundária conhecida como grampo de cabelo (Figura 4), que fazem parte de vários processos celulares. Caso essas sequências estejam separadas por uma região espaçadora, a ocorrência dessas estruturas é ainda mais frequente. A formação desses “grampos de cabelo” contraria a ideia do DNA como uma fita, algo unidimensional. Na verdade, o DNA é cheio de elementos tridimensionais, regiões enoveladas ou dobradas sobre si mesmo, e no coração dessas estruturas retorcidas estão as sequências palindrômicas.

### Palíndromo perfeito



### Palíndromo com espaçador



**Figura 4.** Exemplos de palíndromo perfeito e regiões palindrômicas separadas por um espaçador. A presença do espaçador facilita a formação de estruturas tridimensionais no DNA, como os chamados “grampos de cabelo”, que desempenham uma série de funções biológicas.



O que caracteriza o chamado palíndromo perfeito no DNA não é de fato sua perfeição palindrômica, mas o fato de que sequências adjacentes são capazes de se ligar, seguindo a lei de Chargaff do pareamento de bases. Mas existem também palíndromos canônicos no DNA. É o que acontece, por exemplo, na maquinaria molecular do CRISPR.

### Palíndromos em CRISPR

Recentemente, nossa capacidade de editar o DNA deu um novo salto. Os cientistas pioneiros que trabalharam na famosa “sala das moscas” na Universidade de Columbia, alteravam o DNA de forma rudimentar, com luz ultravioleta, e não tinham nenhum controle sobre onde as mutações ocorreriam. Depois, lentamente, foram ganhando algum controle das regiões que queriam cortar, especialmente com a descoberta das enzimas de restrição. Mas a mais nova ferramenta de edição gênica é incomparavelmente melhor do que as anteriores em termos de eficiência e precisão.

O desenvolvimento de um método de edição de genoma baseado na tecnologia CRISPR recebeu o Prêmio Nobel de Química em 2020, menos de uma década após a descoberta de todos os principais componentes moleculares do sistema. Pela primeira vez na história, um prêmio Nobel foi atribuído a duas mulheres, Emmanuelle Charpentier e Jennifer Doudna. É difícil superestimar a importância da técnica, pois permite não apenas manipular genomas de organismos modelo em experimentos científicos e modificar características de culturas e animais importantes, mas também tem o potencial de introduzir mudanças revolucionárias na medicina, especialmente no tratamento de doenças genéticas. Assim como no caso das enzimas de restrição, a função biológica original do sistema CRISPR também é a proteção das bactérias contra agentes infecciosos, em particular os vírus (JINEK *et al.*, 2012).

CRISPR é a sigla, em inglês, para *clustered regularly interspaced short palindromic repeats*, ou repetições palindrômicas curtas agrupadas e regularmente inter-espaçadas. Foi descoberto pela primeira vez nas sequências de DNA da bactéria *Escherichia coli* (T. Escherich, 1885) (Enterobacteriales: Enterobacteriaceae) e descrito em 1987 por um grupo de pesquisadores da Universidade de Osaka, no Japão (GOSTIMSKAYA, 2022). Naquela época, o sequenciamento desses fragmentos de DNA era ainda muito difícil, lento e dispendioso. Apesar de terem identificado essas regiões palindrômicas agrupadas e espaçadas, nem a sua origem nem o seu significado na célula bacteriana foram compreendidos pelos seus descobridores.

Um avanço significativo na compreensão da função biológica dessas regiões palindrômicas ocorreu com a descoberta de Francisco Mojica, da Universidade de Alicante (Espanha), que em 1995 encontrou estruturas semelhantes no genoma de uma Archaea. A observação do grupo japonês não era uma exceção, uma mera curiosidade encontrada em um grupo pequeno de organismos. A presença das estranhas regiões palindrômicas em dois domínios evolutivamente remotos da vida sugeriu um grande significado funcional desses elementos e serviu de impulso para futuras pesquisas. Mojica notou a semelhança dos elementos que descreveu em Archaea com repetições de DNA previamente encontradas em genomas bacterianos, e foi um dos primeiros cientistas a levantar a hipótese de que essas regiões fizessem parte do sistema imunológico de bactérias e Archaea. No mesmo ano que se deu a descoberta de Mojica, dois outros laboratórios chegaram independentemente a conclusões semelhantes, dando início a uma era de investigação ativa sobre este extraordinário fenômeno natural.

Uma importante informação sobre o mecanismo de ação do sistema CRISPR foi obtida em 2007 nos estudos de dois cientistas alimentares franceses, Rodolphe Barrangou e Philippe Horvath, que trabalharam com culturas de iogurte da bactéria *Streptococcus thermophilus* (ex Orla-Jensen 1919) Schleifer *et al.*, 1995 (Lactobacillales: Streptococcaceae) para a empresa dinamarquesa Danisco. Devido à rica coleção de cepas bacterianas coletadas pela empresa desde a década de 1980, os cientistas conseguiram comparar centenas de variedades bacterianas, e descobriram que quanto mais uma bactéria fosse alvo de ataque de vírus, maior seria sua região com as sequências palindrômicas. Quando atacadas por algum vírus, as bactérias eram capazes de guardar um pedaço do DNA viral, inserindo-o no meio de espaçadores palindrômicos. E nesse caso estamos falando de palíndromos verdadeiros, que independem da fita complementar do DNA e





também da homologia entre bases nitrogenadas da lei de Chargaff. Quanto mais vírus tivessem atacado a bactéria, mais material viral era guardado. Dependendo da espécie, as regiões palindrômicas possuem entre 23 e 50 nucleotídeos, e as bactérias inserem, entre elas, pedaços do material genético dos vírus. Esses fragmentos guardados entre os palíndromos irão guiar a bactéria em sua busca por DNA invasor. Caso ela seja atacada por um mesmo vírus uma segunda vez, ela vai recorrer à essa coleção, vai reconhecer o DNA viral e uma maquinaria vai destruí-lo, inativando a ameaça (Figura 5). De fato, o sistema CRISPR é parte de um interessante mecanismo de memória imunológica das bactérias (GOSTIMSKAYA, 2022).

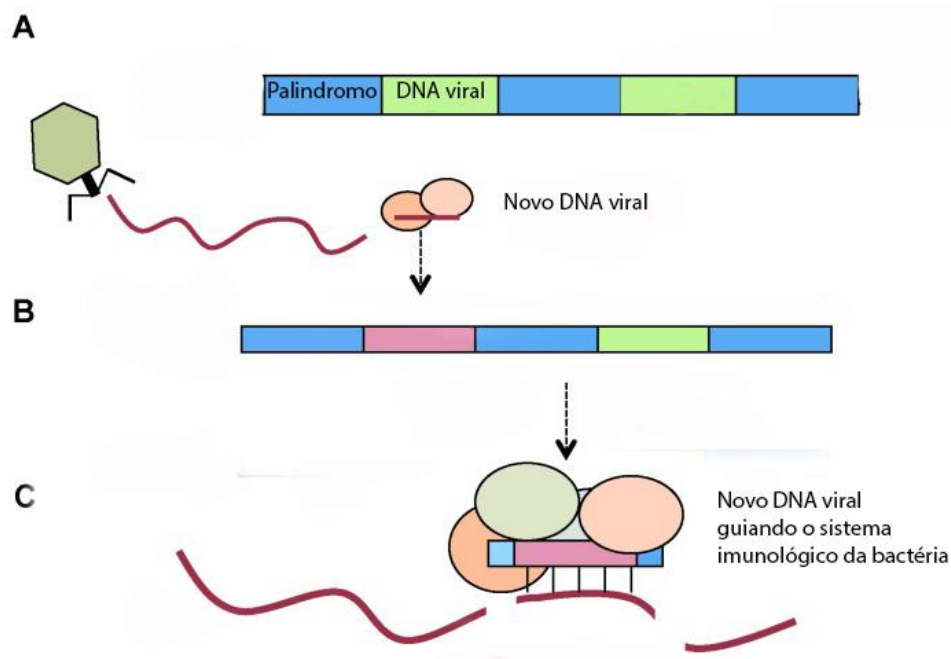


Figura 5. Representação do funcionamento do sistema CRISPR. (A) o DNA bacteriano possui uma região rica em palíndromos, com um espaçamento entre eles. Entre as regiões palindrômicas, espaçando-as de forma regular, encontram-se pedaços de material genético de vírus que infectaram as bactérias previamente. (B) A chegada de um novo vírus pode causar a morte da bactéria, mas se ela for capaz de resistir ao ataque viral, irá retirar um pedaço do DNA do vírus e inseri-lo entre duas regiões palindrômicas de seu próprio DNA, obtendo mais uma memória imunológica. (C) Essa memória acumulada de vírus serve como guia para uma maquinaria que procura novas infecções virais e tenta eliminá-las cortando seu material genético.

Mais uma vez, a presença de palíndromos parece facilitar a capacidade das bactérias de guardar a informação dos vírus que a atacaram. Independentemente da posição que essas enzimas estiverem caminhando pelo DNA, encontrarão a informação desejada, porque ela se apresenta sob a forma de um palíndromo. No universo dos genomas, essa facilidade não é um mero detalhe.

Em 2012, esse sistema foi finalmente compreendido em todos os seus detalhes. O trabalho de Emmanuelle Charpentier e Jennifer Doudna é fabuloso porque elas entenderam exatamente como usar o sistema CRISPR para fazer edições genéticas precisas. Ao trocar o DNA viral que estava entre as regiões palindrômicas por outra sequência, elas foram capazes de direcionar o corte para a região que quiseram. Dessa forma, um sistema bacteriano pode ser direcionado para realizar cortes no DNA com uma precisão incrível, abrindo caminho para a cura de doenças, o melhoramento genético de plantas e animais, e para todo tipo de aplicação biotecnológica.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Palíndromos estão presentes ao longo de todos os genomas, independentemente do organismo ou do reino. Muitos são pequenos e aparentemente sem importância biológica. Parecem estar ali por simples



coincidência. Outros, no entanto, têm função crucial para a vida dos organismos.

Palíndromos perfeitos são encontrados em todos os organismos conhecidos e permitem ao DNA a formação de estruturas tridimensionais com várias funções biológicas. Os outros dois exemplos são advindos da guerra entre vírus e bactérias (guerra essa que vem acontecendo desde que a vida começou). Os vírus bacteriófagos, que infectam bactérias, requerem um hospedeiro bacteriano para se propagarem, e, portanto, devem de alguma forma infiltrar-se na bactéria. O objetivo do vírus é inserir seu próprio DNA na bactéria e reproduzir o maior número possível de cópias de si mesmo. O objetivo da bactéria é evitar que isso aconteça, uma vez que a infecção pode levar à sua morte. Para se defender, desativando o vírus, a bactéria utiliza suas armas, lapidadas por milênios de evolução: enzimas de restrição ou o sistema CRISPR são alguns exemplos, mas não os únicos, de como as bactérias tentam sobreviver. E no centro desses mecanismos, encontramos a beleza e a elegância dos palíndromos.

Há quem encare os palíndromos como uma brincadeira, um mero jogo com palavras. Outros enxergam na palíndromia uma forma de se fazer poesia, uma prática eminentemente artística. Palíndromos podem fazer parte do dia a dia das pessoas de uma maneira sutil, como um hobby que desestressa, ou, ao contrário, podem se tornar uma obsessão. Fazer palíndromos pode ser comparado com a arte da poesia, especialmente em algumas de suas manifestações. Sonetos, por exemplo, são poemas de forma fixa, com regras atemporais. O poeta que se dedica à elaboração de sonetos deve sempre respeitar a composição de versos divididos em quatro estrofes, e sempre com o mesmo número de sílabas poéticas. Os haicais devem ter apenas três versos e, em sua versão clássica, devem conter exatamente dezessete sílabas. Outros tipos de poemas levam em conta a contagem dos sons ou o ritmo da leitura, limitações formais que acrescentam dificuldades e exigem do escritor trabalho e arte. Partindo-se desse princípio, a palíndromia é um tipo de poesia com limitações formais radicais, já que se deve respeitar a regra da leitura nos dois sentidos. Cabe ao poeta lapidar as palavras até chegar ao resultado final. É interessante que esse formato tenha sido selecionado durante o processo evolutivo, e que os palíndromos de DNA tenham se tornado uma ferramenta que garante eficiência aos processos celulares. Os palíndromos que muitos fazem por diversão, a evolução faz por dever de ofício.

Para mim, que os descobri pelas mãos de uma artista nas rampas da Universidade, reencontrá-los, tão importantes e funcionais dentro do código da vida, foi não só uma surpresa, mas também uma grande alegria. E, para além do encantamento que os palíndromos exercem sobre mim, eles estão no coração da vida celular e das ferramentas da biotecnologia que estão mudando o mundo.

## REFERÊNCIAS

- GANAPATHIRAJU, M.K.; SUBRAMANIAN, S.; CHAPARALA, S. & KARUNAKARAN, K.B. 2020. A reference catalog of DNA palindromes in the human genome and their variations in 1000 Genomes. **Human Genome Variation** 7(40): 12p.
- GONZÁLEZ-ESPINOZA, A.; LARRALDE, H.; MARTINEZ-MEKLER, G. & MÜLLER, M. 2017. Multiple scaling behavior and nonlinear traits in music scores. **Royal Society Open Science** 4(171282): 1-16.
- GOSTIMSKAYA, I. 2022. CRISPR-Cas9: A history of its discovery and ethical considerations of its use in genome editing. **Biochemistry** 87(8): 777-788.
- GRIFFITH, J.G. 1971. 'Arepo' in the Magic 'Sator' Square. **The Classical Review** 21(1): 6-8.
- JINEK, M.; CHYLINSKI, K.; FONFARA, I. *et al.* 2012. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. **Science** 337(6096): 816-821.
- KRESGE, N.; SIMONI, R.D. & HILL, L.R. 2005. Chargaff's rules: The work of Erwin Chargaff. **Journal of Biological Chemistry** 280(24): 172-174.



MESELSON, M. & YUAN, R. 1968. DNA restriction enzyme from *E. coli*. **Nature** **217**(5134): 1110-1114.

RAJU, T.N. 1999. The Nobel chronicles. 1978: Werner Arber (b 1929); Hamilton O Smith (b 1931); Daniel Nathans (b 1928). **Lancet** **354** (9189): 1567.

ROULLAND-DUSSOIX D. & BOYER, H.W. 1969. The *Escherichia coli* B restriction endonuclease. **Biochim Biophys Acta** **195**(1): 219-29.

STURTEVANT, A.H. 1965. **A history of Genetics**. Harper and Rowe.

VARGAS, F.A. 2021. **Arara rara: antologia de palíndromos / Ensaio sobre a palíndromia**. Edunila.

VERSNEL, H.S. & HORSTMANSHOFF, H.F.J. 2002. **Kykeon: Studies in honour of H.S. Versnel**. Editora Brill.



Publicado em 09-05-2025

# CONTEMPLA FLORES



Foto: Elidiomar Ribeiro da Silva - @elidiomar.ribeiro