

Soluções explicadas:

Documento 1

1. (C). Os monómeros dos ácidos nucleicos (DNA e RNA) são os nucleótidos. Estes, por sua vez, são constituídos por três componentes: o grupo fosfato, uma pentose e uma base azotada. No caso do ácido nucleico do vírus SARS-CoV-2 (RNA) a pentose é uma ribose (açúcar de cinco carbonos).

2. (B). Os vírus não têm constituição celular, não sendo considerados seres vivos, apesar de serem formados por moléculas que também existem nas células (ácidos nucleicos, lípidos e proteínas). Para se multiplicarem, como não possuem organelos, dependem da sua capacidade de infectar as células.

3. (D). Entre monómeros dos ácidos nucleicos (nucleótidos) a ligação é do tipo fosfodiéster.

4. (B). De acordo com os estudos referidos no documento 1.

5. (A). Trata-se de uma reação anabólica, de condensação, síntese ou polimerização que condiz à libertação de água e ao consumo de energia (endoenergética). O crescimento das cadeias vai ocorrendo no sentido 5' – 3', sendo novos nucleótidos adicionados à extremidade 3' do nucleótido anterior.

6. (C). O (+)ssRNA comporta-se como o mRNA pelo que já ocorreu a etapa da transcrição, seguindo-se a tradução. O genoma viral apresenta por isso codões, que irão codificar para determinados aminoácidos.

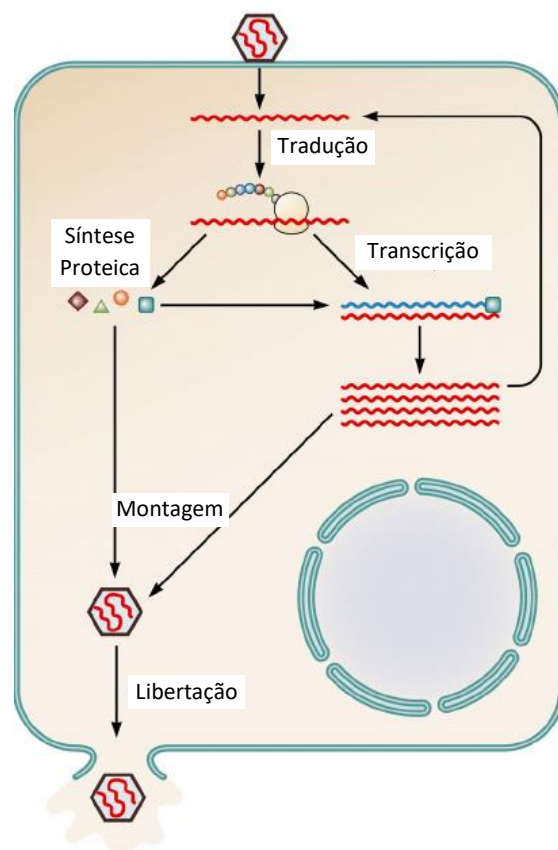
7. (A). As espículas do coronavírus são formadas por proteínas que são compostos considerados quaternários (C, H, O, N). Os monómeros das proteínas são os aminoácidos, que apresentam dois grupos funcionais – o grupo carboxilo (COOH) e o grupo amina (NH₂).

8. (D).

9. C, B, G, A, D, F. A afirmação E está errada, uma vez que os ribossomas, no processo de tradução ligam-se à extremidade 5' do mRNA. O processo inicia pela infeção da célula hospedeira por parte do vírus (C). Como o SARS-CoV-2 possui um +RNA que funciona como o mRNA, ou seja uma sequência 5'–3', começa logo a ser traduzido pelos ribossomas das células hospedeiras (B), com o intuito de originar proteínas virais e, por exemplo, uma RNA polimerase viral (G). Deste modo, torna-se agora possível fazer a cópia do genoma viral, através da RNA polimerase (A), que transcreve o +RNA (5'–3') em –RNA, que será a sua cadeia complementar. A partir da molécula de –RNA é realizada a síntese de novas moléculas de +RNA (o genoma viral) (D), culminando na montagem e libertação de novos vírus (F).

10. (a)-(5); (b)-(1); (c)-(4); (d)-(2); (e)-(8)

11. (A). De acordo com os dados do texto o genoma do SARS-CoV-2 apresenta um grau de semelhança com o BatCoV RaTG13 de 96% logo uma diferença de 4%.



Baseado em DOI: 10.1128/MMBR.00059-12

Documento 2

1. (D). Trata-se de uma classificação vertical, que considera relações evolutivas baseadas em análises moleculares.
2. Pela análise da figura 6 podemos deduzir que na região analisada o vírus mais parecido com o do SARS-COV-2 é o do Pangolim (GD Pangolin Cov), uma vez que apresentam os mesmos aminoácidos. Quer portanto isto dizer, que o genoma destas regiões, responsável pela codificação destes aminoácidos das proteínas S apresentará um grau de semelhança muito elevado.
3. (D). Verifica-se que existem diferenças entre os vários coronavírus, devido a divergências evolutivas a partir de um ancestral comum registadas graficamente através das bifurcações.
4. (B). Os estudos referem-se a análises moleculares relativas ao RNA viral e proteínas virais.
5. O objetivo subjacente aos estudos realizados prende-se com a determinação da origem do coronavírus que causou o surto nos seres humanos.
6. No primeiro documento colocou-se a hipótese de que o SARS-CoV-2 terá tido origem nos morcegos que terão transmitido o vírus ao ser humano. No entanto, os estudos apresentados no documento 2 referem que em certas regiões existem diferenças assinaláveis em relação ao genoma do morcego, mas elevada correspondência com o genoma do pangolim, sugerindo que estes dois vírus estarão, na realidade, mais próximos do que aquilo que se pensava. Esta situação pode ser observada na figura 6, onde se constata uma grande semelhança nas proteínas virais entre o vírus que infeta o ser humano e o vírus do pangolim. Assim, a primeira hipótese parece não ser apoiada pelos estudos apresentados no documento 2.
7. Numa população, a variabilidade intraespecífica deve-se à variabilidade genética que resulta da ocorrência de mutações (fonte primária de variabilidade genética) e também de recombinações genéticas que ocorrem durante a reprodução sexuada ao nível da **meiose** (durante o **crossing-over**, na Prófase I e na Metafase I, a disposição aleatória dos **chromossomas homólogos** no plano equatorial) e da **fecundação** (junção aleatória de dois gâmetas).

Numa possível variação do **meio ambiente**, na luta pela sobrevivência, os indivíduos mais aptos tendem a ser selecionados (seleção natural) em detrimento dos menos aptos que serão progressivamente eliminados, por estarem em desvantagem. Os indivíduos mais aptos **reproduzem-se mais do que os menos aptos (reprodução diferencial)** pelo que irão prevalecer os descendentes cujas características genéticas lhes permitam estar mais aptos nas novas condições ambientais.

A variabilidade existente ao nível dos coronavírus, tal como se pode ver na figura 5, pode dever-se à ocorrência de mutações, seleção natural e recombinação. A intervenção humana pode ter colocado uma pressão seletiva mais severa sobre determinados tipos de coronavírus mais agressivos, como a que se registou em Wuhan, que pode ser mais agressiva e disseminada mais rapidamente. Contudo, variantes menos agressivas, podem ter aumentado em frequência relativa devido à pressão seletiva relativamente mais fraca. Essas descobertas apoiam fortemente a necessidade urgente de mais estudos abrangentes e imediatos que combinem dados genómicos, epidemiológicos e dos sintomas clínicos de pacientes com doença por coronavírus.