

Biologia e Geologia

11.º ano de escolaridade
Vítor Silva, 2020

Nas respostas aos itens de escolha múltipla, selecione a opção correta.

Documento 1

Cientistas chineses descrevem a forma como o coronavírus infeta os humanos

Uma equipa de investigadores descreveu de forma detalhada a forma como o novo coronavírus entra nas células humanas e causa uma infeção.

A COVID-19, também chamada Síndrome Respiratória Aguda Grave 2 (SARS-CoV-2), pelas semelhanças genéticas com o vírus que provocou o surto de 2003, é provocada por um vírus (+)ssRNA (do inglês, *positive-sense single-stranded RNA*), um tipo de RNA que funciona como mRNA, protegido pela cápside (invólucro de natureza proteica) e por um invólucro lipídico. O surto resultante da doença emergiu sob a forma de uma epidemia grave reivindicando milhares de vidas em todo o mundo. O genoma do SARS-CoV-2 partilha cerca de 80% da sua identidade com o do SARS-CoV e 96% com o coronavírus de morcego BatCoV RaTG13.

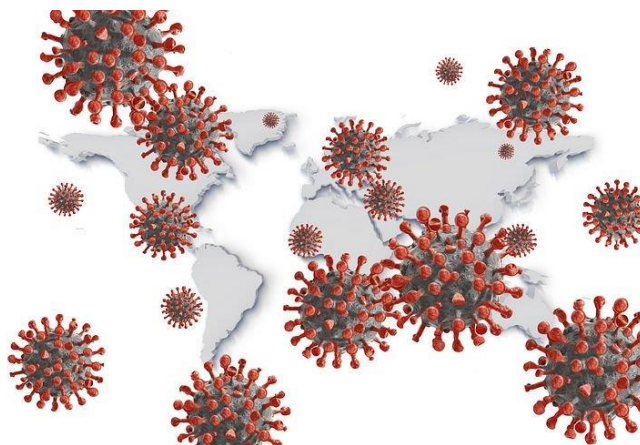


Figura 1. CoVid-19, uma pandemia mundial.

O vírus apresenta na sua membrana uma glicoproteína da espícula (proteína S) que medeia o reconhecimento de recetores e a fusão de membranas. Mapear a proteína da espícula, que existe na superfície do vírus é crucial para perceber o processo de fixação viral e a sua entrada na célula hospedeira.

Durante a infeção viral, a proteína S sofre clivagem nas subunidades S1 e S2. A primeira apresenta o domínio de ligação ao recetor (RBD – do inglês, *receptor binding domain*) que, quando se aproxima de uma célula hospedeira, liga-se ao domínio catalítico (PD – do inglês, *peptidase domain*) da enzima conversora da angiotensina 2 (ACE2). A segunda exerce um papel importante na fusão das membranas.

O papel fisiológico principal da ACE2 (uma enzima que integra o sistema renina-angiotensina-aldosterona) está relacionado com a maturação da angiotensina, uma hormona que controla a vasoconstrição e a pressão sanguínea cuja diminuição da sua expressão está associada a doenças cardiovasculares. A ACE2 é uma proteína membranar presente nas células dos pulmões, coração, rins e intestino. Ao nível das células intestinais a ACE2 também funciona como acompanhante do transportador B⁰AT1 de aminoácidos neutros, codificados pelo gene SLC6A19, num processo dependente de sódio. Não está ainda claro de que modo a ACE2 interage com o B⁰AT1.

O estudo incidiu sobre a estrutura do complexo humano ACE2-B⁰AT1 e do complexo formado entre o RBD do SARS-CoV-2 e o ACE2-B⁰AT1. Os cientistas injetaram células com um líquido que

arrefece o sistema a temperaturas criogénicas (inferiores a $-150\text{ }^{\circ}\text{C}$), congelando a união entre o vírus e a proteína. As células foram depois atingidas por eletrões, o que permitiu criar imagens do processo numa técnica que se chama crio-microscopia eletrónica.

Tal como esperado, o domínio catalítico da ACE2 liga-se com grande afinidade ao domínio RBD da subunidade S1 do vírus (Figura 2). Este contacto pode ocorrer em três regiões.

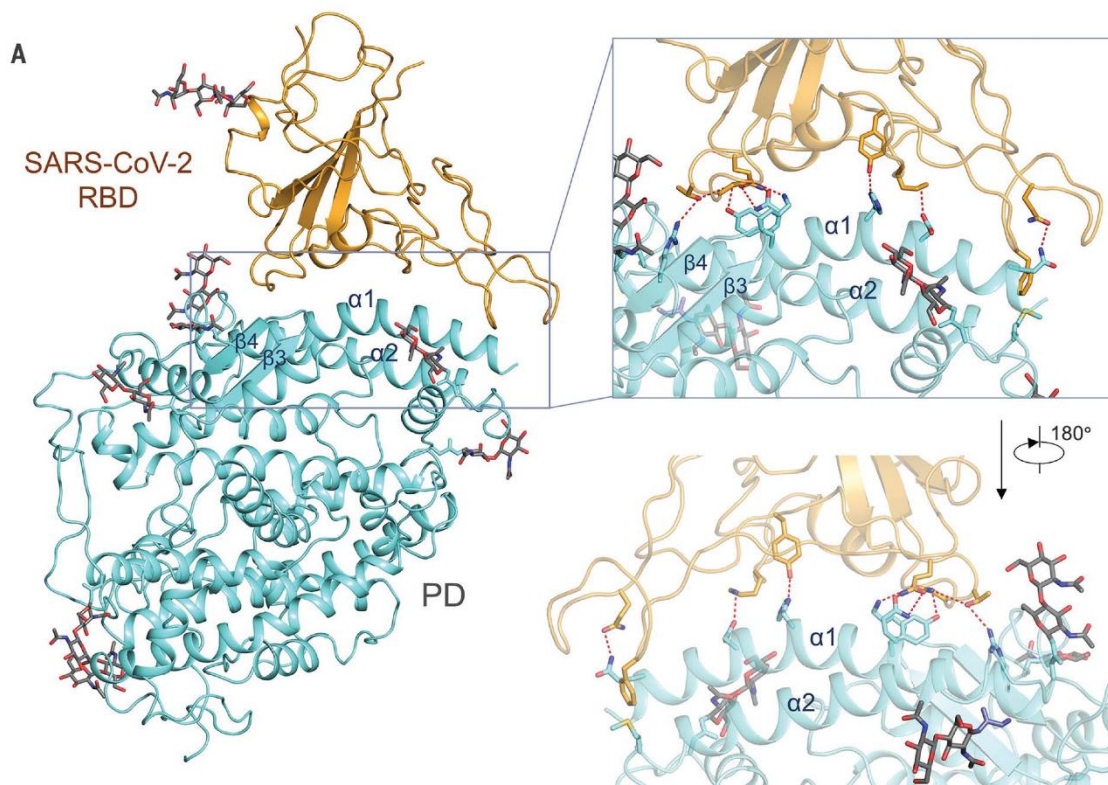


Figura 2. Interação entre o domínio RBD do SARS-CoV-2 (dourado) com o domínio catalítico (PD) da proteína ACE2 (azul). Imagem do microscópio crioelétrico (cryo-EM).

Ao comparar o SARS-CoV-2 com o SARS-CoV, apesar da sua grande semelhança, os resultados mostram que existem variações nas sequências de aminoácidos que conduzem a desvios conformacionais, nos domínios de interface com a ACE2, podendo afetar a afinidade desta pelo vírus. A alteração mais evidente verifica-se na região mediana, onde ocorre uma substituição do aminoácido Valina no SARS-CoV pelo aminoácido Lisina no SARS-CoV-2, a par de outros aminoácidos igualmente substituídos. Numa das extremidades também ocorrem algumas substituições.

As descobertas também sugerem que o transportador B⁰AT1 pode desempenhar um papel regulador nas infeções intestinais causadas por alguns coronavírus. Este estudo estrutural poderá contribuir para a compreensão da mecânica de infeção viral e o desenvolvimento de ligantes com uma afinidade melhorada à ACE2, ou à proteína S do coronavírus, ou o desenvolvimento de anticorpos neutralizantes para a supressão da infeção viral.

1. Os monómeros dos ácidos nucleicos do SARS-CoV-2 são denominados _____ e têm na sua constituição três componentes: um grupo fosfato, uma _____ e uma base azotada.

(A) nucleósidos ... desoxiribose
(B) nucleósidos ... pentose
(C) nucleótidos ... ribose
(D) nucleótidos ... desoxiribose

2. Por ter na sua constituição uma biomolécula o SARS-CoV-2 _____ considerado um ser vivo, uma vez que _____ dependente de células para conseguir proliferar.

(A) é ... está
(B) não é ... está
(C) é ... não está
(D) não é ... não está

3. Que tipo de ligação química se pode encontrar entre os monómeros que constituem o (+)ssRNA?

(A) pontes de hidrogénio
(B) iónicas
(C) Van der Waals
(D) fosfodiéster

4. De acordo com o estudo realizado a porta de entrada do SARS-CoV-2 nas células humanas ocorre através da proteína _____ localizada, por exemplo, nas células _____.

(A) S ... epidérmicas
(B) ACE2 ... intestinais
(C) B⁰AT1 ... musculares
(D) S ... cerebrais

5. Na formação das cadeias do genoma viral intervêm reações de _____ em que cada novo nucleótido liga-se pelo grupo fosfato ao carbono _____ da pentose do último nucleótido da cadeia.

(A) condensação ... 3'
(B) condensação ... 5'
(C) hidrólise ... 3'
(D) hidrólise ... 5'

6. O (+)ssRNA viral quando introduzido na célula hospedeira pode originar proteínas virais por _____, pelo que o genoma viral dos vírus apresenta _____.

- (A) transcrição ... codões
- (B) replicação ... anticodões
- (C) tradução ... codões
- (D) tradução ... anticodões

7. As biomoléculas estudadas que integram as espículas do coronavírus, são compostos _____ cujos monómeros apresentam dois grupos funcionais _____.

- (A) quaternários ... carboxilo e amina.
- (B) ternários ... carboxilo e amina.
- (C) quaternários ... carbonil e carboxil.
- (D) ternários ... carbonil e carboxil.

8. O esquema da [figura 3](#) representa a estrutura do vírus SARS-CoV-2. Assinale a afirmação que corresponde corretamente à sua legenda.

- (A) 1. Cápside; 2. Invólucro lipídico; 3. RNA
- (B) 1. Invólucro lipídico; 2. RNA; 3. Cápside
- (C) 1. RNA; 2. Cápside; 3. Invólucro lipídico
- (D) 1. Invólucro lipídico; 2. Cápside; 3. RNA

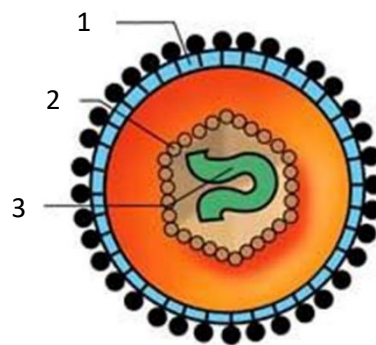


Figura 3. Estrutura viral.

9. Analise as afirmações que se seguem relativas à formação de novos vírus do SARS-CoV-2. O +RNA é equivalente a uma molécula de mRNA.

Reconstitua a sequência temporal dos acontecimentos mencionados, segundo uma relação causa-efeito, colocando por ordem as letras que os identificam. Note que uma das afirmações **está errada**, pelo que a deve excluir da sua resposta.

- A. Transcrição da cadeia de +RNA viral na sua cadeia complementar de -RNA, a partir da RNA polimerase viral.
- B. Ligação dos ribossomas à extremidade 5' da cadeia de RNA.
- C. Infecção inicial de uma célula hospedeira pelo +RNA viral.
- D. Síntese de novas cadeias de +RNA virais a partir de uma molécula de RNA molde.
- E. Ligação dos ribossomas à extremidade 3' da cadeia de RNA.
- F. Montagem e libertação de novos vírus.
- G. Síntese de proteínas virais, entre as quais RNA polimerase viral.

10. Faça corresponder a cada uma das afirmações da coluna A o respetivo termo ou expressão da coluna B que as identifica. Utilize cada letra e cada número apenas uma vez.

COLUNA A	COLUNA B
<p>(a) Vários codões podem codificar o mesmo aminoácido.</p> <p>(b) Tipo de RNA mais abundante na célula.</p> <p>(c) Leitura simultânea de uma molécula de mRNA por um grupo de ribossomas.</p> <p>(d) Grupo de três ribonucleótidos que permite codificar um aminoácido.</p> <p>(e) Proteína que catalisa a adição de ribonucleótidos à extremidade 3' da cadeia polidesoxirribonucleica.</p>	<p>(1) rRNA</p> <p>(2) Codão</p> <p>(3) mRNA</p> <p>(4) Polirribossoma</p> <p>(5) Degenerescência</p> <p>(6) Não-ambiguidade</p> <p>(7) Exão</p> <p>(8) RNA polimerase</p>

11. Estudos genómicos realizados indicam que existe uma diferença de _____ entre o genoma SARS-CoV-2 e o genoma do _____.

- (A) 4% ... BatCoV RaTG13
- (B) 96% ... BatCoV RaTG13
- (C) 25% ... SARS-CoV
- (D) 80% ... SARS-CoV

Documento 2

Variações moleculares e pressões seletivas durante a evolução do SARS-Cov-2 e outros vírus relacionados

Nos mercados de animais vivos na Província de Guangdong, na China, estudos realizados permitiram recolher dados epidemiológicos acerca do vírus SARS-CoV. Vários animais, por exemplo da espécie *Paguma larvata*, um mamífero carnívoro, acusaram positivo, situação que não se verificou nos animais em estado selvagem. Este animal poderá ser, por isso, um hospedeiro intermediário do vírus. Por outro lado, os morcegos-ferradura selvagens, que também podem ser encontrados à venda e são servidos em alguns restaurantes chineses apresentaram níveis detetáveis de anticorpos contra SARS-CoV, sugerindo uma origem provável para o vírus.

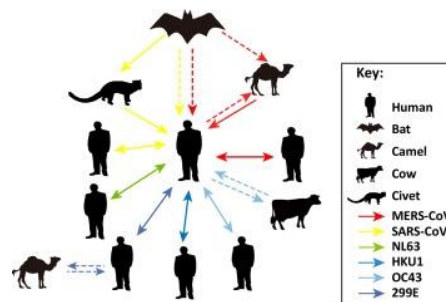


Figura 4. Transmissão intra e interespecífica dos coronavírus humanos.

Foi proposta uma relação evolutiva entre coronavírus e morcegos, na qual o ancestral do SARS-CoV se espalhou pela primeira vez em morcegos até chegar a atingir, eventualmente, o ser humano (Figura 5).

Por outro lado, outros estudos demonstraram que apesar de uma diferença média de apenas 4% entre o genoma do SARS-CoV-2 e o genoma do coronavírus do morcego (RaTG13), existem determinadas regiões do primeiro com uma diferença de quase 17% em relação ao segundo.

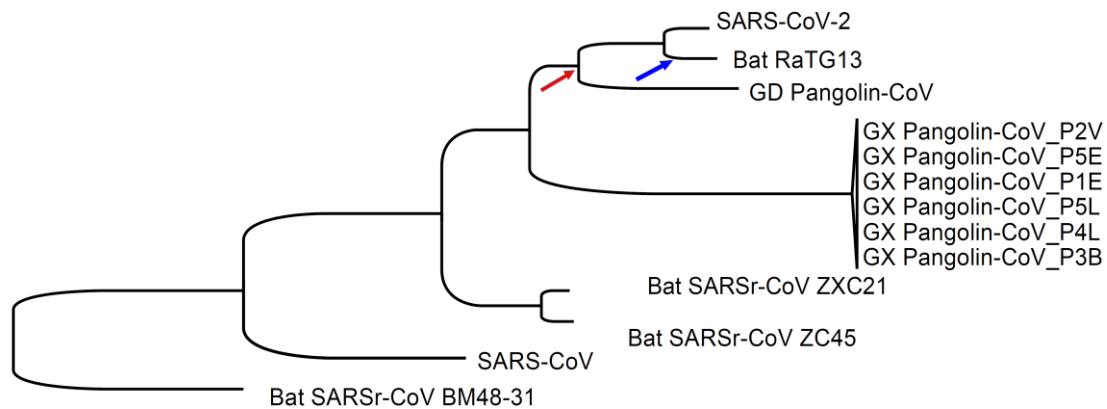


Figura 5. Árvore filogenética dos coronavírus, com destaque para o SARS-Cov-2.

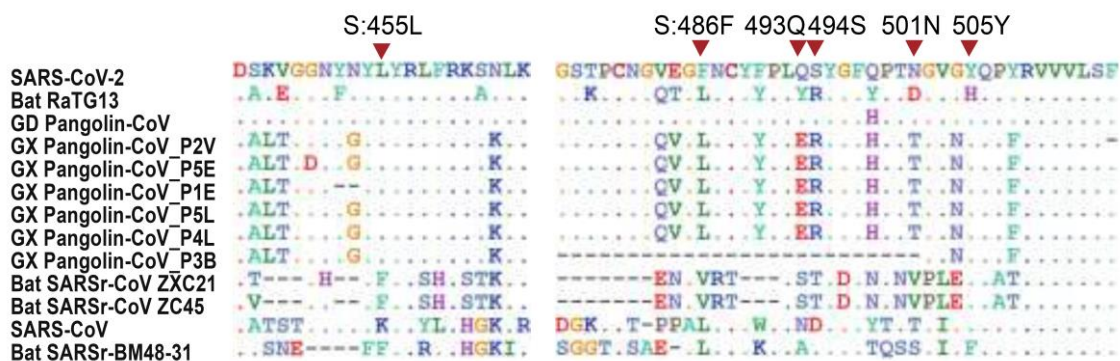


Figura 6. Comparação dos aminoácidos de 6 locais ativos críticos das proteínas da espícula (proteínas S) entre diferentes coronavírus.

Baseado em <https://doi.org/10.1093/nsr/nwaa036>
Baseado em DOI: 10.1128/MMBR.00059-12

1. A árvore filogenética apresentada na figura 5 é considerada uma classificação...
 - (A) ... natural, porque se baseia em critérios bioquímicos e considera relações evolutivas.
 - (B) ... prática, tendo em conta o interesse que alguns dos animais têm para o comércio.
 - (C) ... artificial, porque considera poucas informações.
 - (D) ... vertical, uma vez que considera critérios bioquímicos e apresenta relações evolutivas.
2. Através da comparação apresenta na figura 6 indique, justificando, qual dos vírus apresentou maior semelhança com o SARS-CoV-2 na região que foi analisada.

3. As bifurcações apresentadas na figura 5 correspondem a momentos de...
- (A) ... convergência, dadas as semelhanças entre o genoma de alguns vírus.
 - (B) ... divergência, por situações de analogias que se podem encontrar em alguns genomas.
 - (C) ... convergência, por situações de homologias que se podem encontrar em alguns genomas.
 - (D) ... divergência, dadas as diferenças registadas em vários animais onde o vírus foi analisado.
4. Para o estabelecimento das relações filogenéticas entre os diversos corona vírus e o SARS-CoV-2, foi importante a realização de estudos...
- (A) ... citológicos.
 - (B) ... bioquímicos.
 - (C) ... paleontológicos.
 - (D) ... anatómicos.
5. Depois da análise que fez dos dois documentos, indique qual foi o objetivo subjacente aos estudos que foram realizados.
6. Através da análise dos dois documentos explique qual foi a hipótese sugerida no primeiro documento relativa à origem do SARS-CoV-2 responsável pela infeção dos seres humanos e se esta foi ou não apoiada pelos estudos apresentados no documento 2. Na sua resposta deve ter em consideração os resultados expressos nas figuras 5 e 6.
7. Considere os processos responsáveis pela variabilidade intraespecífica numa determinada população e a seleção natural. À luz de uma perspetiva neodarwinista e de acordo com os mecanismos associados à proliferação do SARS-CoV em vários seres vivos, apresente razões para o surgimento de modificações deste vírus capazes de provocar surtos com um impacto tão negativo.