1**.** (Fuvest-Ete 2022) A protease Mpro do SARS-CoV-2 é essencial para o processamento de poliproteínas virais dentro das células humanas. Um fármaco capaz de inibir essa enzima seria capaz de inibir a replicação do vírus. Baseando-se na estrutura tridimensional da Mpro, pesquisadores produziram um fármaco capaz de se ligar de forma transitória ao sítio ativo dessa protease. Em um ensaio *in vitro*, esse fármaco inibiu a atividade da protease. Porém, quanto mais poliproteínas virais na reação, menor foi a inibição observada. Esse fármaco pode ser classificado como um inibidor

a) alostérico.

b) inespecífico.

c) irreversível.

d) reversível não-competitivo.

e) reversível competitivo.

**Resposta:**

[E]

O fármaco em questão liga-se de forma transitória com a enzima, sendo um processo reversível. Competitivo porque impede a ligação da enzima como o seu substrato usual quando este se encontra em menor concentração no meio. Quanto mais poliproteínas virais presentes, menor foi a inibição observada.

Comentários:

O inibidor alostérico liga-se a uma enzima em locais diferentes do sítio ativo. A forma do sítio ativo é modificada impedindo a sua ligação ao substrato. As enzimas alostéricas normalmente possuem múltiplos sítios ativos situados em subunidades proteicas distintas. A inibição enzimática inespecífica é aquela em que o agente inibidor age como um desnaturante, inibindo a atividade catalítica de todas as enzimas. O inibidor enzimático irreversível se liga de forma permanente ao sítio ativo das enzimas bloqueando a sua ação catalítica. Os inibidores reversíveis se ligam às enzimas por meio de interações moleculares não covalentes, as quais sendo instáveis se rompem com facilidade, tornando a enzima apta à sua atividade. Os inibidores competitivos se assemelham muito ao substrato e podem ligar-se ao sítio ativo da enzima formando um complexo enzima-substrato que inativa a ação da enzima alvo.

2**.** (Fuvest-Ete 2022) Uma rede de inteligência artificial (IA) desenvolvida pela empresa *DeepMind* do *Google*, conseguiu determinar a forma 3D de uma proteína a partir de sua sequência de aminoácidos. Em uma escala de 100 pontos de precisão, o programa atingiu aproximadamente 90.

O sistema, chamado *AlphaFold* superou cerca de 100 outras equipes em um desafio de previsão de estrutura de proteína chamado *Criticai Assessment of Structure Prediction* (CASP). Os resultados foram divulgados nesta segunda-feira (30) em um artigo na *Nature*.

Inteligência artificial do Google resolve um dos maiores desafios da ciência. *Revista Galileu*, 30/11/2020. Disponível em: https://revistagalileu.globo.com/.

O *AlphaFold* pode ser uma poderosa ferramenta em Bioquímica porque

a) é difícil determinar a sequência de aminoácidos que compõem uma proteína.

b) é a única forma possível de se determinar a estrutura tridimensional de uma proteína.

c) a função de uma proteína está associada à sua estrutura tridimensional.

d) torna possível controlar o funcionamento de uma proteína dentro da célula.

e) é impossível determinar a função de uma proteína sem saber a sua estrutura tridimensional.

**Resposta:**

[C]

O sistema *AlphaFold* conseguiu determinar a forma tridimensional de uma proteína a partir de sua sequência de aminoácidos e, consequentemente, permitir o conhecimento profundo de sua função.

Comentários:

Atualmente existem várias técnicas relativamente rápidas para determinar a sequência exata dos aminoácidos das proteínas. O sistema *AlphaFold* não é a única forma possível de se determinar a sequência dos aminoácidos de uma proteína, a exemplo da espectrometria de massa, a reação de degradação de Edmam ou a partir da sequência do DNA ou do RNAm que codifiquem a proteína, se ela for conhecida. Não é impossível determinar a função de uma proteína sem saber a sua estrutura tridimensional.

3**.** (Fuvest-Ete 2022) O vírus SARS-CoV-2 tem na sua estrutura uma molécula de RNA, uma bicamada lipídica e quatro proteínas estruturais: *N* (nucleocapsídeo viral), *M* (proteína de membrana), *S* (glicoproteina de pico, ou *spike*) e *E* (proteína de envelope). *N* envolve o genoma do vírus; *M*, *S* e *E* ficam ligadas à bicamada lipídica. *M* é importante para a estabilidade e montagem do vírus. *S* é responsável por se ligar à porção polar de receptores da célula hospedeira e iniciar a invasão viral. *E* forma um canal iônico na membrana do vírus. Sobre essas proteínas, é correto afirmar que

a) *N* está associada ao DNA do vírus.

b) *M* não possui porções apolares.

c) *S* possui uma porção polar e uma porção apolar.

d) *E* está associada a açúcares.

e) *N*, *M* e *S* são proteínas globulares.

**Resposta:**

[C]

A glicoproteína *S* (*spike*) necessária para a ligação polar com os receptores das células hospedeiras possui uma região apolar mergulhada no envelope lipídico do vírus.

Comentários:

O vírus SARS-CoV-2 contém o RNA senso positivo como material genético. Sendo *M* uma proteína de membrana, ela necessariamente possui regiões apolares. A proteína é faz parte do envelope viral e não está associada com açúcares. As proteínas *M*,*N* e *S* não são globulares.

4**.** (Uece 2021) Em relação aos aminoácidos e proteínas, assinale a afirmação verdadeira.

a) Aminoácidos são compostos orgânicos formados por carbono, oxigênio e nitrogênio, e alguns ainda contêm átomos de enxofre.

b) Alanina, Glicina e Glutamina são aminoácidos essenciais produzidos pelo corpo humano.

c) As proteínas, quando compostas unicamente de aminoácidos, são chamadas de proteínas simples, como é o caso da albumina.

d) As proteínas de um tatu bola e um tatu peba são semelhantes entre si e também se assemelham com as proteínas do mandacaru.

**Resposta:**

[C]

[A] Incorreta. Os aminoácidos são moléculas orgânicas formadas por átomos de carbono, hidrogênio, oxigênio e nitrogênio, e alguns podem conter átomos de enxofre.

[B] Incorreta. Os aminoácidos essenciais são aqueles que não são sintetizados pelo corpo humano e devem ser consumidos através da alimentação; enquanto que os aminoácidos não essenciais são sintetizados pelo corpo humano, como alanina, glicina e glutamina.

[D] Incorreta. Os aminoácidos que formam as proteínas são os mesmos, mas as proteínas podem ser diferentes, dependendo da quantidade de aminoácidos e as sequências na cadeia polipeptídica.

5**.** (Unicamp 2020) Um dos pratos mais apreciados pelos brasileiros é o tradicional arroz com feijão, uma combinação balanceada de diversos nutrientes importantes para a saúde humana.

a) A combinação de arroz e feijão fornece todos os aminoácidos essenciais ao organismo. A tabela abaixo apresenta variações na quantidade de alguns aminoácidos essenciais por categorias de alimentos.

|  |  |
| --- | --- |
| Aminoácidos essenciais | Categorias de alimentos |
| Milho | Arroz | Feijão | Soja | Verduras | Gelatina |
| Metionina |  |  |  |  |  |  |
| Isoleucina |  |  |  |  |  |  |
| Leucina |  |  |  |  |  |  |
| Lisina |  |  |  |  |  |  |
| Fenilalanina |  |  |  |  |  |  |
| Treonina |  |  |  |  |  |  |
| Triptofano |  |  |  |  |  |  |
| Valina |  |  |  |  |  |  |
| **LEGENDA** |  alta quantidade do aminoácido presente no alimento baixa quantidade do aminoácido presente no alimentoquantidade ideal do aminoácido presente no alimento |

Considere uma época de escassez em que é necessário substituir o feijão do combinado “arroz e feijão” por outro alimento. Tendo como base as informações fornecidas, que alimento da tabela poderia ser escolhido? Justifique sua resposta.

b) Considere a seguinte afirmação: “O arroz, embora seja um alimento saudável, deve ser consumido por uma pessoa com diabetes tipo 2 sob orientação profissional para controle de glicemia.” Explique a afirmação, levando em consideração as transformações que o arroz sofre na digestão e as características do diabetes tipo 2.

**Resposta:**

a) O alimento que poderia substituir o feijão seria a soja, pois ambos possuem os mesmos aminoácidos essenciais, exceto pelo triptofano, a mais na soja.

b) O arroz contém grande quantidade de carboidrato que, com a digestão, forma glicose como fonte de energia; no diabetes do tipo 2, a insulina que transporta glicose para as células não é usada adequadamente, mantendo altos os níveis de glicose no sangue e baixos nos tecidos, afetando a atividade celular; suas características são: cansaço, grande volume de urina, presença de glicose na urina, emagrecimento, fraqueza, muita sede, problemas na cicatrização de ferimentos e alterações na visão.

6**.** (Ufu 2020) Considere o segmento da cadeia de aminoácidos da proteína de uma espécie de planta.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **GCC** | **CUC** | **GUG** | **CGA** | **UUA** | **GGA** |
| alanina | leucina | valina | arginina | Leucina | glicina |

Após a substituição da 1ª base nitrogenada em um dos códons desse segmento, a proteína passou a apresentar duas glicinas. Considere a tabela do código genético abaixo.



Assinale a alternativa que apresenta o aminoácido substituído.

a) Alanina.

b) Arginina.

c) Leucina.

d) Valina.

**Resposta:**

[B]

O aminoácido arginina (CGA) será substituído pelo aminoácido glicina, pois a sua primeira base nitrogenada, citosina (C), será substituída pela base nitrogenada guanina (G), formando GGA, correspondente ao aminoácido glicina.

**Resumo das questões selecionadas nesta atividade**

**Data de elaboração:** 25/11/2021 às 09:04

**Nome do arquivo:** PROTEÍNAS 2021

**Legenda:**

Q/Prova = número da questão na prova

Q/DB = número da questão no banco de dados do SuperPro®

**Q/prova Q/DB Grau/Dif. Matéria Fonte Tipo**

1 202970 Elevada Biologia Fuvest-Ete/2022 Múltipla escolha

2 202976 Elevada Biologia Fuvest-Ete/2022 Múltipla escolha

3 202969 Elevada Biologia Fuvest-Ete/2022 Múltipla escolha

4 202608 Média Biologia Uece/2021 Múltipla escolha

5 191250 Média Biologia Unicamp/2020 Analítica

6 201410 Média Biologia Ufu/2020 Múltipla escolha