

Poliana Rossi
Milheiro

Bioquímica simplificada:

explorando a vida no nível molecular



CENTRO UNIVERSITÁRIO
SÃO CAMILO

© Copyright 2024. Centro Universitário São Camilo.
TODOS OS DIREITOS RESERVADOS.
Bioquímica simplificada: explorando a vida no nível molecular.

Centro Universitário São Camilo

REITOR

João Batista Gomes de Lima

VICE-REITOR e PRÓ-REITOR ADMINISTRATIVO

Francisco de Lélis Maciel

PRÓ-REITOR ACADÊMICO

Carlos Ferrara Junior

Produção editorial

Coordenadora Editorial

Bruna San Gregório

Analista Editorial

Cintia Machado dos Santos

Assistente Editorial

Bruna Diseró

Autora

Poliana Rossi Milheiro

Organizadora:

Thaís Fabiana Gameiro Lucas

M588

Milheiro, Poliana Rossi

Bioquímica simplificada: explorando a vida no nível molecular / Poliana Rossi Milheiro. -- São Paulo: Setor de Publicações - Centro Universitário São Camilo, 2024.

63 p.

ISBN 978-65-86702-75-0

1. . Carboidratos 2. Proteínas 3. Lipídios I. Título

CDD: 574.192

Ficha Catalográfica elaborada pela Bibliotecária Ana Lucia Pitta
CRB 8/9316



É PROIBIDA A REPRODUÇÃO TOTAL OU PARCIAL DE TEXTOS,
SEM PRÉVIA AUTORIZAÇÃO.

SUMÁRIO

1

BIOQUÍMICA
E O ORGANISMO.....5

2

ESTRUTURAS E
FUNÇÕES DAS
BIOMOLÉCULAS.....17

3

CATÁLISE DE
PROCESSOS.....44

REFERÊNCIAS
ILUSTRAÇÕES.....58

APRESENTAÇÃO

A idealização desse e-book nasceu da necessidade de simplificar o conteúdo da disciplina, trazer um texto mais claro e objetivo sobre os temas abordados, como as estruturas químicas que participam das funções do corpo. O texto traz uma linguagem clara e focada na bioquímica e nas funções celulares e, de um modo geral, as funções orgânicas de maneira simples e descomplicada. O e-book, conta com ilustrações em todos os capítulos, deixando mais preciso e de fácil contextualização. Aqui as biomoléculas estão descritas de maneira descomplicada e leve, facilitando o aprendizado; além disso, a intenção é mostrar o quanto é importante o estudo dos carboidratos, dos lipídios e das proteínas, uma vez que são essas moléculas que orquestram as funções orgânicas. Outro tema discutido no e-book é o Sistema tampão, que é essencial para o equilíbrio do pH plasmático e importante para as funções orgânicas. Desse modo, o e-book, traz informações relevantes e essenciais para os alunos da área da saúde. Percebemos que a todo momento a bioquímica é importante para a nossa sobrevivência, e entendê-la de maneira mais leve é essencial para o futuro desse profissional.

Esperamos que apreciem e aproveitem o conteúdo do produto gerado no Programa de Monitoria (Edital 006/2023) em “Estrutura Bioquímica da Atividade Molecular e Celular” e da monitora Poliana Rossi Milleiro, que participou ao longo do ano de 2023. Todas as imagens presentes neste e-book foram retiradas dos principais livros de bioquímica, e várias foram elaboradas pela monitora do programa, com uso de programas de imagens e edição. Este produto foi desenvolvido no *campus* Pompeia, do Centro Universitário São Camilo de São Paulo, sob orientação da professora Thaís F. G. Lucas do CUSC-SP.

CAPÍTULO 1

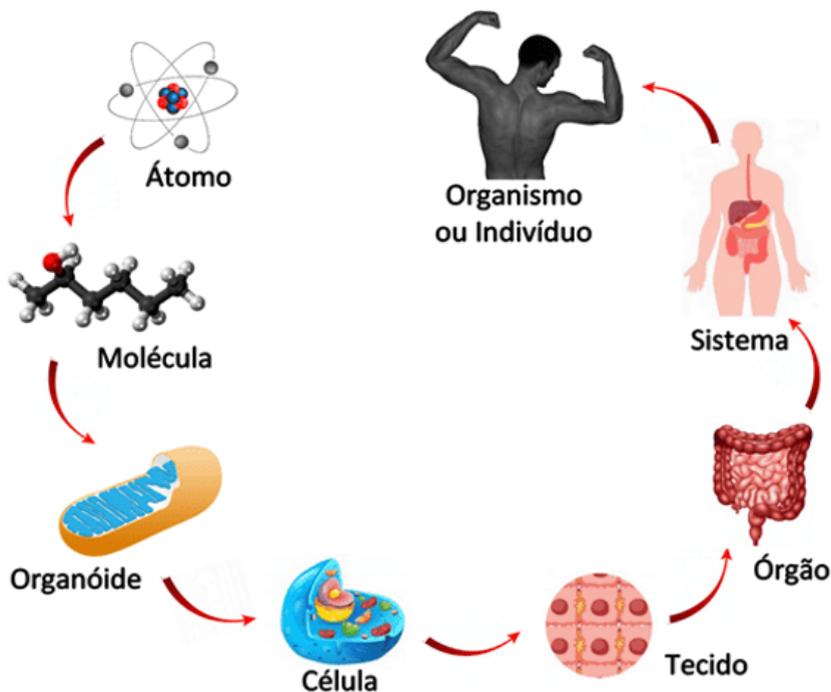
BIOQUÍMICA E O ORGANISMO

1. INTRODUÇÃO À BIOQUÍMICA

A vida humana carrega alta complexidade, tanto nos níveis microscópicos como nos macroscópicos. No entanto, todos os seres vivos, desde a mais simples bactéria ao organismo humano, possuem características em comum – todos utilizam energia e os mesmos tipos de biomoléculas (Campbell, 2018).

A semelhança fundamental entre as células de todos os tipos provoca curiosidade sobre a origem da vida. A escala de complexidade das estruturas do organismo humano começa nos átomos; a combinação de átomos formou moléculas simples que, por meio de reações originaram moléculas mais complexas que, juntas, resultaram nas organelas – componentes celulares. As células dão origem aos tecidos, e estes aos órgãos, que finalmente compõem, em conjunto, o sistema corporal do organismo (Campbell, 2018).

Figura 1 – Fluxograma dos níveis de organização estrutural no corpo humano



Fonte: Mira, 2022.

A bioquímica é o estudo dos processos da vida a partir da química. A curiosidade científica relacionada a este campo do saber permitiu desvendar mistérios fundamentais de como, em nível bioquímico, os seres vivos funcionam (Berg, 2021).

Os seres vivos são constituídos por uma grande variedade de biomoléculas complexas, como dito anteriormente, que, por meio de várias reações químicas, exercem atividades que possibilitam o crescimento, a reprodução e a sobrevivência. Para que isto ocorra, é necessário a capacidade de obter, transformar e utilizar energia (Motta, 2011).

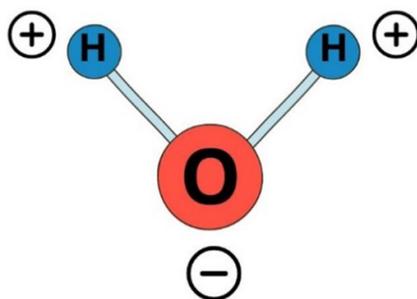
Na bioquímica são examinadas as estruturas, organizações e atividades potenciais das biomoléculas, na tentativa de explicar os aspectos indispensáveis que contribuem para a manutenção da vida (Motta, 2011).

2. IMPORTÂNCIA DA ÁGUA NOS ORGANISMOS VIVOS

A água é a substância mais abundante no corpo humano; está presente como principal componente na maioria das células e é encontrada, também, fora dessas estruturas (interstício). Possui diversos papéis fundamentais para o organismo, tais como: transporte e eliminação de substâncias, regulação da temperatura corporal, participação nas reações químicas, equilíbrio osmótico e acidobásico do organismo (Motta, 2011).

Sua estrutura é formada por dois átomos de hidrogênio (H) ligados, por ligação covalente, a um átomo de oxigênio (O). O compartilhamento dos elétrons entre o H e O é desigual, gerando assim dois dipolos elétricos na molécula de água e, devido a isto, podemos denominá-la "molécula polar (*)" (Motta, 2011).

Figura 2 – Representação da estrutura da molécula de água



Fonte: próprios autores, 2024.

Devido à sua polaridade, a água é conhecida como o “solvente universal”. Essa propriedade permite que ela dissolva íons, como sódio, potássio e cloro, além de várias moléculas polares, como açúcares e aminoácidos (Motta, 2011).

Por outro lado, moléculas apolares (por exemplo: lipídios e alguns aminoácidos) são pouco solúveis em água, tendendo a se aglomerarem (interações hidrofóbicas), o que possibilita a formação de estruturas como a membrana plasmática das células e os dobramentos proteicos (Motta, 2011; Campbell, 2018).

2.1 Ligações de hidrogênio

As moléculas de água são unidas por ligações de hidrogênio. Devido à formação de polos, o átomo de hidrogênio, que está ligado covalentemente a um átomo eletro-negativo (oxigênio), possui carga parcial positiva. Essa carga atrai o oxigênio parcialmente negativo de outra molécula de água adjacente, formando uma ponte de hidrogênio (Motta, 2011; Campbell, 2018).

Figura 3 – Representação das ligações unidas por pontes de hidrogênio



Fonte: Brown, 2018.

A importância das ligações de hidrogênio para evolução da vida tem sido especulada por diversos bioquímicos renomados. Praticamente todas as propriedades exclusivas da água resultam de sua capacidade de formar pontes de hidrogênio. Apesar da força de uma ponte de hidrogênio individual ser fraca, o conjunto de várias ligações simultâneas exerce uma força muito poderosa. Estas ligações têm um envolvimento essencial na estabilização da estrutura tridimensional de moléculas biologicamente importantes, tais como: proteínas, DNA e o RNA (Campbell, 2018).

(*) O que é polaridade

Em uma ligação de dois átomos que possuem a mesma eletronegatividade, os elétrons são compartilhados igualmente entre ambos. Entretanto, se a eletronegatividade for diferente, grande parte da carga negativa (elétrons) é encontrada mais próxima a um deles (Campbell, 2018).

Um exemplo prático disso está nas ligações entre o oxigênio e o hidrogênio na água; o oxigênio possui eletronegatividade maior que o hidrogênio, sendo assim, os elétrons de ligação ficarão mais próximos do oxigênio do que do hidrogênio. Esta diferença de eletronegatividade, entre os átomos, gera uma carga parcial positiva (hidrogênio) e negativa (oxigênio), ou seja, há formação de polos, sendo nomeada de “ligações polares” (Campbell, 2018).

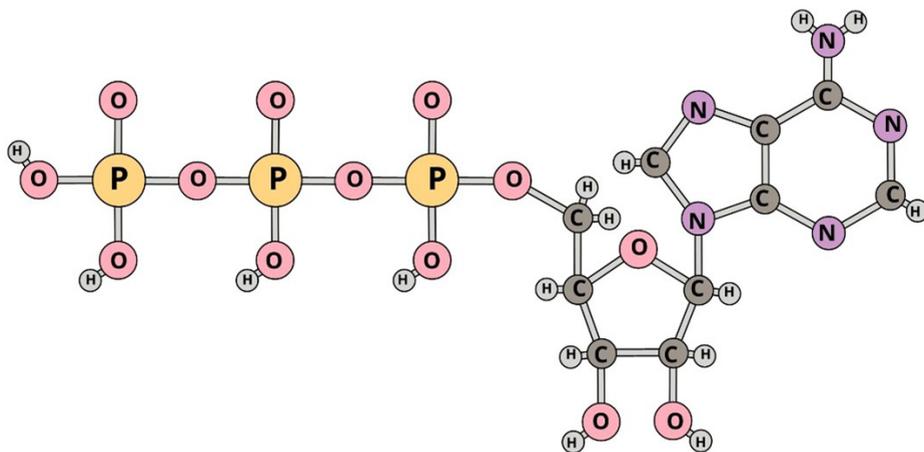
Nas situações em que a eletronegatividade de dois átomos é muito parecida, não há formação de polos, pois o compartilhamento de elétrons é praticamente igual; nessa situação, a ligação é chamada de “apolar” (Campbell, 2018).

3. ENERGIA, NUTRIENTES, OXIGÊNIO E CÉLULAS

A fonte principal de energia para os processos vitais nos organismos é a molécula de ATP (adenosina trifosfato). O ATP é produzido pelas células do nosso corpo a partir da energia obtida por meio dos alimentos que consumimos (Campbell, 2018; Lodish, 2014).

Durante a digestão, os nutrientes presentes nos alimentos, como carboidratos, proteínas e gorduras, são quebrados em moléculas menores, como exemplo, a glicose. A glicose é uma molécula que é absorvida pelas células do nosso corpo e utilizada como substrato para a produção de ATP por meio da respiração celular. O ATP é então utilizado como fonte de energia para diversas funções celulares, tais como: contração muscular, síntese de proteínas e transporte ativo de íons e moléculas por meio das membranas celulares (Campbell, 2018; Lodish, 2014).

Figura 4 - Representação estrutural da molécula de adenosina trifosfato (ATP)



Fonte: próprios autores, 2024.

4. SISTEMAS TAMPONANTES

Os tampões do nosso organismo são sistemas essenciais para manter o equilíbrio ácido-base do nosso corpo. Eles são compostos por substâncias que têm a capacidade de absorver ou liberar íons de hidrogênio (H^+) em solução, mantendo o pH dentro de um intervalo relativamente estável (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).

Sendo assim, a fim de compreendermos com mais clareza o que são e como operam os sistemas tamponantes, é importante rever alguns conceitos fundamentais, como o potencial hidrogeniônico (pH) e os ácidos e bases de Bronsted.

4.1 Potencial hidrogeniônico (pH)

O pH é uma medida utilizada para expressar o grau de acidez, neutralidade ou alcalinidade de uma solução. Essa medida é baseada na concentração de íons hidrogênio (H^+) presentes na solução. O pH varia numa escala de 0 a 14, sendo 7 o valor considerado neutro. Soluções com pH menor que 7 são consideradas ácidas, enquanto soluções com pH maior que 7 são consideradas básicas (ou alcalinas) (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 5 – Representação da faixa numérica do potencial hidrogeniônico (pH)



Fonte: próprios autores, 2024.

Nota: quanto maior a quantidade de íons H^+ livres na solução, maior o seu caráter ácido, quanto menor a quantidade de íons H^+ livres na solução, maior seu caráter básico.

Para manter o bom funcionamento das estruturas moleculares presentes na composição celular e nos processos químicos do corpo humano, é crucial que o pH se mantenha constante. Qualquer variação, seja ela grande ou pequena, pode provocar modificações nessas moléculas e acarretar a perda de suas funções, o que é extremamente prejudicial para o organismo (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

4.2 Ácidos e bases de Bronsted

Bronsted definiu ácidos e bases a partir da capacidade dessas moléculas de doar ou receber um próton (um íon H^+). De acordo com a definição de Bronsted, um ácido é uma substância que doa um próton, enquanto uma base é uma substância que recebe um próton (*) (Marzzoco; Torres, 2022).

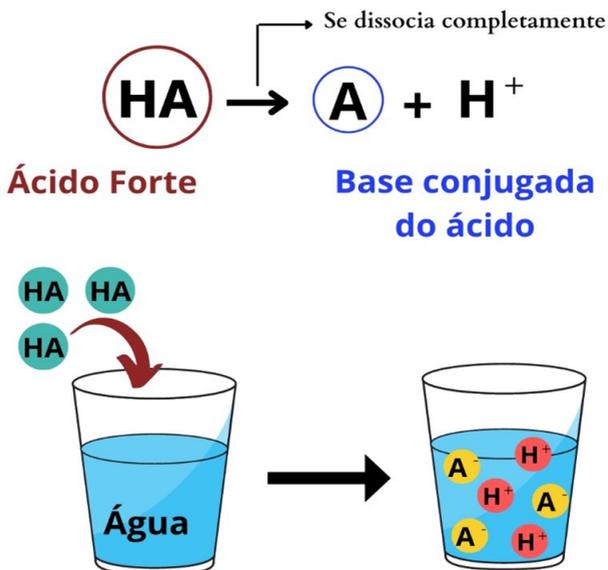
(*) O termo “próton” é utilizado pelos autores para se referir aos íons H^+ devido à sua carga positiva.

4.3 Ácido forte vs ácido fraco

A principal diferença entre um ácido forte e um ácido fraco está relacionada com a sua capacidade de ionização (dissociação) em solução aquosa (Marzzoco; Torres, 2022).

Um ácido forte é uma substância que, em solução aquosa, se ioniza (dissocia) completamente. Isso significa que em uma solução de ácido forte haverá uma alta concentração de íons H^+ e, portanto, um pH ácido (Marzzoco; Torres, 2022).

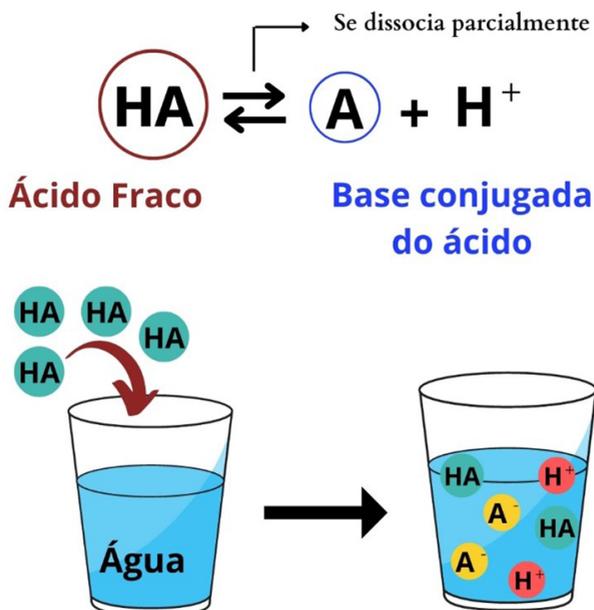
Figura 6 – Representação da dissociação de um ácido forte



Fonte: próprios autores, 2024.

Já um ácido fraco é uma substância que se ioniza (dissocia) parcialmente em solução aquosa, ou seja, o ácido fraco e os dois íons $[H^+]$ e $[A^-]$ coexistem na solução e estão em equilíbrio (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 7 – Representação da dissociação de um ácido fraco



Fonte: próprios autores, 2024.

4.4 Sistema Tampão

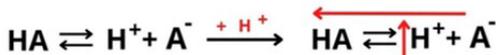
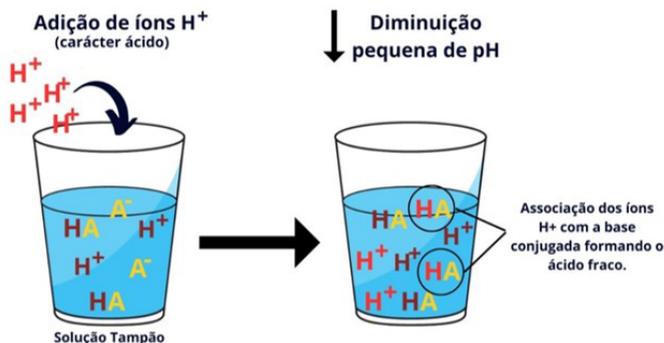
O sistema tampão tem grande importância na manutenção da vida, pois é responsável por manter o pH estável em organelas, células, órgãos e fluidos biológicos, mesmo quando há adição de ácidos ou bases no corpo. Ele é constituído por um ácido fraco e sua base conjugada, que pode doar ou receber prótons, conforme necessário, para manter o pH da solução relativamente constante (Marzzoco; Torres, 2022).

É importante salientar que a capacidade de atuação de um sistema tampão é limitada a uma faixa específica de pH e que sua eficiência depende diretamente de sua concentração. Caso o sistema esteja fora dessa faixa ou possua baixa concentração, sua capacidade de regulação do pH será comprometida (Marzzoco; Torres, 2022).

4.5 Ação do sistema tampão quando há excesso de íons H⁺ (carácter ácido)

Em uma solução em que há excesso de íons de hidrogênio, diminuindo o pH, os íons H⁺ se associam à base conjugada (A⁻), formando o ácido fraco (HA), estabilizando a reação. Dessa forma, o pH da solução pode diminuir, mas em uma quantidade muito menor do que ocorreria na ausência do sistema tampão (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 8 – Representação do funcionamento de uma solução tampão quando há adição de íons H⁺ na solução



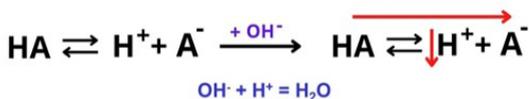
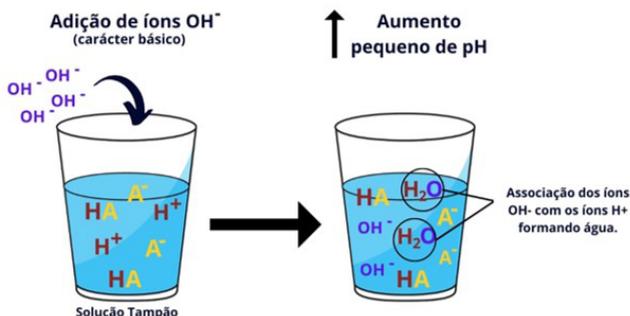
Fonte: próprios autores, 2024.

Nota: quando a quantidade de íons H⁺ aumenta, esses se ligam às bases conjugadas, pois, de acordo com Bronsted, bases são substâncias capazes de receber íons H⁺. Portanto, o resultado é a formação de mais ácido fraco (HA); como a maioria dos íons de hidrogênio não estão mais livres, o pH da solução é estabilizado.

4.6 Ação do sistema tampão quando há excesso de íons OH⁻ (carácter básico)

Quando há adição de íons OH⁻ na solução, esses se associam com os íons H⁺, formando água (H₂O). Essa reação facilita com que o ácido fraco se dissocie mais e, conseqüentemente, haverá a reposição de prótons (íons H⁺), o que evita que o pH da solução aumente significativamente (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 9 – Representação do funcionamento de uma solução tampão quando há adição de íons OH⁻ na solução



Fonte: próprios autores, 2024.

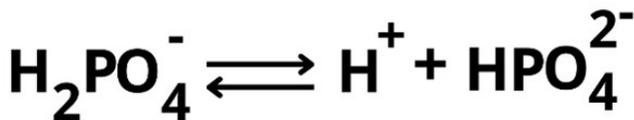
Nota: a formação da água na reação possibilita que o ácido fraco se dissocie mais um pouco, liberando íons H⁺ que ajudam a equilibrar o pH.

4.7 Tampões biológicos

Os tampões biológicos são encontrados nos seres vivos e são essenciais para a manutenção da vida. Alguns exemplos de tampões biológicos são:

Tampão fosfato: atua no citoplasma de toda as células, ajudando a manter o pH constante (Marzzoco; Torres, 2022).

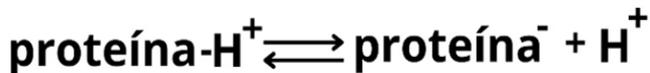
Figura 10 – Representação da equação química do tampão fosfato



Fonte: próprios autores, 2024.

Tampão proteico: o citoplasma das células apresenta uma elevada concentração de proteínas contendo muitos aminoácidos com grupos funcionais, que são ácidos ou bases fracas, como histidina e cisteína. Esses aminoácidos são capazes de doar ou receber íons H^+ , auxiliando na regulação do pH (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 11 – Representação da equação química do tampão proteico



Fonte: próprios autores, 2024.

Tampão bicarbonato: tem a função de manter o pH do sangue em um valor muito próximo de 7,4, sendo essencial para a manutenção da homeostase do organismo (Marzzoco; Torres, 2022).

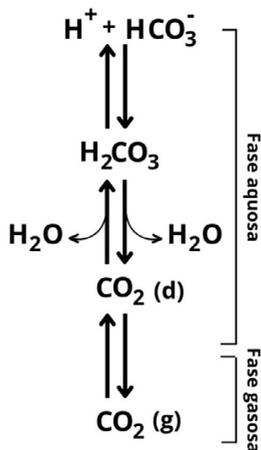
Figura 12 – Representação da equação química do tampão bicarbonato



Fonte: próprios autores, 2024.

Para que o sistema tampão bicarbonato funcione adequadamente no corpo humano, é necessário que haja uma concentração adequada tanto de ácido carbônico (H_2CO_3), que é o ácido fraco, quanto de bicarbonato (HCO_3^-) que é a base conjugada. No entanto, a concentração de H_2CO_3 é dependente da concentração de dióxido de carbono (CO_2 dissolvido) no sangue. Dessa forma, quanto maior a concentração de CO_2 dissolvido, maior será a concentração de H_2CO_3 . Por sua vez, a concentração de CO_2 dissolvido depende diretamente da concentração de CO_2 na fase gasosa, ou seja, da quantidade de CO_2 que está sendo respirada (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 13 – Representação esquemática do funcionamento do tampão bicarbonato



Fonte: próprios autores, 2024.

Portanto, podemos concluir que a concentração de CO_2 na fase gasosa tem um impacto direto na eficiência do sistema tampão bicarbonato em regular o pH sanguíneo (Marzzoco; Torres, 2022).

A seguir, será exemplificado como essas correlações funcionam.

Exemplo: Durante um exercício intenso, ocorre a produção de lactato no interior das células, as quais necessitam transportá-lo para o plasma sanguíneo. Esse processo também envolve o transporte de íons H^+ , o que pode levar à redução do pH sanguíneo. Para evitar que o pH diminua muito, o sistema tampão entra em ação – sua base conjugada (bicarbonato) se liga aos íons H^+ formando o ácido fraco (H_2CO_3) que perde uma molécula de água, resultando no CO_2 dissolvido. A alta concentração de CO_2 dissolvido faz com que a frequência respiratória aumente para que este seja liberado como CO_2 gasoso por meio da respiração.

Em conclusão, os sistemas tampão são essenciais para a manutenção do equilíbrio ácido-base nos seres vivos. Eles ajudam a prevenir grandes variações de pH, que poderiam ser prejudiciais para as células e os tecidos. Portanto, a compreensão de como os sistemas tampão atuam é de grande importância, visto que muitas doenças estão relacionadas com o desequilíbrio ácido-base no organismo.

CAPÍTULO 2

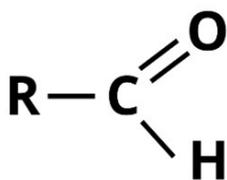
ESTRUTURAS E FUNÇÕES DAS BIOMOLÉCULAS

1. CARBOIDRATOS

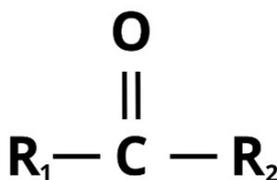
Os carboidratos ou hidratos de carbono são macromoléculas essenciais que desempenham múltiplos papéis na bioquímica. Eles são a principal fonte de energia para o nosso metabolismo e atuam como sinalizadores nas superfícies das células, auxiliando na comunicação entre células e no reconhecimento imunológico. Além disso, muitos carboidratos têm função estrutural, sendo componentes essenciais em diversos organismos, como nas plantas, em que eles compõem as paredes celulares. Alguns tipos de carboidratos, como o ácido hialurônico, também funcionam como lubrificante de articulações, contribuindo para a mobilidade e flexibilidade do corpo (Campbell, 2018).

Carboidratos são compostos por carbono (C), hidrogênio (H) e oxigênio (O), sendo que alguns podem conter também nitrogênio, fósforo ou enxofre, embora raramente. Os carboidratos são classificados em dois grandes grupos, sendo eles, poli-hidroxialdeídos (aldoses) ou poli-hidroxicetonas (cetose), dependendo de seu grupo funcional (unidade estrutural básica) ser um aldeído ou uma cetona, respectivamente (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 14 – Representação das unidades estruturais básicas dos carboidratos (grupo funcional)



Aldeído



Cetona

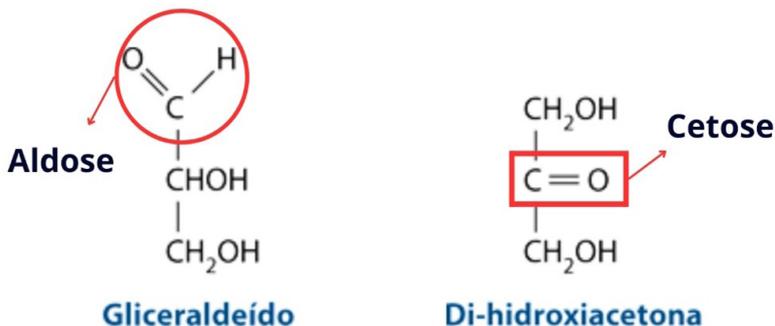
Fonte: próprios autores, 2024.

De acordo com o número de moléculas que os constituem, os carboidratos podem ser classificados em: monossacarídeos, oligossacarídeos e polissacarídeos.

1.1. Monossacarídeos

São as unidades básicas dos carboidratos, sendo compostos por uma única unidade de poli-hidroxialdeído ou poli-hidroxicetona. Eles são denominados de açúcares simples e apresentam-se como compostos incolores, solúveis em água e com sabor doce (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 15 – Representação das estruturas básicas dos monossacarídeos simples

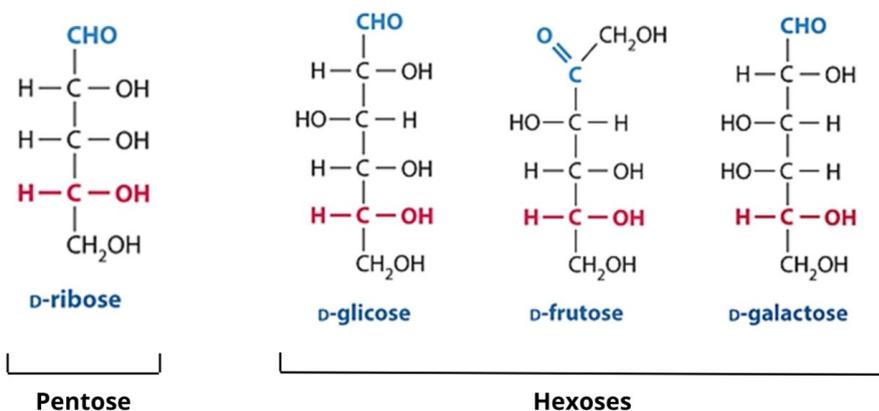


Fonte: Adaptado de Brown, 2018.

Os monossacarídeos podem ser classificados de acordo com o número de átomos de carbono presentes em sua molécula. Sendo assim, são designados como trioses quando apresentam três carbonos, tetroses (quatro carbonos), pentoses (cinco carbonos), hexoses (seis carbonos) e heptoses (sete carbonos) (Marzzoco; Torres, 2022).

As pentoses e as hexoses são os tipos de monossacarídeos mais frequentes na alimentação e no organismo. A ribose e a desoxirribose são exemplos de pentoses presentes no genoma humano; já a glicose (açúcar que circula no sangue), a frutose (açúcar das frutas) e a galactose (faz parte da lactose, o açúcar do leite) são exemplos de hexoses (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 16 – Representação da estrutura química da pentose e hexose



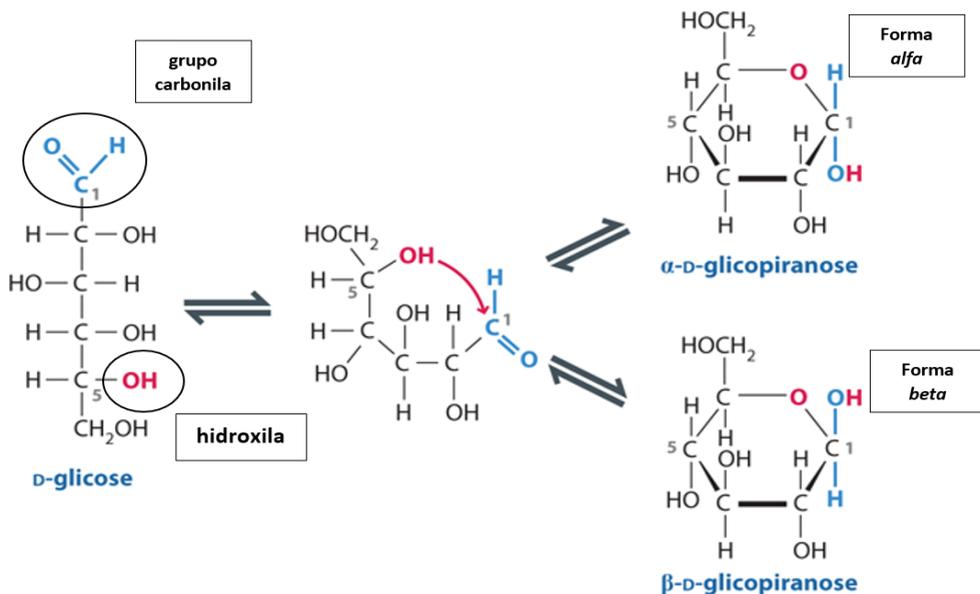
Fonte: Adaptado de Brown, 2018.

1.1.1 Formas cíclica apresentadas por alguns monossacarídeos

Em soluções aquosas, monossacarídeos com cinco ou mais carbonos em sua estrutura podem apresentar uma conformação cíclica, formando um anel. Isto ocorre devido à formação de uma ligação covalente entre o grupo carbonila e um dos grupos hidroxila da mesma molécula, resultado em uma estrutura anelar. Um exemplo disso é a molécula de glicose, em que o grupo carbonila forma uma ligação covalente com o oxigênio de um grupo hidroxila ao longo da cadeia (Marzzoco; Torres, 2022).

Dependendo da posição em que ocorre a ligação entre os grupos funcionais, podem ser formados diferentes tipos de anéis, como a forma alfa ou beta. Na forma alfa, o grupo hidroxila (-OH) do carbono 1 aponta para baixo do plano do anel, enquanto na forma beta, ele aponta para cima (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 17 – Representação da formação da forma cíclica da glicose



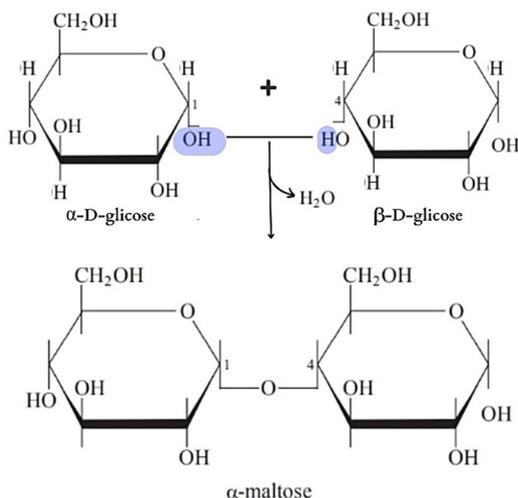
Fonte: Adaptado de Brown, 2018.

1.2 Oligossacarídeos

São carboidratos formados por um pequeno número de monossacarídeos (duas a dez unidades*) unidos por ligação glicosídica. Eles são considerados carboidratos de tamanho médio, em comparação com os monossacarídeos (unidade básica dos carboidratos) e os polissacarídeos (carboidratos de alto peso molecular) (Marzocco, 2022).

Ligação glicosídica: é uma ligação que ocorre entre dois monossacarídeos, em que o grupo hidroxila (-OH) de um monossacarídeo reage com o grupo hidroxila de outro monossacarídeo, resultando na liberação de uma molécula de água e na ligação entre os dois carbonos de cada monossacarídeo por intermédio de um oxigênio (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).

Figura 18 – Representação da ligação glicosídica da maltose



Fonte: Adaptado de Motta, 2011.

Os oligossacarídeos mais comuns são os dissacarídeos, que consistem em duas unidades de monossacarídeos ligadas por uma ligação glicosídica. Alguns exemplos de dissacarídeos incluem:

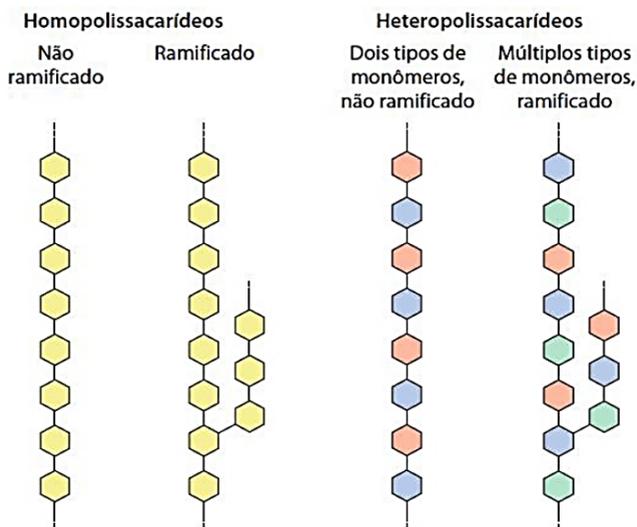
- Maltose: união entre duas glicoses (presente na cerveja);
- Lactose: união entre uma galactose com uma glicose; e
- Sacarose: união entre uma frutose e uma glicose.

1.3 Polissacarídeos

Os polissacarídeos são polímeros que se formam a partir da união de muitos monossacarídeos por meio de ligações glicosídicas, sendo a estrutura de carboidratos mais comum encontrada na natureza. De acordo com sua estrutura, quando um polímero é composto apenas por um tipo de monossacarídeo é denominado homopolissacarídeo, enquanto um polímero composto por mais de um tipo de monossacarídeo é chamado de heteropolissacarídeo (Campbell, 2018).

Além disso, os polissacarídeos podem ser ramificados ou lineares. Os lineares, ou não ramificados, são compostos por uma única cadeia, enquanto os ramificados possuem uma ou mais cadeias laterais de monossacarídeos ligadas à cadeia principal (Campbell, 2018).

Figura 19 – Classificação dos polissacarídeos quanto a sua estrutura

Fonte: Forster *et al.*, 2016.

Exemplos de polissacarídeos:

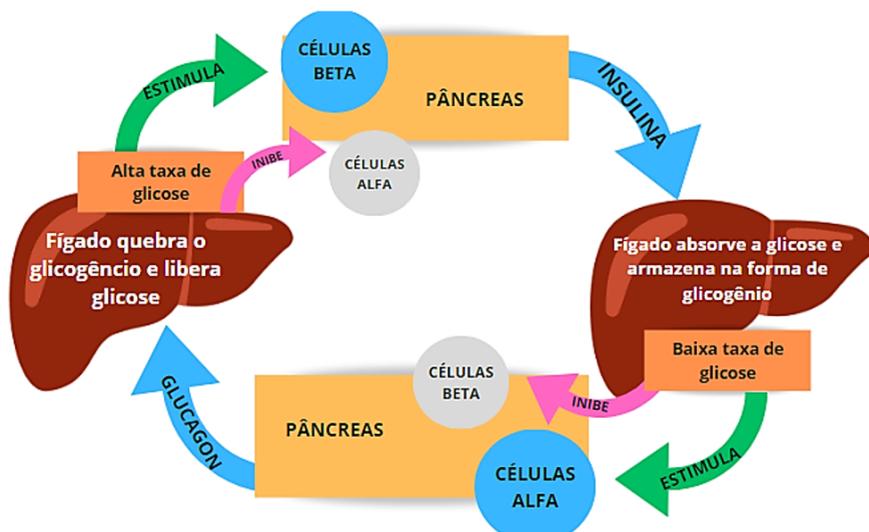
- Glicogênio: é um homopolissacarídeo formado exclusivamente por glicose, com uma estrutura altamente ramificada (possui cadeias laterais). Sua principal função é o armazenamento de energia, sendo encontrado principalmente no fígado e nos músculos esqueléticos (Campbell, 2018).
- Glicosaminoglicanos: são heteropolissacarídeos compostos por dissacarídeos repetidos de estrutura linear presentes na matriz extracelular da pele e do tecido conjuntivo. Eles têm a função de lubrificar articulações e possuem função estrutural. Um exemplo de glicosaminoglicano é o ácido hialurônico (Campbell, 2018).
- Celulose: é um homopolissacarídeo linear que possui um papel fundamental na estrutura dos vegetais, sendo o principal componente da parede celular das células vegetais (Campbell, 2018).
- Amido: é um homopolissacarídeo ramificado composto por glicose, que possui um papel importante como fonte de energia armazenada nas células vegetais (Campbell, 2018).

1.4 Metabolismo dos carboidratos – regulação da glicemia

Ao ingerir carboidratos, ocorre o aumento na taxa de glicose no sangue. O pâncreas percebe esse aumento e libera o hormônio insulina, que se liga aos receptores da membrana plasmática das células nos tecidos insulino-dependentes, como o tecido adiposo e muscular. Isso facilita a entrada de glicose nas células, resultando na diminuição da taxa de glicose no sangue. Além disso, a insulina estimula as enzimas responsáveis pela síntese de glicogênio para armazenar energia (Curi, 2017).

Por outro lado, quando se está em jejum, há uma diminuição na taxa de glicose no sangue devido à falta de alimentação. O pâncreas percebe isso e para de secretar insulina, iniciando a secreção do hormônio glucagon. O glucagon estimula a liberação de glicose no sangue por meio de duas vias: glicogenólise e gliconeogênese. Na glicogenólise, o glicogênio é quebrado para liberar glicose, já na gliconeogênese, outras substâncias, como proteínas e lipídios, são quebradas para produzir glicose (Curi, 2017).

Figura 20 – Representação esquemática da regulação da glicemia



Fonte: próprios autores, 2024.

Por fim, é importante lembrar que o processo de metabolismo dos carboidratos é complexo e regulado por diversos hormônios e enzimas. Portanto, o texto acima aborda de forma sucinta os principais pontos relacionados com a regulação da glicemia.

2. LIPÍDIOS

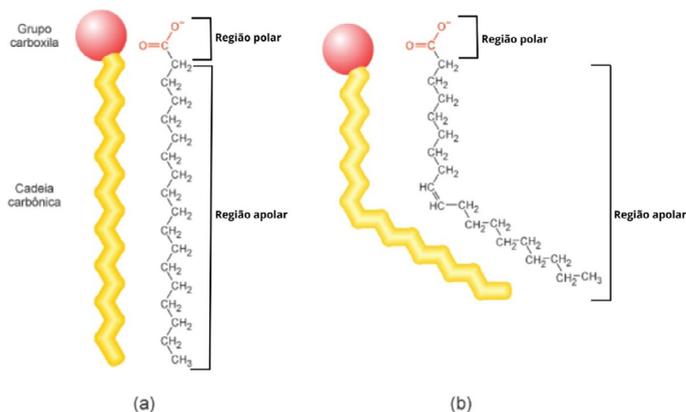
Os lipídios são uma classe de compostos orgânicos que inclui diversas moléculas importantes para o organismo humano, como ácidos graxos, triacilgliceróis, fosfolipídios, glicolipídios e colesterol. Essas moléculas são caracterizadas por serem praticamente insolúveis em água e solúveis em solventes orgânicos (Marzzoco; Torres, 2022).

Além disso, os lipídios são indispensáveis na dieta dos seres humanos, uma vez que desempenham diversas funções vitais no organismo. Eles são responsáveis por armazenar energia, garantir o isolamento térmico do corpo, servir como precursores de hormônios, compor as membranas celulares e atuar como agentes emulsificantes (Marzzoco; Torres, 2022).

2.1 Ácidos graxos

Os ácidos graxos são ácidos monocarboxílicos, ou seja, seu grupo funcional é a carboxila (-COOH) e geralmente possuem uma longa cadeia de hidrocarbonetos em sua estrutura. O grupo carboxila constitui a região polar, e a cadeia carbônica, a parte apolar. Devido à presença de uma região polar e uma apolar em uma mesma molécula, podemos dizer que os ácidos graxos são compostos anfipáticos (Campbell, 2018).

Figura 21 – Representação da estrutura de dois ácidos graxos com 18 carbonos



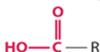
Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

Nota: (a) ácido esteárico saturado e (b) ácido oleico insaturado. A dobra na molécula (b) advém da presença da dupla ligação "cis".

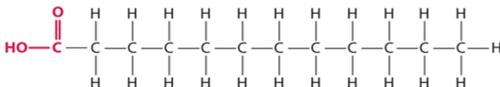
Existem ácidos graxos formados apenas por ligações simples, conhecidos como ácidos graxos saturados, e aqueles que apresentam ligações duplas em sua cadeia são denominados ácidos graxos insaturados. Além disso, os ácidos graxos insaturados podem ser monoinsaturados, apresentando apenas uma dupla ligação, ou podem ser poli-insaturados, apresentando de duas ou mais duplas ligações (Marzoco; Torres, 2022).

Figura 22 – Representação da estrutura geral, saturada e insaturada dos ácidos graxos

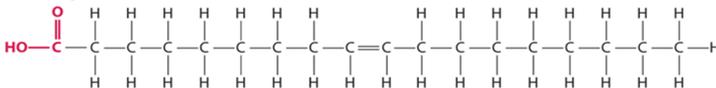
A Estrutura geral de um ácido carboxílico



B Ácido graxo saturado (ácido láurico)



C Ácido graxo insaturado – ácido oleico



Fonte: Brown, 2018.

2.1.1 Insaturações

Os ácidos graxos insaturados naturais (presentes na natureza) apresentam duplas ligações com configuração geométrica *cis*; porém, em processos industriais é possível quebrar as duplas ligações (processo de hidrogenação) para que o alimento possua melhor aspecto e maior durabilidade.

Figura 23 – Representação da configuração *cis* dos ácidos graxos

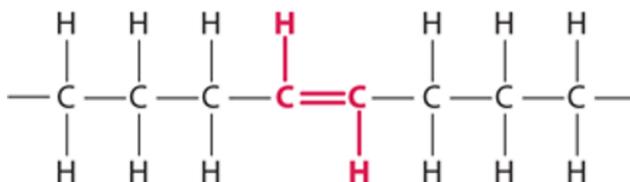


Fonte: Brown, 2018.

Muitas vezes, na tentativa de quebrar estas ligações, transforma-se a dupla *cis* em uma dupla *trans*, provocando a modificação da estrutura da molécula e, conseqüentemente, o organismo passa a não identificar mais esta gordura, a qual acaba por acumular-se na parede das artérias.

Figura 24 – Configuração *trans* dos ácidos graxos

Configuração *trans*



Fonte: Brown, 2018.

2.2 Nomenclatura dos ácidos graxos

Para representar os ácidos graxos, é comum utilizar uma abreviação que informa o número de átomos de carbono, seguido de dois pontos, a quantidade de duplas ligações e a posição das insaturações na cadeia de carbono.

Exemplo: ácido linolênico, composto por 18 carbonos e duas insaturações, sendo que uma está entre os carbonos 9 e 10, e a outra, entre os carbonos 12 e 13, pode ser abreviado como:



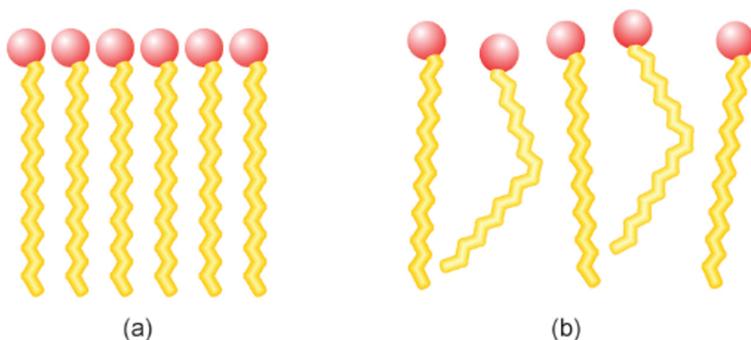
(Marzzoco; Torres, 2022).

2.3 Propriedades físicas – ponto de fusão

As características físicas dos ácidos graxos e dos lipídios que derivam deles variam conforme a presença ou ausência de insaturações (duplas ligações) na cadeia de hidrocarbonetos e o comprimento dela (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

Quando os ácidos graxos são saturados, eles permanecem em estado sólido em temperatura ambiente devido à falta de ligações duplas em sua cadeia. Essa característica permite que a cadeia seja mais reta e as moléculas mais unidas. Já quando são insaturados, a presença de duplas ligações faz com que se reduza a interação entre as moléculas, ficando em estado líquido em temperatura ambiente (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

Figura 25 – Representação da interação entre moléculas de ácidos graxos saturados (a) e entre saturados e insaturados (b)



(Marzzoco; Torres, 2022).

Nota: A interação entre ácidos graxos saturados (a) permite que a cadeia seja mais reta e as moléculas mais unidas, assim, permanecem no estado sólido em temperatura ambiente. Já a presença de duplas ligações nos ácidos graxos insaturados reduz o grau de interação entre as moléculas vizinhas, ficando no estado líquido em temperatura ambiente.

2.4 Ômega (ω)

“Ômega” é uma nomenclatura utilizada para os ácidos graxos poli-insaturados de origem natural (*cis*), os quais são compostos essenciais devido ao fato de que não podemos sintetizá-los em nosso organismo, tornando necessário ingeri-los na dieta, uma vez que desempenham funções fundamentais para a manutenção da nossa saúde (Hospital Sírio-Libanês, 2018).

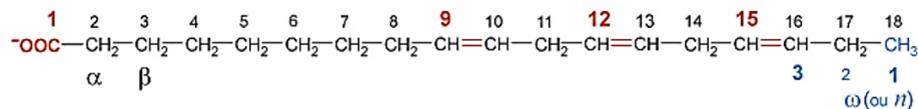
O ácido linolênico (ω -3) e o ácido linoleico (ω -6) são os ácidos graxos poli-insaturados essenciais para o nosso organismo e não podem ser sintetizados. A partir deles, podemos sintetizar os demais ácidos graxos ômega 3 e ômega 6 no organismo (Hospital Sírio-Libanês, 2018).

2.4.1 Ácido linolênico (ω -3)

Os principais ácidos graxos produzidos a partir do ácido linolênico são: o eicosa-pentaenoico (EPA), cuja principal função é a produção de substâncias chamadas de eicosanoides, que ajudam a reduzir a inflamação no organismo, apresentando, assim, propriedades anti-inflamatórias; o docosahexaenoico (DHA), muito importante para o tecido cerebral e para o desenvolvimento de suas funções; e o alfa-linolênico (ALA), que pode ser convertido em EPA e DHA, mas é usado pelo corpo principalmente como fonte energia (Hospital Sírio-Libanês, 2018).

Figura 26 – Representação da estrutura química do ácido linolênico

Ácido α -linolênico – 18:3 Δ ^{9,12,15} (ou 18:3 Δ ^{9,12,15}) ou 18:3 ω -3 ou 18:3 n -3

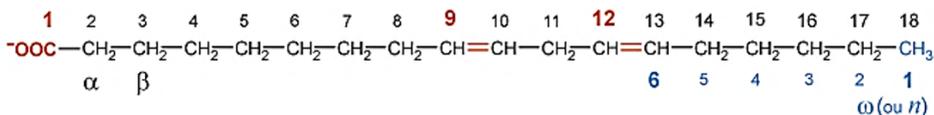


(Marzzoco; Torres, 2022).

2.4.2 Ácido linoleico (ω -6)

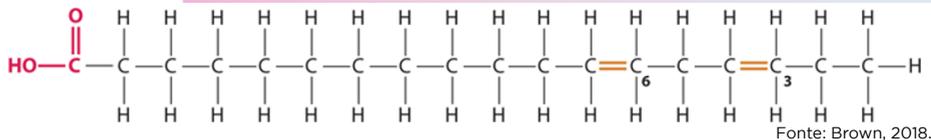
O ômega 6 é convertido em ácido araquidônico (ARA) depois de ingerido. A partir do ARA são sintetizados hormônios, como prostaglandinas, prostaciclina e tromboxanas, que estão relacionados com os processos inflamatórios do organismo (pró-inflamatório). Embora também auxilie no crescimento celular e, em proporções apropriadas, preserve os neurônios, o excesso de ômega 6 tende a estimular a produção de cortisol, hormônio relacionado ao enfraquecimento do sistema imunológico, aumenta o risco de diabetes, além de elevar os níveis de colesterol LDL (o "ruim") e reduzir os níveis do HDL (o "bom"). Por conta disso, em geral, não é recomendado o seu consumo por meio de suplementos (Hospital Sírio-Libanês, 2018).

Figura 27 – Representação da estrutura química do ácido linoleico



(Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 28 – Representação da nomenclatura dos ômega



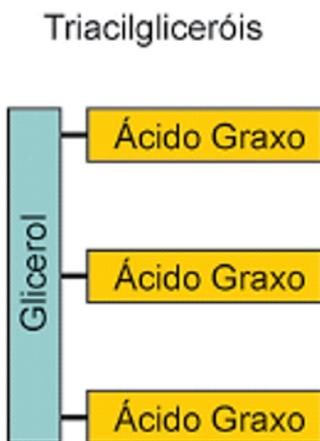
Nota: para saber se um ácido graxo é do tipo ômega 3 ou ômega 6, é necessário que se conte a partir do último carbono da cadeia até a primeira dupla ligação.

2.5 Lipídios de armazenamento

Os ácidos graxos livres são encontrados em baixas concentrações no organismo. Sendo assim, a maior parte dos ácidos graxos no corpo são armazenados na forma de triacilglicerol ou formando lipídios de membrana (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

O triacilglicerol, também conhecido como triglicérideo, é um tipo de lipídio de armazenamento formado por uma molécula de glicerol ligada a três cadeias de ácido graxo. Ele é a principal forma de armazenamento de energia em tecidos adiposos, sendo armazenado em forma de gotículas de gordura no citoplasma das células adiposas, e pode ser utilizado quando há necessidade energética no organismo (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

Figura 29 – Representação da estrutura do triacilglicerol

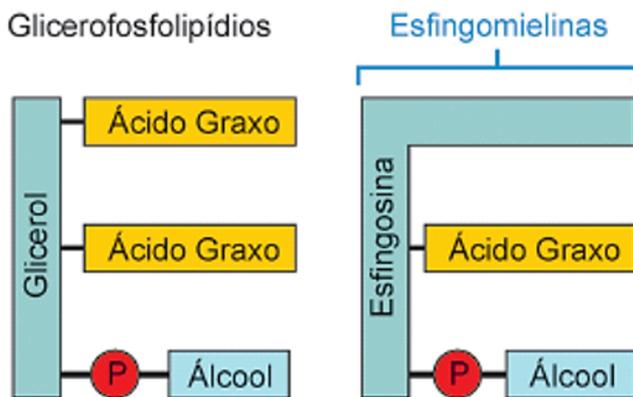


Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

Já quando estão formando lipídios de membrana, são encontrados como: fosfolipídios, esfingolipídios, glicerogolipídios, enfiingomielinas e colesterol.

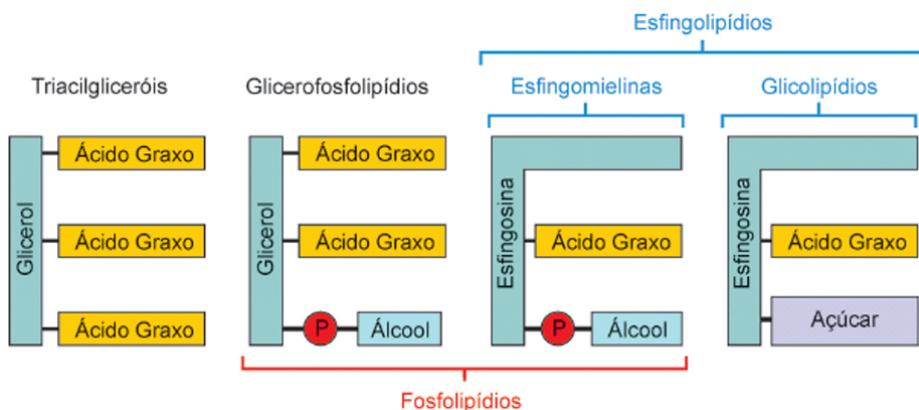
Os glicerofosfolipídios são um tipo de fosfolipídio formado por duas cadeias de ácido graxo ligadas a um grupo fosfato, e são muito importantes para a sinalização celular. Já as esfingomielinas são um tipo de esfingolipídio em que o ácido graxo e o grupo fosfato não se ligam ao glicerol, mas sim a uma esfingosina, sendo importantes no sistema nervoso por formarem a bainha de mielina (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

Figura 30 – Representação da estrutura dos glicerofosfolipídios e das esfingomielinas



Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

Figura 31 - Esquema geral de lípidios que contêm ácidos graxos



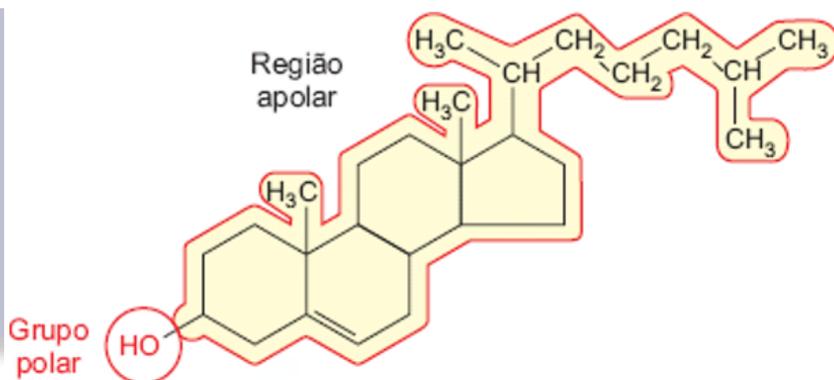
Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Nota: © = grupo fosfato.

2.6 Colesterol

O colesterol é um importante lipídio que atua como componente estrutural da membrana celular, sendo essencial para manter sua integridade e fluidez. Ele faz parte de um grupo de lipídios conhecidos como esteroides, que apresentam um núcleo tetracíclico em sua estrutura, sendo que o componente-chave deste grupo é o colesterol (Marzzoco; Torres, 2022; Campbell, 2018).

Figura 32 – Representação da estrutura do colesterol



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

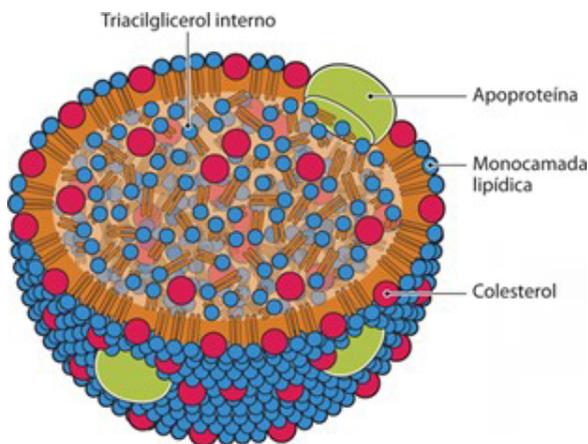
O colesterol não circula de forma livre no nosso organismo; sendo assim, é transportado pelas lipoproteínas plasmáticas.

2.7 Lipoproteínas plasmáticas

Os triacilgliceróis, os fosfolipídios e o colesterol não se dissolvem facilmente em líquidos como o sangue. Por isso, são transportados pelo corpo pelas lipoproteínas. As lipoproteínas são pequenas partículas esféricas presentes na corrente sanguínea, compostas externamente por uma camada de lipídios anfipáticos com proteínas inseridas (apolipoproteínas). Dentro dessas esferas, há um núcleo central formado por lipídios apolares, que contém triacilgliceróis e colesterol (Brown, 2018).

As apolipoproteínas, também conhecidas como apoproteínas, são proteínas presentes nas lipoproteínas plasmáticas que desempenham um papel importante na interação com os receptores celulares, ou seja, essas proteínas garantem que as lipoproteínas sejam captadas pelos tecidos corretos do corpo (Brown, 2018).

Figura 33 – Representação estrutural das lipoproteínas plasmáticas



Fonte: Brown, 2018.

Existem três grupos de lipoproteínas:

1 - Quilomícron: os quilomícrons são as maiores lipoproteínas, transportam triacilgliceróis e colesterol da dieta do intestino para outros tecidos. Após saírem do intestino, os quilomícrons vão para os músculos e tecidos adiposos, onde os triacilgliceróis são quebrados em ácidos graxos e monoacilgliceróis pela ação de uma enzima chamada lipase. Esses ácidos graxos e monoacilgliceróis são utilizados para produzir energia ou armazenados novamente como triacilgliceróis. À medida que seu conteúdo de triacilgliceróis diminui, os quilomícrons encolhem e formam os quilomícrons remanescentes ricos em colesterol. Estes são transportados até o fígado, onde se ligam a um receptor de superfície e são captados por endocitose (Brown, 2018).

2 - As lipoproteínas de densidade muito baixa (VLDLs), as lipoproteínas de densidade intermediária (IDLs) e as lipoproteínas de baixa densidade (LDLs): estão todas inter-relacionadas. As VLDLs são produzidas no fígado e transportam diferentes tipos de lipídios para o músculo e tecido adiposo. Assim como os quilomícrons, os triacilgliceróis presentes nas VLDLs são decompostos pela lipase, liberando ácidos graxos que são absorvidos pelas células musculares ou adiposas. Os remanescentes das VLDLs permanecem no sangue como IDLs e, em seguida, perdem grande parte de suas apolipoproteínas, transformando-se em LDLs. As LDLs são então captadas por diversas células, onde seu conteúdo é processado por enzimas encontradas em organelas celulares chamadas lisossomos (Brown, 2018).

3 - Lipoproteínas de alta densidade (HDL): têm uma função oposta às LDLs, pois transportam o colesterol de volta ao fígado. Elas são produzidas no sangue principalmente a partir da quebra de outras lipoproteínas, como os remanescentes de quilomícrons e VLDLs. Como dito anteriormente, as HDLs retiram o colesterol das membranas celulares e o transportam de volta ao fígado, onde o excesso de colesterol é eliminado na forma de ácidos biliares (bile) (Brown, 2018).

3. PROTEÍNAS

As proteínas são os componentes celulares mais abundantes e as biomoléculas mais diversas em termos de estrutura e função. Elas desempenham um papel fundamental em praticamente todos os processos biológicos. Estão presentes em todas as membranas e organelas celulares, no citoesqueleto e na matriz extracelular (Marzzoco; Torres, 2022).

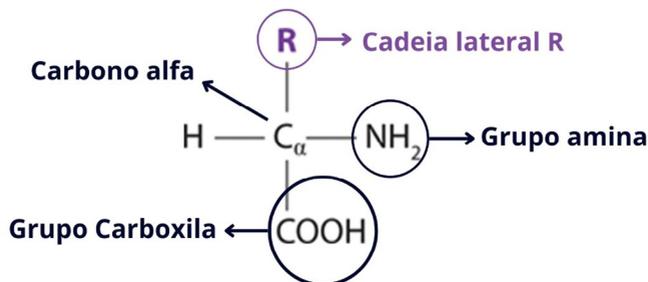
As proteínas possuem várias funções essenciais – atuam como enzimas, facilitando reações químicas indispensáveis para o funcionamento celular; desempenham um papel importante no transporte de moléculas e íons por meio das membranas celulares e no plasma; são vitais na defesa do organismo, como as imunoglobulinas e interferon, que combatem infecções bacterianas e virais; regulam processos metabólicos por meio dos hormônios, como insulina e glucagon; participam dos mecanismos contráteis do corpo, em particular, a actina e miosina, que são proteínas de grande importância na contração muscular; possuem funções estruturais, como o colágeno e elastina, que conferem resistência e elasticidade aos tecidos, entre outras diversas funções (Marzzoco; Torres, 2022).

3.1 Aminoácidos

As proteínas são formadas por unidades básicas (monômeros) chamados de aminoácidos e são sintetizadas a partir de um conjunto de apenas 20 aminoácidos diferentes, de modo que a combinação deles forma os diferentes tipos de proteínas (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Cada aminoácido possui uma estrutura geral composta por um grupo amina ($-\text{NH}_2$), um grupo carboxila ($-\text{COOH}$), um átomo de hidrogênio (H) e uma cadeia lateral variável, conhecida como grupo R. Estes componentes estão ligados a um carbono central denominado de carbono alfa (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

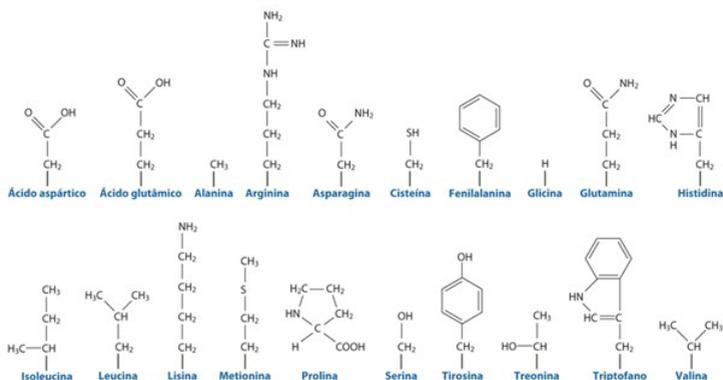
Figura 34 – Representação da estrutura geral de um aminoácido



Fonte: Adaptado de Brown, 2018.

A principal diferença entre os variados tipos de aminoácidos reside no grupo R, que confere suas propriedades químicas distintas, como a polaridade. Essas características determinam a função específica de cada aminoácido dentro de uma proteína, incluindo sua participação em estruturas tridimensionais (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 35 – Representação da estrutura dos grupos R dos aminoácidos



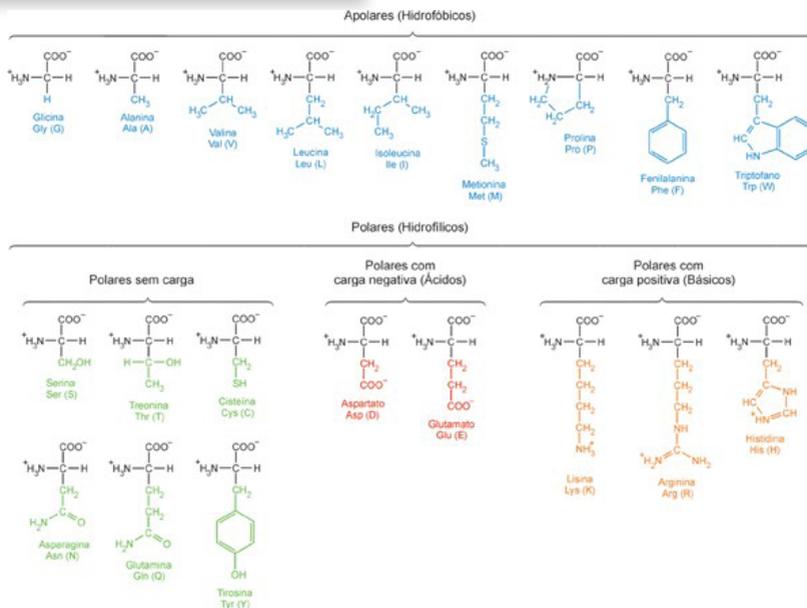
Fonte: Brown, 2018.

3.2 Classificação dos aminoácidos quanto ao grupo R

Os grupos R podem ser classificados com base em vários critérios, sendo dois especialmente relevantes. O primeiro critério refere-se à polaridade ou apolaridade da cadeia lateral (grupo R), já o segundo critério depende da presença de um grupo ácido ou básico na cadeia lateral (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

- **Aminoácidos apolares:** esses aminoácidos têm grupos R geralmente compostos por átomos de carbono e hidrogênio (hidrocarbonetos), que não interagem com água (hidrofóbicos). Pertencem a este grupo: *glicina, alanina, valina, leucina, isoleucina, metionina, prolina, fenilalanina e triptofano* (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).
- **Aminoácidos polares:** esses aminoácidos possuem grupos R polares que os capacitam a interagir com a água, e são eletricamente neutros (sem carga). Pertencem a este grupo: *serina, treonina, tirosina, cisteína, glutamina e asparagina* (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).
- **Aminoácidos básicos:** esses aminoácidos possuem grupos R básicos, os quais são carregados positivamente. Pertencem a este grupo: *histidina, lisina e arginina* (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).
- **Aminoácidos ácidos:** esses aminoácidos possuem grupos R ácidos, carregados negativamente. Pertencem a este grupo: *aspartato e glutamato* (Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).

Figura 36 – Classificação dos aminoácidos quanto ao grupo R



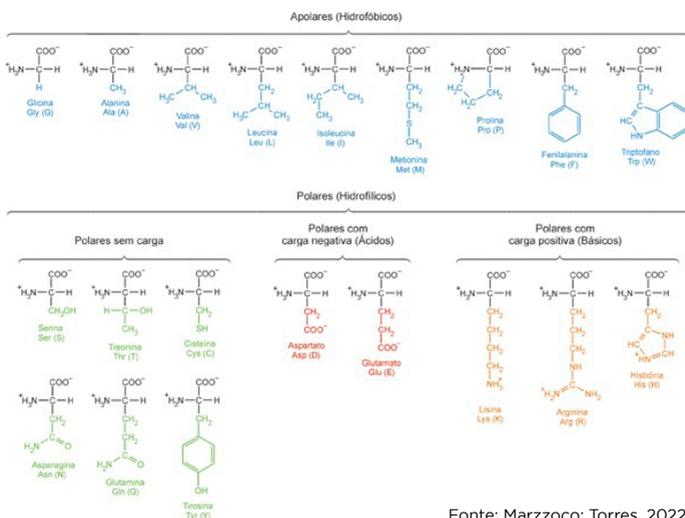
Fonte: Brown, 2018.

3.2 Classificação dos aminoácidos quanto ao grupo R

Os grupos R podem ser classificados com base em vários critérios, sendo dois especialmente relevantes. O primeiro critério refere-se à polaridade ou apolaridade da cadeia lateral (grupo R), já o segundo critério depende da presença de um grupo ácido ou básico na cadeia lateral (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

- Aminoácidos apolares: esses aminoácidos têm grupos R geralmente compostos por átomos de carbono e hidrogênio (hidrocarbonetos), que não interagem com água (hidrofóbicos). Pertencem a este grupo: *glicina, alanina, valina, leucina, isoleucina, metionina, prolina, fenilalanina e triptofano* (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).
- Aminoácidos polares: esses aminoácidos possuem grupos R polares que os capacitam a interagir com a água, e são eletricamente neutros (sem carga). Pertencem a este grupo: *serina, treonina, tirosina, cisteína, glutamina e asparagina* (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).
- Aminoácidos básicos: esses aminoácidos possuem grupos R básicos, os quais são carregados positivamente. Pertencem a este grupo: *histidina, lisina e arginina* (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).
- Aminoácidos ácidos: esses aminoácidos possuem grupos R ácidos, carregados negativamente. Pertencem a este grupo: *aspartato e glutamato* (Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 36 – Classificação dos aminoácidos quanto ao grupo R



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

3.3 Classificação dos aminoácidos quanto à dieta

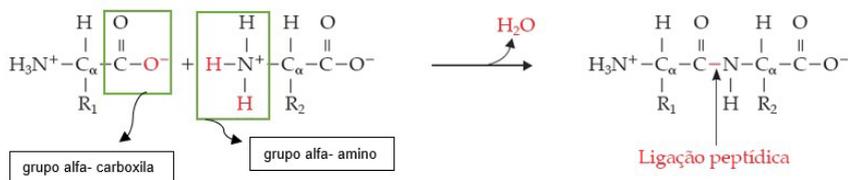
Os aminoácidos podem ser classificados em três categorias nutricionais:

- **Aminoácidos essenciais:** são aqueles que o corpo humano não é capaz de sintetizar, sendo assim, devem ser obtidos pela dieta. Os aminoácidos essenciais incluem: *histidina, isoleucina, leucina, lisina, metionina, fenilalanina, treonina, triptofano e valina.*
- **Aminoácidos não essenciais:** são aqueles que o corpo humano é capaz de sintetizar, sendo assim, não é necessária a sua ingestão direta por meio da alimentação. Os aminoácidos não essenciais incluem: *alanina, arginina, asparagina, cisteína, glutamina, glicina, prolina, serina e tirosina.*
- **Aminoácidos condicionalmente essenciais:** são aminoácidos que normalmente são sintetizados pelo corpo, mas, em certas situações, como doenças, estresses ou períodos de crescimento acelerado, a síntese endógena (do próprio corpo) é insuficiente para suprir as necessidades do organismo, sendo assim, eles se tornam essenciais e devem ser obtidos pela dieta. Incluem: *arginina, cisteína, glutamina, tirosina e glicina.*

3.4 Ligação peptídica

Os aminoácidos podem se unir entre si por meio de uma ligação denominada de ligação peptídica. Essa ligação ocorre entre o grupo alfa-carboxila (grupo carboxila) de um aminoácido e o grupo alfa-amino (grupo amina) do aminoácido seguinte, tendo a eliminação de uma molécula de água. Dessa forma, os aminoácidos se conectam para formar cadeias polipeptídicas, que são essenciais na estrutura e função das proteínas (Campbell, 2018).

Figura 37 – Representação da ligação peptídica



Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

Atenção: toda cadeia peptídica possui um grupo amina livre no primeiro aminoácido e um grupo carboxila livre no último aminoácido, que são chamados de resíduo amino-terminal e resíduo carboxi-terminal, respectivamente. Ao ler um peptídeo, a sequência é sempre realizada da extremidade amino-terminal para a extremidade carboxi-terminal (Campbell, 2018).

Figura 38 – Representação dos resíduos amino-terminal e carboxi-terminal



Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

3.5 Classificação dos peptídios

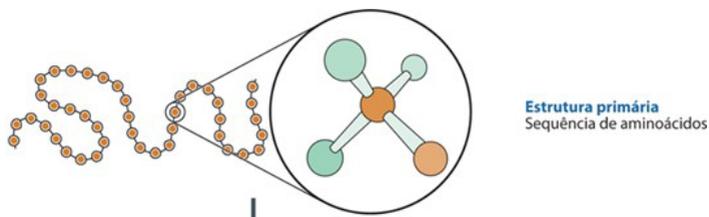
A cadeia polipeptídica apresenta uma variação na quantidade de aminoácidos; dependendo do número de aminoácidos presentes, o polímero recebe diferentes denominações. Por exemplo, quando há dois aminoácidos, é chamado de dipeptídeo; com três aminoácidos, é um tripeptídeo, e assim por diante. Quando um polímero contém até 30 aminoácidos, é chamado de oligopeptídeo, e quando o número é maior – podendo chegar a centenas ou até milhares – é chamado de polipeptídeo (Marzzoco; Torres, 2022).

3.6 Estrutura tridimensional das proteínas

As proteínas são comumente descritas como tendo quatro níveis de estrutura distintos, que são organizados de forma hierárquica. A síntese da proteína ocorre sucessivamente, ou seja, cada nível de estrutura depende do nível anterior para ser formado (Brown, 2018; Campbell, 2018).

- Estrutura primária: refere-se à sequência específica de aminoácidos ligados por ligações peptídicas, determinada geneticamente. A estrutura primária é fundamental, pois ela define todos os outros níveis de organização (Brown, 2018; Campbell, 2018).

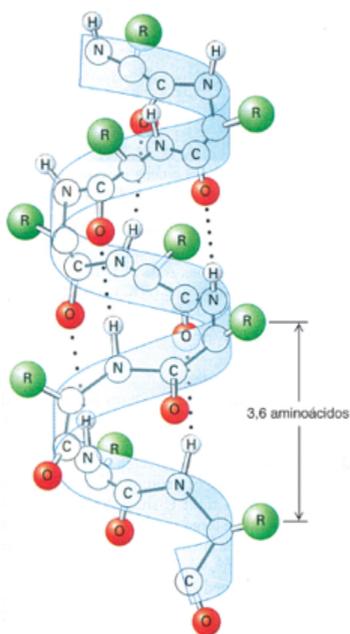
Figura 39 – Representação da estrutura primária de um aminoácido



Fonte: Brown, 2018.

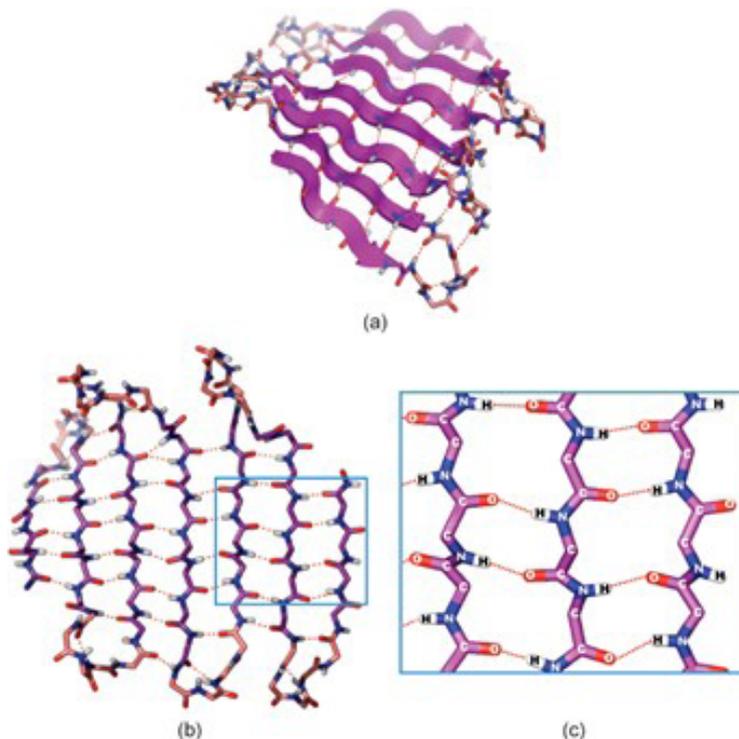
- **Estrutura secundária:** é uma estrutura tridimensional que se forma ao longo da cadeia polipeptídica. Existem duas formas principais de estrutura secundária: a alfa-hélice e a folha beta pregueada. Na alfa-hélice, a cadeia polipeptídica se enrola em uma espiral helicoidal, enquanto na folha beta pregueada a cadeia polipeptídica adota uma estrutura plana e dobrada, formando folhas ou pregas. Essas estruturas secundárias são estabilizadas por ligações de hidrogênio (Brown, 2018; Campbell, 2018).

Figura 40 – Representação da conformação secundária – alfa-hélice



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Figura 41 – Representação da conformação da folha beta pregueada

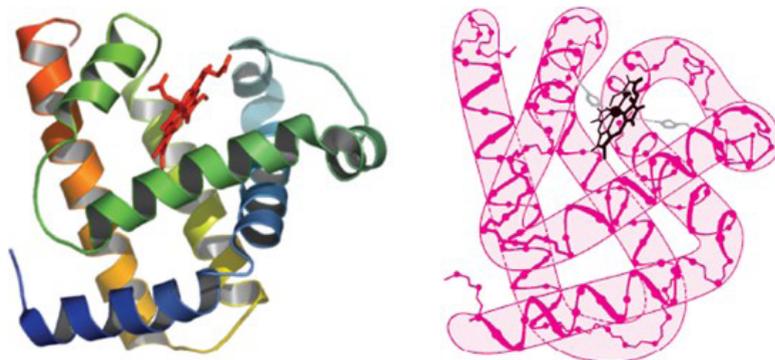


Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Nota: (a) representa um esquema de parte de uma molécula de proteína, sendo que os segmentos da cadeia polipeptídica com este tipo de estrutura secundária são simbolizados por meio de setas onduladas que apontam na direção do resíduo amino-terminal para o carboxi-terminal; (b) representa os dobramentos da cadeia polipeptídica estabilizados por ligações de hidrogênio, formando a folha beta pregueada; e (c) mostra com detalhamento os grupos que estabelecem as ligações de hidrogênio.

- Estrutura terciária: é o dobramento final da cadeia polipeptídica, em que os segmentos distantes da estrutura primária se aproximam e interagem entre si. Durante esse processo, podem ocorrer diferentes ligações entre as cadeias laterais dos diferentes aminoácidos, como interações iônicas, pontes de hidrogênio, interações hidrofóbicas e pontes de dissulfeto, que estabilizam a estrutura tridimensional da proteína (Brown, 2018; Campbell, 2018).

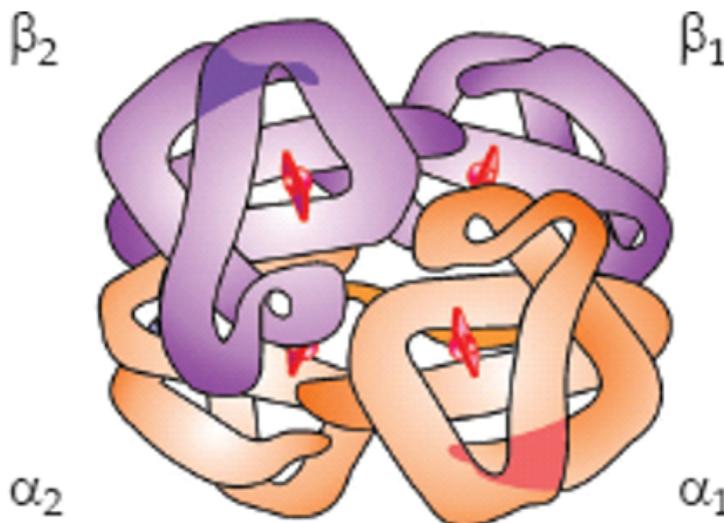
Figura 42 – Representação da estrutura terciária das proteínas



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

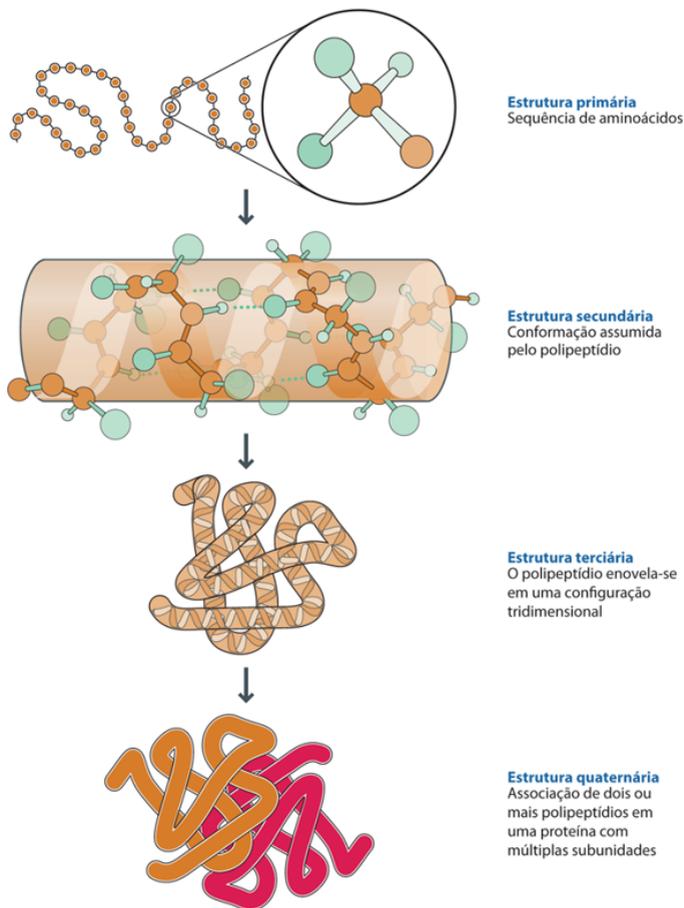
- Estrutura quaternária: refere-se à associação de duas ou mais cadeias polipeptídicas, mantidas pelos tipos de ligações que mantêm a estrutura terciária (Brown, 2018; Campbell, 2018).

Figura 43 – Representação da estrutura quaternária das proteínas



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Figura 44 – Representação dos quatro níveis hierárquicos da estrutura das proteínas

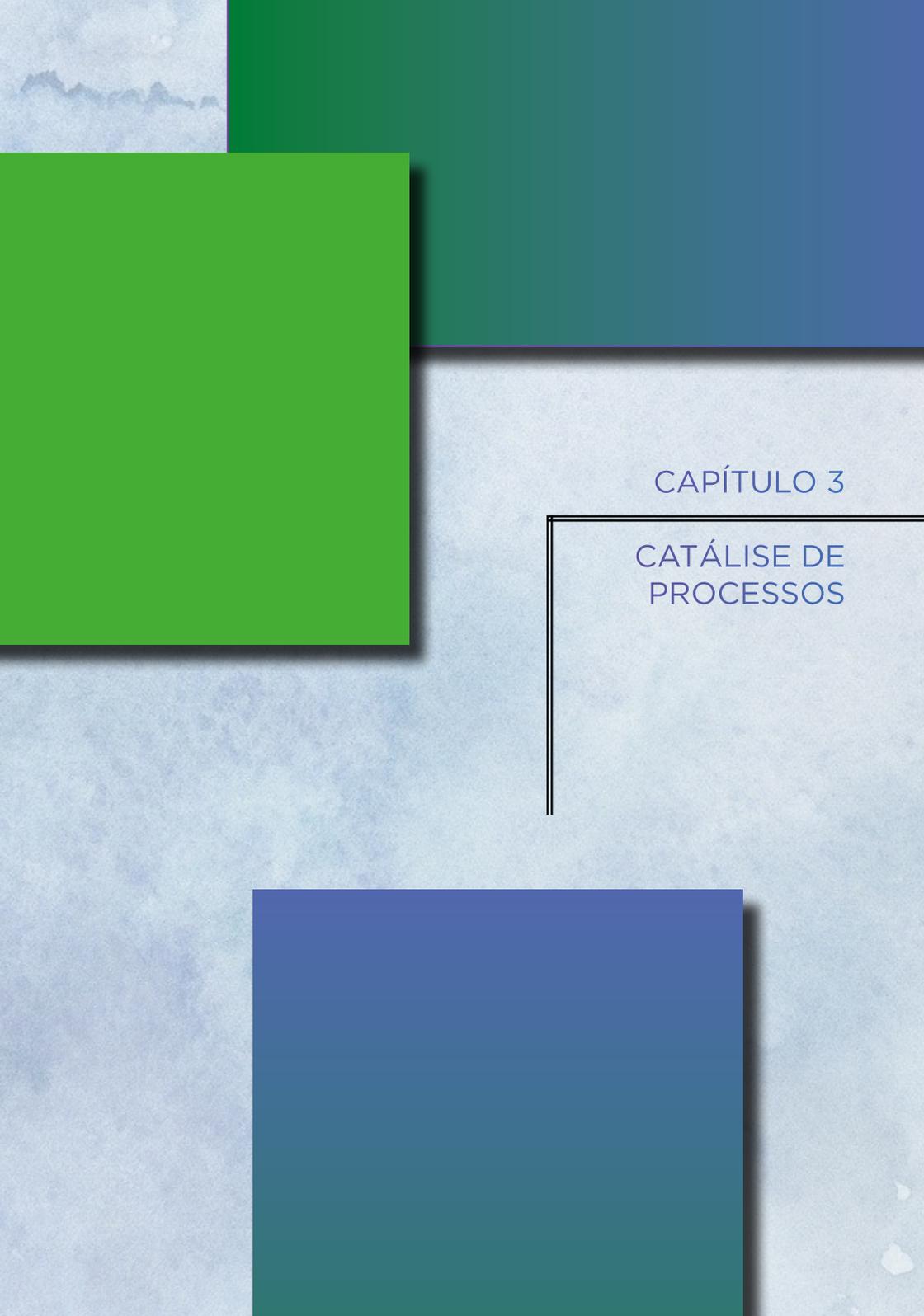


Fonte: Brown, 2018.

3.7 Proteínas fibrosas e globulares

Existem duas categorias principais de proteínas: as fibrosas e as globulares. As proteínas globulares são geralmente solúveis em água e desempenham diversas funções nas células vivas. Elas possuem forma final aproximadamente esférica, como os anticorpos e as enzimas (Brown, 2018).

Por outro lado, as proteínas fibrosas são insolúveis em água e geralmente desempenham funções mais especializadas. Elas possuem uma forma alongada, como a queratina (Brown, 2018).



CAPÍTULO 3

CATÁLISE DE
PROCESSOS

1. ENZIMAS COMO CATALIZADORES BIOLÓGICOS

A todo momento, uma variedade de reações químicas está acontecendo dentro do nosso organismo, desempenhando funções essenciais, como síntese e degradação de ATP, glicogênio e outras substâncias. Os caminhos percorridos por essas reações são conhecidos como vias metabólicas, as quais são mediadas por enzimas que desempenham um papel crucial na manutenção da vida (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Portanto, a sobrevivência do organismo depende da ocorrência contínua de um conjunto de reações químicas, as quais devem ocorrer em velocidades adequadas à fisiologia celular. Além disso, essas reações precisam ser altamente específicas, e é exatamente aí que as enzimas entram em cena, desempenhando o papel de garantir essa especificidade e velocidade adequadas (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

1.1 O que é uma enzima?

As enzimas são proteínas globulares que desempenham um papel crucial na regulação da velocidade das reações bioquímicas. Em raras ocasiões, algumas moléculas de RNA também podem atuar como catalisadores em vias específicas (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Nas células de eucariotos, há uma ampla variedade de compostos químicos que têm a capacidade de reagir uns com os outros. No entanto, devido às temperaturas relativamente baixas (temperatura corporal) em que essas células operam, as velocidades dessas reações são desprezíveis. Ou seja, mesmo que as moléculas estejam presentes, as reações não ocorrem de forma significativa (Marzzoco; Torres, 2022).

Portanto, é a presença das enzimas que possibilita que ocorra essas reações, aumentando consideravelmente a velocidades delas. Esse processo é chamado de catálise, no qual as enzimas atuam como catalizadores, acelerando as reações químicas que ocorrem no organismo (Marzzoco; Torres, 2022).

1.2 Algumas enzimas necessitam de cofatores

As enzimas podem ser compostas apenas por aminoácidos, no entanto, muitas enzimas requerem íons ou moléculas adicionais, denominados cofatores, para desempenhar sua função catalítica (Brown, 2018).

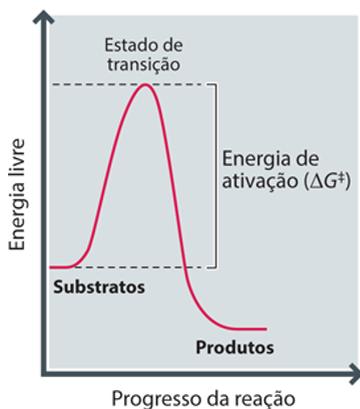
Os cofatores mais comuns são íons metálicos, como cobre, ferro, manganês, entre outros. Esses íons se ligam a locais específicos nas enzimas, geralmente no sítio ativo ou próximo a ele, de modo que possam participar diretamente no processo catalítico (Brown, 2018).

Além dos íons metálicos, existem outros cofatores que são compostos orgânicos chamados de coenzimas; muitas delas são derivadas de vitaminas encontradas nos alimentos, como as vitaminas B2, B3, B5 e C (Brown, 2018).

1.3 Como as enzimas atuam (catálise)

Como mencionado anteriormente, as enzimas são catalizadores que aceleram as reações químicas no organismo. Elas conseguem isso reduzindo a quantidade de energia necessária (energia de ativação) para que as reações ocorram. A energia de ativação é a quantidade mínima de energia necessária para que os reagentes atinjam o estado de transição e se transformem nos produtos desejados (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

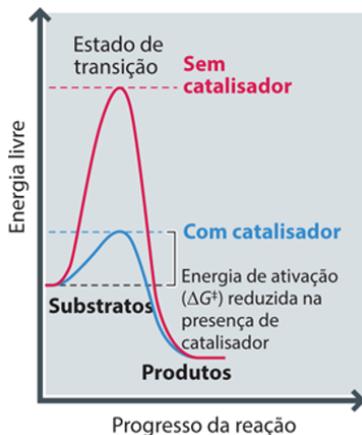
Figura 45 – Representação gráfica da energia de ativação



Fonte: Brown, 2018.

Nota: O diagrama mostra a quantidade de energia necessária (energia de ativação) para que a reação alcance o estado de transição e os substratos se transformem nos produtos desejados.

Figura 46 – Representação gráfica da energia de ativação com catalisador



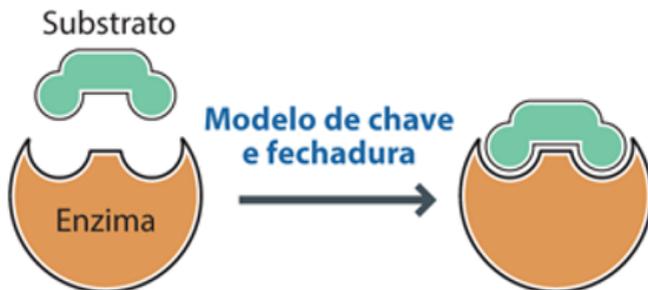
Fonte: Brown, 2018.

Nota: O diagrama representa como a presença do catalisador reduz a energia de ativação necessária para que a reação ocorra.

1.4 Substrato, sítio ativo, modelo chave-fechadura e ajuste induzido

Nas reações químicas catalisadas pelas enzimas, as substâncias iniciais, que serão catalisadas, são chamadas de substratos. Esses substratos irão se encaixar em uma parte específica da enzima, denominada sítio ativo. O sítio ativo possui uma forma complementar ao substrato, semelhante ao encaixe de uma chave em uma fechadura, e é a estrutura responsável pela grande especificidade das enzimas, pois permite à enzima “reconhecer” seu substrato (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

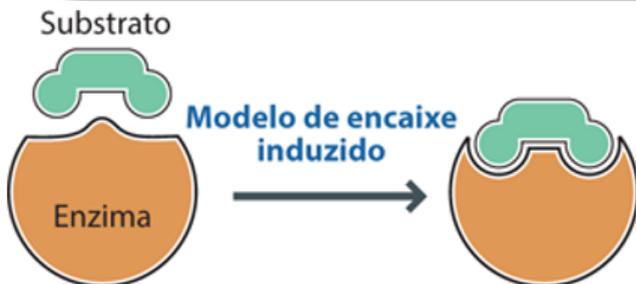
Figura 47 – Representação do modelo chave-fechadura



Fonte: Brown, 2018.

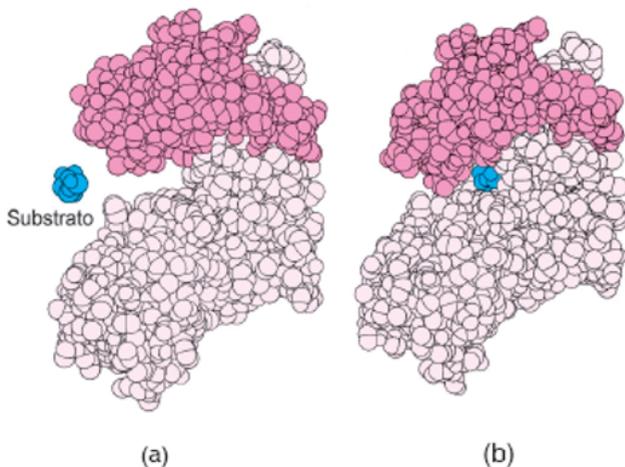
Porém, a relação substrato-enzima não deve ser entendida apenas como um modelo rígido de chave-fechadura, pois quando o substrato se liga ao sítio ativo da enzima, ocorre uma mudança na estrutura tridimensional da enzima, ela se “molda” em torno do substrato, adquirindo uma nova conformação ideal para a catálise. Esse processo é chamado de ajuste induzido (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 48 – Representação do modelo de encaixe induzido



Fonte: Brown, 2018.

Figura 49 – Representação da mudança na conformação da enzima induzida pela ligação com o seu substrato



Nota: Quando o substrato se liga ao sítio ativo (a), ocorre uma mudança na estrutura da enzima (b), fazendo com que ela se “molde” em torno do substrato.

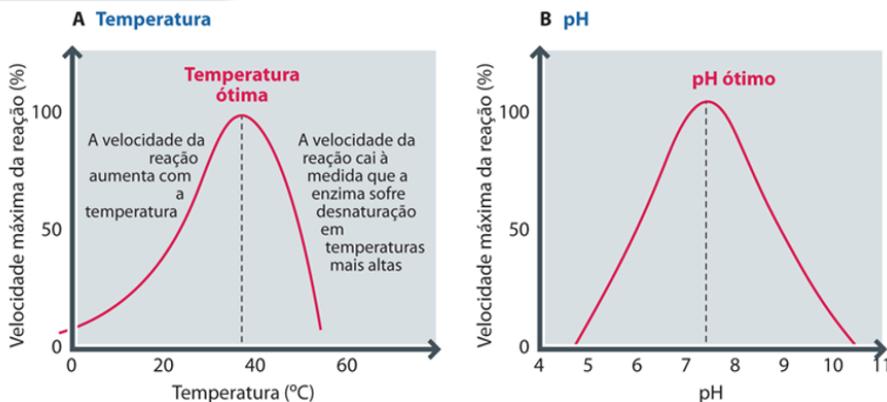
Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Durante a reação, os substratos são então transformados pela ação da enzima e, no final, os produtos da reação são liberados (Brown, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

1.5 Fatores que interferem na atividade enzimática

A atividade enzimática é dependente das características do meio, uma vez que fatores como pH e temperatura podem afetar as estruturas das enzimas, afetando a forma do sítio ativo, o que, por sua vez, afeta sua função. Portanto, para a maioria das enzimas, existe uma faixa de temperatura e um pH ótimo, em que sua atividade catalítica é máxima (Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 50 – Representação gráfica do efeito da temperatura e do pH na atividade enzimática



Fonte: Brown, 2018.

Nota: (A) demonstra que a velocidade da reação aumenta com a temperatura, porém, se exceder a faixa de temperatura ótima, a velocidade da reação cai à medida que as enzimas se desnaturam, perdendo assim sua função. (B) representa o mesmo efeito, mas com a alteração de pH.

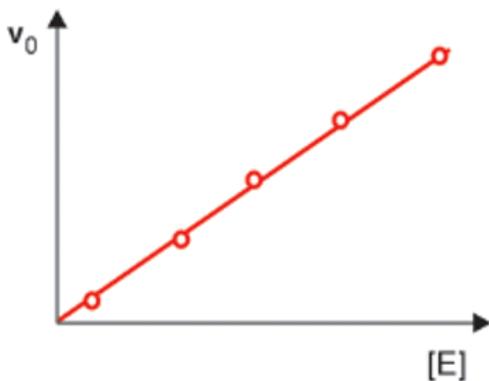
2. CINÉTICA ENZIMÁTICA

A cinética enzimática é um campo importante da bioquímica, pois se dedica ao estudo da velocidade das reações catalisadas por enzimas e dos fatores que influenciam essa velocidade. Por meio desse estudo, é possível compreender as propriedades e características específicas de determinadas enzimas, como: determinar a velocidade da reação (em quanto tempo um substrato será convertido em um produto); descobrir qual o seu substrato e se a enzima possui mais de um substrato; determinar a afinidade com os substratos; identificar possíveis inibidores ou ativadores da atividade catalítica, bem como verificar a temperatura e o pH ideais para seu funcionamento (Marzzoco; Torres, 2022).

2.1 Velocidade da reação enzimática

A velocidade da reação enzimática é influenciada pela quantidade de enzimas presentes e pela concentração de substrato. Quanto maior a concentração de enzimas disponíveis, mais reações podem ocorrer simultaneamente, aumentando assim a velocidade da reação. Portanto, a velocidade da reação é diretamente proporcional à concentração de enzimas (Campbell, 2018).

Figura 51 – Representação gráfica da velocidade da reação enzimática (V_0) em função da concentração de enzima (E)

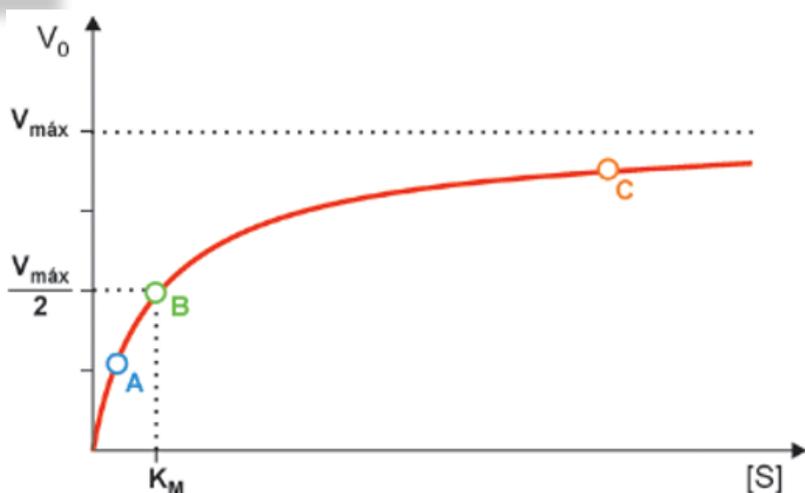


Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

Nota: Quando se adiciona enzimas em uma reação, a velocidade aumentará gradativamente, pois as enzimas estão se ligando aos substratos presentes e transformando-os em produtos.

Por outro lado, o aumento da concentração de substrato também leva a um aumento na velocidade da reação. Isso acontece porque há mais substratos disponíveis para se ligarem às enzimas e serem transformados em produtos. Porém, neste caso, em algum momento ocorrerá uma saturação, de modo que a reação chegará a sua velocidade máxima ($V_{\text{máx}}$). Este aspecto será discutido no próximo tópico (Cinética de saturação) (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 52 – Representação gráfica da variação da velocidade da reação (V_0) em função da concentração de substrato (S).



Fonte: Marzzoco; Torres, 2022.

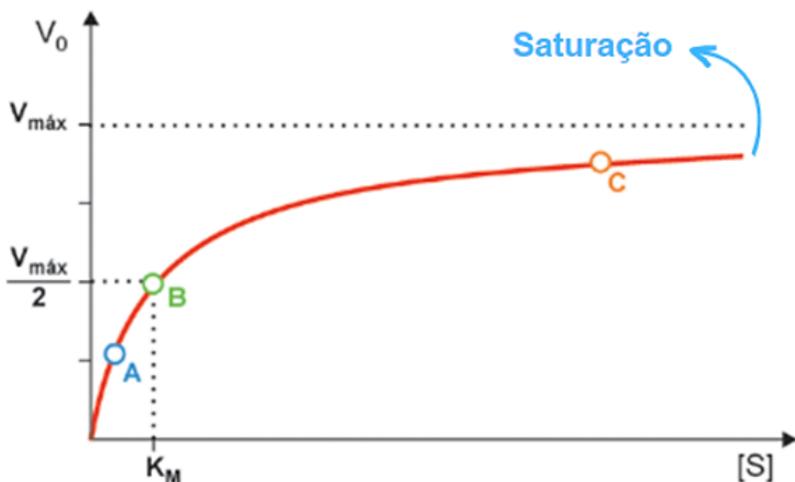
2.2 Cinética de saturação

As enzimas apresentam uma cinética de saturação em função da concentração de substrato.

Ao aumentar a concentração de substrato, a velocidade da reação também aumenta, já que as enzimas estão se ligando aos seus substratos e transformando-os em produto, porém chegará um momento em que todas as enzimas estarão ligadas ao seu substrato (saturação), e é neste momento em que a velocidade da reação não se altera de maneira significativa (Campbell, 2018, Marzzoco; Torres, 2022).

Em outras palavras, quando a concentração de substratos é alta, todas as enzimas ativas estão ocupadas com seus sítios ativos ligados aos substratos, atingindo o que chamamos de saturação enzimática. Neste ponto, mesmo que aumentemos ainda mais a concentração de substrato, não haverá um aumento adicional na velocidade da reação, pois todas as enzimas estão trabalhando no limite máximo (Campbell, 2018).

Figura 53 – Representação do ponto de saturação enzimática



Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

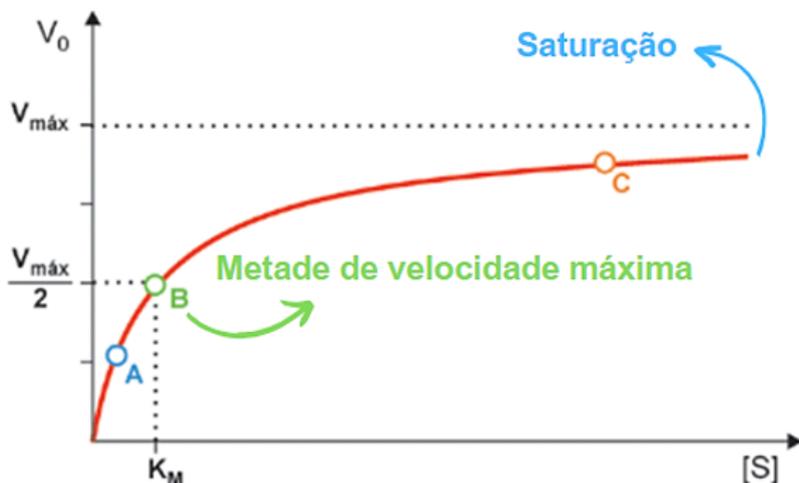
Nota: As regiões A e B representam o aumento da velocidade com o aumento da concentração de S (substrato), e C é o ponto em que a velocidade permanece essencialmente constante devido à saturação enzimática.

Em resumo, quantidade de enzimas afeta diretamente a velocidade da reação enzimática, assim como o aumento da concentração de substrato. No entanto, o substrato é somente um parâmetro viável para estabelecer a velocidade da reação até que se alcance o ponto de saturação, pois neste ponto todas as enzimas disponíveis estão ligadas ao seu substrato, e a velocidade da reação não muda mais.

2.3 Constante de Michaelis-Menten (K_m)

A constante de Michaelis-Menten é um parâmetro na cinética enzimática que serve para medir a afinidade de uma enzima pelo seu substrato. Em termos técnicos, essa afinidade é representada pela concentração de substrato na qual a velocidade de reação atinge a metade da velocidade máxima. Quanto maior o valor do K_m , menor é a afinidade da enzima pelo seu substrato (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 54 – Representação gráfica da constante de Michaelis-Menten (K_m)



Fonte: Adaptado de Marzzoco; Torres, 2022.

Nota: Quanto mais rápido uma reação enzimática atingir a metade da velocidade máxima (K_m baixo), maior afinidade ela terá com o substrato.

Em outras palavras, uma alta constante de K_m indica que a enzima precisa de uma concentração maior de substrato para alcançar a metade da velocidade máxima, o que implica uma menor eficiência na reação enzimática. Por outro lado, uma baixa constante de K_m indica uma alta afinidade da enzima pelo substrato, o que significa que a enzima é mais eficiente (tem maior afinidade) em converter o substrato em produto mesmo com baixas concentrações dele (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Em resumo, um alto valor de K_m indica que a enzima tem menor afinidade pelo substrato e, conseqüentemente, uma menor eficiência catalítica. Enquanto um baixo valor de K_m é indicativo de uma enzima com alta afinidade pelo substrato e, portanto, mais eficiente em catalisar a reação.

2.4 Inibidores enzimáticos

Inibidores enzimáticos são moléculas que interferem no processo de catálise, diminuindo ou interrompendo as reações enzimáticas. Essas moléculas podem ser constituintes celulares, que participam de importantes processos na regulação das reações enzimáticas (alostéricos), ou serem adquiridas acidentalmente ou intencionalmente, como importantes medicamentos que atuam como inibidores enzimáticos. A presença dessas moléculas ocasiona alterações significativas no metabolismo, já que as enzimas são essenciais para o funcionamento metabólico (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

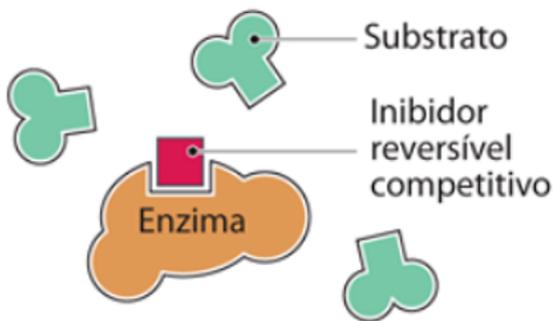
Os inibidores enzimáticos podem ser classificados em dois principais tipos: inibidores reversíveis e inibidores irreversíveis.

2.4.1 Inibidores reversíveis

Esse tipo de inibidor se liga temporariamente à enzima e pode ser removido, deixando-a em sua condição original. Ele pode se ligar de duas formas diferentes:

- Inibidores competitivos: que competem com o substrato pelo centro ativo da enzima, pois apresentam configuração espacial semelhante à do substrato. Sendo assim, quando são ligados à enzima, bloqueiam o acesso do substrato ao sítio ativo (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

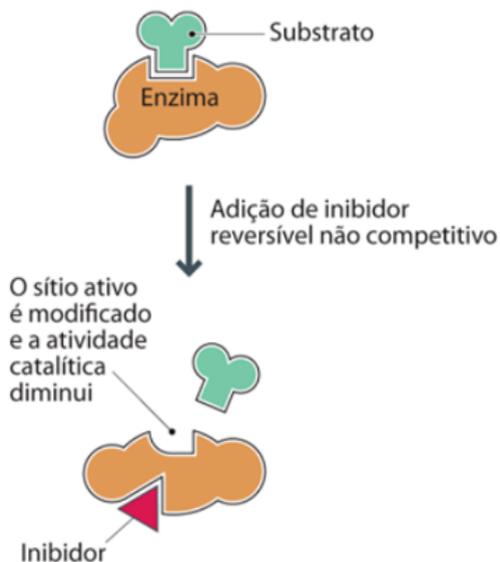
Figura 55 – Representação da ação dos inibidores enzimáticos reversíveis competitivos



Fonte: Brown, 2018.

- Inibidores não competitivos: esse tipo de inibidor não possui uma semelhança com o substrato e não compete pelo centro ativo da enzima. Em vez disso, ele se liga a resíduos de aminoácidos em sua cadeia lateral, o que leva à inibição da atividade da enzima pela distorção que causa no sítio ativo (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzzoco; Torres, 2022).

Figura 56 – Representação da ação dos inibidores enzimáticos não competitivos



Fonte: Brown, 2018.

2.4.2 Inibidores Irreversíveis

Eles se ligam de forma irreversível à enzima, tornando-a permanentemente inativa, pois provocam alterações no sítio ativo que impedem que ela se ligue ao seu substrato (Brown, 2018; Campbell, 2018; Marzocco; Torres, 2022).

2.5 Regulação da atividade enzimática

A capacidade de regular a atividade das enzimas é essencial para coordenar as diversas vias metabólicas nas células, responder às mudanças no ambiente e permitir o crescimento e a diferenciação harmônica do organismo. Existem dois mecanismos principais para controlar a atividade enzimática:

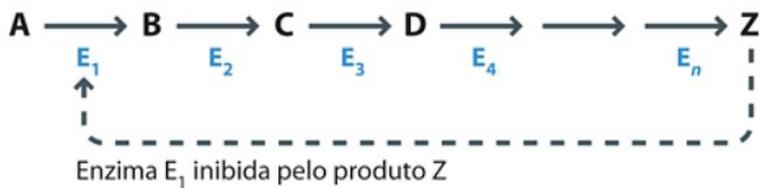
- Controle da quantidade de enzimas: por meio da velocidade de síntese e degradação das enzimas, o que determina sua quantidade na célula (exemplo: interferência hormonal) (Brown, 2018; Marzocco; Torres, 2022); e
- Controle da atividade das enzimas: por meio de mudanças na estrutura das moléculas enzimáticas, o que afeta a velocidade das reações que catalisam (exemplo: inibição alostérica) (Brown, 2018; Marzocco; Torres, 2022).

2.5.1 Regulação por retroalimentação (*feedback*)

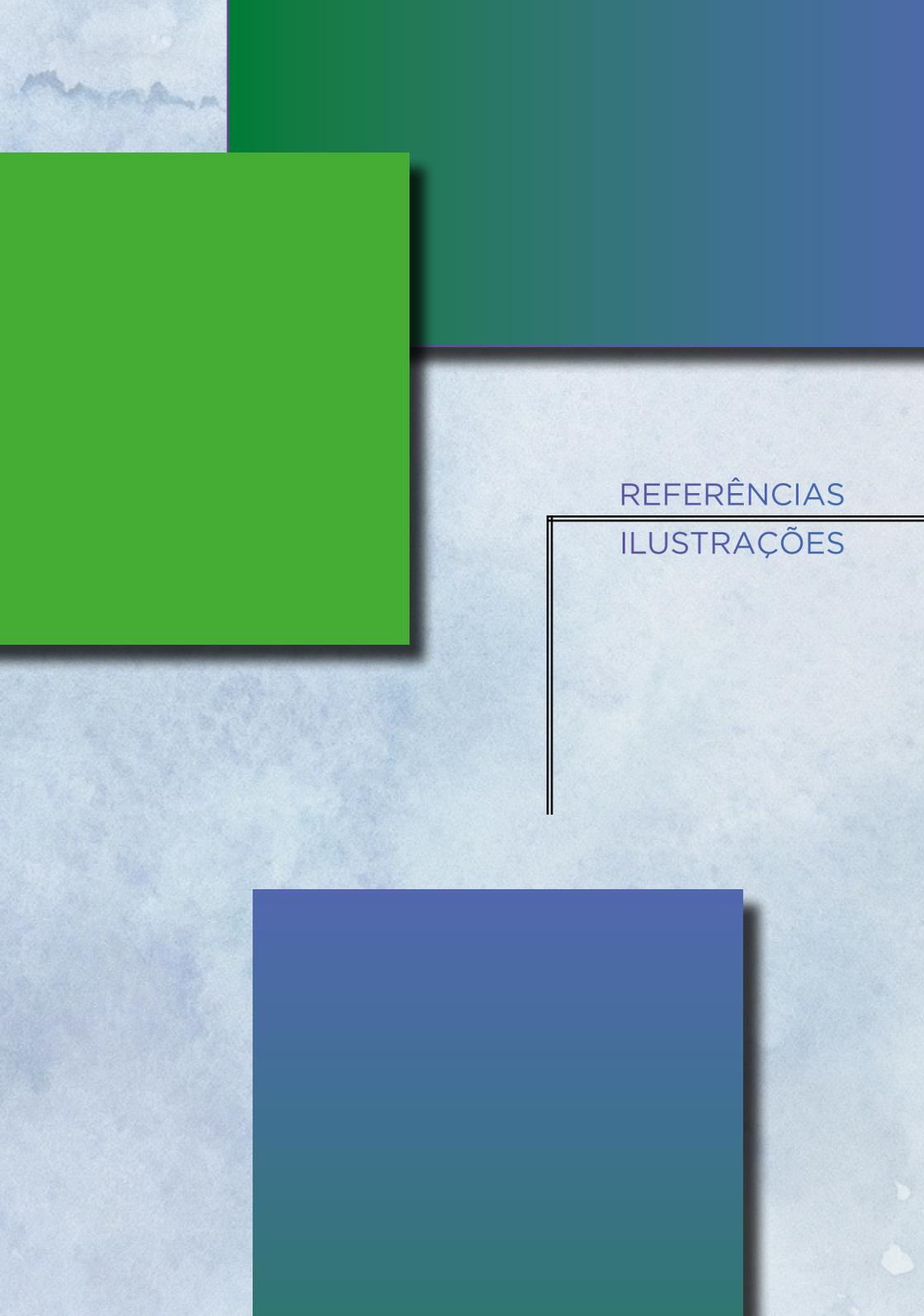
A regulação por retroalimentação é um tipo de regulação alostérica em que o produto de uma via metabólica atua como um regulador alostérico, influenciando a atividade de uma enzima na via (Brown, 2018).

Em outras palavras, se houver um acúmulo de produto em uma via metabólica, ele pode atuar como um modulador negativo (inibidor) da enzima, diminuindo a velocidade da via e sua própria produção. Este mecanismo previne a célula de desperdiçar recursos e energia (Brown, 2018).

Figura 57 - Representação esquemática da inibição de uma via metabólica por re-
troalimentação (*feedback* negativo)



Fonte: Brown, 2018.



REFERÊNCIAS
ILUSTRAÇÕES

REFERÊNCIAS

BERG, Jeremy M.; TYMOCZKO, John L.; GATTO JR. Gregory J.; STRYER, Lubert. **Bioquímica**. Guanabara Koogan, Grupo GEN, 2021. E-book. ISBN 9788527738224. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527738224/>. Acesso em: 28 mar. 2023.

BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, 2018. E-book. ISBN 9788527733038. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527733038/>. Acesso em: 15 maio 2023.

CAMPBELL, Mary K.; FARRELL, Shawn O. **Bioquímica**. 2. ed. Cengage, 2018.

CURI, Rui; PROCOPIO, Joaquim. **Fisiologia Básica**, 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan Grupo GEN, p. 637, 2017. E-book. ISBN 9788527732307. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527732307/>. Acesso em: 02 abr. 2024.

Hospital Sírio-Libanês. **Ômega, as gorduras do bem**. 2018. Disponível em: <https://hospitalsiriolibanes.org.br/imprensa/omegas-as-gorduras-do-bem>. Acesso em: 1o maio 2023.

LODISH, Harvey; BERK, Arnold; KAISER, Chris A.; et al. **Biologia Celular e molecular**. Artmed: Grupo A, 2014, p. 550. E-book. ISBN 9788582710500. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788582710500/>. Acesso em: 10 abr. 2023.

MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, 2022.

MOTTA, Valter T. **Bioquímica**. MedBook, 2011. E-book. ISBN 9786557830208. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9786557830208/>. Acesso em: 28 mar. 2023.

REFERÊNCIAS ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Fluxograma dos níveis de organização estrutural no corpo humano.

Fonte: MIRA, William. **Níveis de Organização dos Seres Vivos**. QueroBolsa, 2022. Disponível em: <https://querobolsa.com.br/enem/biologia/niveis-de-organizacao-dos-seres-vivos>. Acesso em: 02 out. 2023.

Figura 2 – Representação da estrutura da molécula de água. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 3 – Representação das ligações unidas por pontes de hidrogênio. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 44, 2018.

Figura 4 – Representação estrutural da molécula de adenosina trifosfato (ATP). Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 5 – Representação da faixa numérica do potencial hidrogeniônico (pH). Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 6 – Representação da dissociação de um ácido forte. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 7 – Representação da dissociação de um ácido fraco. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 8 – Representação do funcionamento de uma solução tampão quando há adição de íons H^+ na solução. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 9 – Representação do funcionamento de uma solução tampão quando há adição de íons OH^- na solução. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 10 – Representação da equação química do tampão fosfato. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 11 – Representação da equação química do tampão proteico. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 12 – Representação da equação química do tampão bicarbonato. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 13 – Representação esquemática do funcionamento do tampão bicarbonato. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 14 – Representação das unidades estruturais básicas dos carboidratos (grupo funcional). Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 15 – Representação das estruturas básicas dos monossacarídeos simples. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 108, 2018.

Figura 16 – Representação da estrutura química da pentose e hexose. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 109, 2018.

Figura 17 – Representação da formação da forma cíclica da glicose. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 111, 2018.

Figura 18 – Representação da ligação glicosídica da maltose. Fonte: Adaptado de MOTTA, Valter. **Bioquímica**. MedBook, p. 108, 2011.

Figura 19 – Classificação dos polissacarídeos quanto a sua estrutura. Fonte: FORSTER, Camila; DIAS, Julia; GIULIANI, Luccas; *et al.* **Tema 7: Polissacarídeos**. Universidade de São Paulo – USP, p. 2, 2016. Disponível em: https://edisciplinas.usp.br/pluginfile.php/2274176/mod_resource/content/0/Resumo_07_Gr09.pdf. Acesso em: 02 abr. 2024.

Figura 20 – Representação esquemática da regulação da glicemia. Fonte: próprios autores, 2024.

Figura 21 – Representação da estrutura de dois ácidos graxos com 18 carbonos. Fonte: Adaptado de MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 89, 2022.

Figura 22 – Representação da estrutura geral, saturada e insaturada dos ácidos graxos. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 84, 2018.

Figura 23 – Representação da configuração cis dos ácidos graxos. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 86, 2018.

Figura 24 – Configuração trans dos ácidos graxos. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 86, 2018.

Figura 25 – Representação da interação entre moléculas de ácidos graxos saturados (a) e entre saturados e insaturados (b). Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 91, 2022.

Figura 26 – Representação da estrutura química do ácido linolênico. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 90, 2022.

Figura 27 – Representação da estrutura química do ácido linoleico. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 90, 2022.

Figura 28 – Representação da nomenclatura dos ômega. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 88, 2018.

Figura 29 – Representação da estrutura do triacilglicerol. Fonte: Adaptado de MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 91, 2022.

Figura 30 – Representação da estrutura dos glicerofosfolípidios e esfingomielinas. Fonte: Adaptado de MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 91, 2022.

Figura 31 – Esquema geral de lípidios que contêm ácidos graxos. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 91, 2022.

Figura 32 – Representação da estrutura do colesterol. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 94, 2022.

Figura 33 – Representação estrutural das lipoproteínas plasmáticas. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 254, 2018.

Figura 34 – Representação da estrutura geral de um aminoácido. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 36, 2018.

Figura 35 – Representação da estrutura dos grupos R dos aminoácidos. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 37, 2018.

Figura 36 – Classificação dos aminoácidos quanto ao grupo R. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 10, 2022.

Figura 37 – Representação da ligação peptídica. Fonte: Adaptado de MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 16, 2022.

Figura 38 – Representação do resíduo amino-terminal e carboxi-terminal. Fonte: Adaptado de MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 16, 2022.

Figura 39 – Representação da estrutura primária de um aminoácido. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 45, 2018.

Figura 40 – Representação da conformação secundária – alfa-hélice. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 19, 2022.

Figura 41 – Representação da conformação da folha beta pregueada. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 21, 2022.

Figura 42 – Representação da estrutura terciária das proteínas. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 21, 2022.

Figura 43 – Representação da estrutura quaternária das proteínas. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 23, 2022.

Figura 44 – Representação dos quatro níveis hierárquicos da estrutura das proteínas. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 45, 2018.

Figura 45 – Representação gráfica da energia de ativação. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 135, 2018.

Figura 46 – Representação gráfica da energia de ativação com catalisador. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 136, 2018.

Figura 47 – Representação do modelo chave-fechadura. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 138, 2018.

Figura 48 – Representação do modelo de encaixe induzido. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 138, 2018.

Figura 49 – Representação da mudança na conformação da enzima induzida pela ligação com o seu substrato. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 57, 2022.

Figura 50 – Representação gráfica do efeito da temperatura e do pH na atividade enzimática. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 139, 2018.

Figura 51 – Representação gráfica da velocidade da reação enzimática (V₀) em função da concentração de enzima (E). Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 66, 2022.

Figura 52 – Representação gráfica da variação da velocidade da reação (V₀) em função da concentração de substrato (S). Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 65, 2022.

Figura 53 – Representação do ponto de saturação enzimática. Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 65, 2022.

Figura 54 – Representação gráfica da constante de Michaelis-Menten (Km). Fonte: MARZZOCO, Anita; TORRES, Bayardo B. **Bioquímica Básica**. 4. ed. Rio de Janeiro: Guanabara, p. 65, 2022.

Figura 55 – Representação da ação dos inibidores enzimáticos reversíveis competitivos. Fonte: Adaptado de BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 146, 2018.

Figura 56 – Representação da ação dos inibidores enzimáticos não competitivos. Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 147, 2018.

Figura 57 – Representação esquemática da inibição de uma via metabólica por retroalimentação (feedback negativo). Fonte: BROWN, T. A. **Bioquímica**. Guanabara Koogan: Grupo GEN, p. 147, 2018.



CENTRO UNIVERSITÁRIO
SÃO CAMILO