

LÍNGUA PORTUGUESA

TEXTO – COMO MUDAR O RUMO

Desde que a humanidade deixou de se preocupar apenas em sobreviver às doenças para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra, outro incômodo passou a ter prioridade. Voltando seu olhar ao redor, como se só então pudessem fazê-lo sem medo de contágio, os homens descobriram a pobreza e a terrível desigualdade social. Os que acumularam riqueza só pensavam em amealhar cada vez mais. Os que estavam no pé da pirâmide dificilmente conseguiam subir, a não ser com a ajuda de mãos caridosas.

Diferentemente daqueles que enxergam na ajuda filantrópica a única saída para este dilema milenar, há muitos que acreditam na força e na potência dos seres humanos, desde que lhes seja dada uma chance de se fazer ouvir por quem tem poder e capital.

1. Em função do que é lido no texto, o título "Como mudar o rumo" deve referir-se:
 - (A) à mudança das preocupações da humanidade;
 - (B) à substituição das doenças pelas preocupações sociais;
 - (C) ao comportamento diferente dos que amealharam grandes riquezas;
 - (D) aos que acreditam em algo mais do que a ajuda filantrópica para sanar problemas sociais;
 - (E) ao encaminhamento dos necessitados para a ajuda filantrópica.
2. "Desde que a humanidade deixou de se preocupar apenas em sobreviver às doenças para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra, outro incômodo passou a ter prioridade"; a nova forma dessa frase que altera o seu sentido original é:
 - (A) Outro incômodo passou a ter prioridade, desde que a humanidade deixou de se preocupar apenas em sobreviver às doenças para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra;
 - (B) Desde que a humanidade deixou de se preocupar apenas em sobreviver às doenças, outro incômodo passou a ter prioridade, para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra;
 - (C) Desde que a humanidade deixou de se preocupar, para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra, apenas em sobreviver às doenças, outro incômodo passou a ter prioridade;
 - (D) Outro incômodo passou a ter prioridade, desde que a humanidade deixou de se preocupar, para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra, apenas em sobreviver às doenças;
 - (E) Desde que a humanidade, para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra, deixou de se preocupar apenas em sobreviver às doenças, outro incômodo passou a ter prioridade.
3. "para garantir um pouco mais de sobrevida na Terra", o significado de "sobrevida" no texto é:
 - (A) prolongamento da vida além de limite dado;
 - (B) tudo o que ocorre em seguida à vida terrena;
 - (C) a continuidade da vida após o desaparecimento de outros;
 - (D) a sobrevivência com qualidade de vida;
 - (E) a continuidade da vida na Terra com poucas espécies que escaparam da extinção.
4. A expressão "ter prioridade" equivale semanticamente a "ser prioritário"; a alternativa abaixo que mostra uma equivalência EQUIVOCADA é:
 - (A) ter pressa = ser apressado;
 - (B) ter problemas = ser problemático;
 - (C) ter dificuldades = ser deficiente;
 - (D) ter preocupações = ser preocupado;
 - (E) ter desinteresse = ser desinteressado.
5. Ao dizer que "outro incômodo passou a ter prioridade", pode-se deduzir que:
 - (A) a situação anterior não era incômoda;
 - (B) passam a existir dois incômodos prioritários;
 - (C) o problema anterior foi solucionado;
 - (D) o incômodo anterior foi momentaneamente esquecido;
 - (E) outro incômodo fez com que o anterior ficasse em segundo plano.
6. "Voltando seu olhar ao redor, os homens descobriram a pobreza..."; a alternativa que mostra uma forma desenvolvida do gerúndio "voltando" que é adequada ao contexto é:
 - (A) antes de voltarem;
 - (B) quando voltaram;
 - (C) se voltassem;
 - (D) apesar de voltarem,
 - (E) embora voltassem.
7. "os homens descobriram a pobreza e a terrível desigualdade social"; a alternativa que mostra uma forma INADEQUADA dessa frase por alterar o seu sentido original é:
 - (A) A pobreza foi descoberta pelos homens, juntamente com a terrível desigualdade social;
 - (B) A pobreza e a terrível desigualdade social foram descobertas pelos homens;
 - (C) A pobreza e a terrível desigualdade social, os homens as descobriram;
 - (D) Os homens descobriram, além da pobreza, a terrível desigualdade social;
 - (E) Pela terrível desigualdade social, os homens descobriram a pobreza.
8. "Os que acumularam riqueza só pensavam em amealhar cada vez mais"; a alternativa que mostra a reescrita dessa mesma frase em que a mudança de posição da palavra só NÃO altera o sentido original é:
 - (A) Só os que acumularam riqueza pensavam em amealhar cada vez mais;
 - (B) Os que só acumularam riqueza, pensavam em amealhar cada vez mais;
 - (C) Os que acumularam só riqueza pensavam em amealhar cada vez mais;
 - (D) Os que acumularam riqueza pensavam só em amealhar cada vez mais;
 - (E) Os que acumularam riqueza pensavam em amealhar só cada vez mais.

9. "Os que estavam ao pé da pirâmide dificilmente conseguiram subir"; os que estão "ao pé da pirâmide" são:
- (A) os desejosos de progredir socialmente;
 - (B) os de classe social mais alta;
 - (C) os que ajudam os demais a subir socialmente;
 - (D) os mais pobres;
 - (E) os que acreditam na força e na potência dos seres humanos.
10. "desde que lhes seja dada uma chance de se fazer ouvir"; o conectivo "desde que" expressa uma
- (A) condição;
 - (B) situação temporal;
 - (C) comparação;
 - (D) causa;
 - (E) concessão.

BIOLOGIA MOLECULAR

11. Observe as afirmativas a seguir, em relação à estrutura terciária do DNA:

I. O superenrolamento de uma molécula de DNA (*DNA supercoiling*) é positivo quando a torção se dá para a direita, ou seja, no mesmo sentido que o giro da dupla-hélice do DNA B.

II. O DNA celular apresenta-se normalmente com superenrolamento positivo. O superenrolamento negativo só ocorre transitoriamente e em zonas restritas durante os processos de replicação e transcrição.

III. O superenrolamento do DNA é controlado por enzimas denominadas topoisomerases que atuam catalisando a quebra e a reunião das ligações fosfodiéster do DNA.

Assinale a alternativa correta.

- (A) apenas a afirmativa I está correta;
- (B) apenas as afirmativas II e III estão corretas;
- (C) apenas as afirmativas I e II estão corretas;
- (D) apenas as afirmativas I e III estão corretas;
- (E) todas as afirmativas estão corretas.

12. Em relação à replicação em procariotos, NÃO é correto afirmar que:

- (A) os fragmentos de Okazaki são curtas seqüências de nucleotídeos sintetizadas durante a replicação do DNA, que são posteriormente unidas;
- (B) proteínas denominadas SSB (do inglês, *Single Strand DNA Binding*) são moléculas que se ligam a cadeias simples do DNA impedindo o processo de renaturação com cadeias complementares e a formação de hairpins;
- (C) na forquilha de replicação atuam duas polimerases do DNA, uma que catalisa o crescimento da cadeia polinucleotídica no sentido 5' \rightarrow 3' e a outra que catalisa a síntese no sentido inverso;
- (D) a polimerase I do DNA é uma enzima de reparo com atividades enzimáticas de polimerização e exonucleolítica;
- (E) a replicação do cromossomo da bactéria *Escherichia coli* tem início em um único sítio denominado *oriC*.

13. Considere uma espécie diplóide, $2n = 10$ cromossomos. Quanto ao número de moléculas de DNA nuclear dupla-hélice nessa espécie, NÃO é correto afirmar que uma célula em:

- (A) fase G1 da interfase possui 10 moléculas;
- (B) fase G2 da interfase possui 20 moléculas;
- (C) em metáfase I da meiose 10 moléculas;
- (D) em metáfase II da meiose 10 moléculas;
- (E) em metáfase da mitose possui 20

14. Observe as afirmativas a seguir, em relação à transcrição do DNA em eucariotos:

I. A polimerase do RNA contém quatro tipos de subunidades, alfa, beta, beta' e sigma, sendo o fator sigma necessário para o reconhecimento do local de início da transcrição.

II. A polimerase II do RNA transcreve os genes cujos RNAs serão traduzidos em proteínas.

III. A adição de um nucleotídeo G metilado na extremidade 5' do transcrito forma o 5' cap, uma de suas funções parece ser a de proteger o RNA sendo sintetizado da degradação.

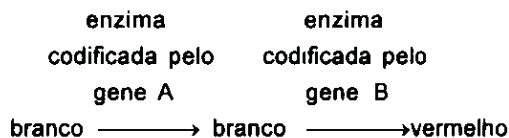
Assinale:

- (A) apenas a afirmativa I está correta;
- (B) apenas as afirmativas II e III estão corretas;
- (C) apenas as afirmativas I e II estão corretas;
- (D) apenas as afirmativas I e III estão corretas;
- (E) todas as afirmativas estão corretas.

15. É uma característica comum da tradução em procariotos e eucariotos:

- (A) o RNAt iniciador carrega sempre uma N-formilmetionina;
- (B) a agregação do ribossomo ao RNAm tão logo a extremidade 5' do RNAm se solta do DNA molde;
- (C) a presença do fator de iniciação eIF-2 que participa do complexo ternário juntamente com o Met-RNAt e GTP;
- (D) na iniciação da tradução os ribossomos deslizam até encontrar o códon de iniciação;
- (E) a ligação de um RNAt com seu aminoácido específico é catalisada por uma enzima chamada sintetase do aminoacil-RNAt.

16. Em uma espécie de planta, a cor da flor é determinada por dois genes localizados em cromossomos diferentes, cujos alelos dominantes, A e B, respectivamente, codificam enzimas funcionais. Os alelos recessivos de cada um desses genes (a e b) produzem enzimas anormais que não podem catalisar a reação na via biossintética para o pigmento da flor. Essa via é representada do seguinte modo.



Duas plantas com flores brancas, homozigóticas para ambos os genes, foram cruzadas e produziram toda descendência com flores vermelhas (F1). A frequência esperada dos diferentes fenótipos na descendência resultante da autofecundação dessas plantas vermelhas (F1) deverá ser:

- (A) 9:3:3:1;
- (B) 3:1;
- (C) 15:1;
- (D) 9:7;
- (E) 1

17- Durante a extração de DNA, a utilização de etanol tem por finalidade:

- (A) romper as membranas celulares;
- (B) degradar moléculas de RNA;
- (C) desnaturar lipídios;
- (D) precipitar o DNA;
- (E) precipitar proteínas.

18. Observe as afirmativas a seguir, em relação à técnica de eletroforese:
- I a taxa de migração do DNA em um gel de agarose depende da concentração de agarose no gel; da voltagem aplicada e da configuração das moléculas de DNA.
 - II. o brometo de etídio é um mutagênico potente que cora o DNA por intercalar-se entre as bases dos ácidos nucléicos e fluorescer quando iluminado por luz ultravioleta
 - III géis de poliacrilamida são comumente utilizados para separação de grandes moléculas de DNA com tamanho superior a 20.000 pares de bases.
- Assinale a alternativa correta:
- (A) apenas a afirmativa I está correta;
 - (B) apenas as afirmativas II e III estão corretas;
 - (C) apenas as afirmativas I e II estão corretas;
 - (D) apenas as afirmativas I e III estão corretas;
 - (E) todas as afirmativas estão corretas.
19. Uma biblioteca de cDNA é uma coleção de vetores que contém insertos de DNA:
- (A) correspondentes a todo DNA presente em um organismo;
 - (B) correspondentes a moléculas de DNA circulares;
 - (C) correspondentes a todos os RNA de um de um organismo;
 - (D) correspondentes a todos os RNA mensageiros de um tipo celular em uma época particular do desenvolvimento;
 - (E) ricos em citosina.
20. Os didesoxirribonucleotídeos utilizados no seqüenciamento do DNA são:
- (A) nucleotídeos trifosfatados em que falta o grupo 5' - OH;
 - (B) nucleotídeos trifosfatados modificados que bloqueiam a reação quando incorporados na cadeia de DNA em crescimento;
 - (C) nucleotídeos trifosfatados que não são reconhecidos pela DNA polimerase;
 - (D) desoxirribonucleotídeos difosfatados que bloqueiam a reação quando incorporados na cadeia de DNA em crescimento;;
 - (E) desoxirribonucleotídeos trifosfatados que possuem dois grupos OH.
21. Se você colocou sua seqüência X e rodou o programa BLAST contra um banco de dados qualquer, o valor E (*E-value*) ao lado de uma seqüência Y está relacionado com:
- (A) a probabilidade de X e Y serem homólogas;
 - (B) o número de vezes que as seqüências X e Y foram encontradas no banco de dados;
 - (C) a probabilidade das seqüências X e Y serem similares,
 - (D) a probabilidade delas não serem homólogas;
 - (E) o número de vezes que a seqüência Y foi encontrada no banco de dados.
22. Assinale a afirmativa verdadeira sobre a estrutura secundária de proteínas:
- (A) mudanças no ambiente sempre modificam a estrutura secundária de proteínas celulares;
 - (B) mesmo quando estão desnaturadas, as proteínas mantêm a sua função primária;
 - (C) uma vez renaturadas, após a desnaturação, as proteínas recuperam suas funções catalíticas;
 - (D) as proteínas chaperonas têm um papel importante na proteção do sítio catalítico quando as proteínas são desnaturadas;
 - (E) as cadeias de aminoácidos contêm toda a informação necessária para proteínas se renaturarem.
23. São características de um promotor bacteriano, EXCETO:
- (A) o sítio de início de transcrição, que em geral é uma purina;
 - (B) a região TATA box, localizada ao redor do sítio -10,
 - (C) a presença de uma proteína denominada fator rho;
 - (D) uma seqüência consenso localizada ao redor do sítio -35;
 - (E) a distância entre os sítios -10 e -35, que varia em torno de 16 pares de bases.
24. O mecanismo de regulação gênica que envolve o término pré-maturo da transcrição é chamado.
- (A) alosteria;
 - (B) repressão catabólica;
 - (C) operon;
 - (D) controle negativo indutível;
 - (E) atenuação.

25. Suponha um operon da bactéria *Escherichia coli* com um gene regulador, um gene operador e um gene estrutural. Esses genes estão representados pelas letras x, y e z com os sinais sobrescritos (+) e (-) indicativos, respectivamente, das formas selvagem e mutante dos genes. A capacidade dos diversos genótipos sintetizarem a enzima indutível, correspondente ao gene estrutural, em condição induzida e não-induzida, está mostrada na tabela a seguir.

Genótipos	Fenótipos	
	ausência de indutor	presença de indutor
$x^+ y^+ z^+$	-	+
$x^- y^+ z^+$	+	+
$x^+ y^+ z^-$	+	+
$x^+ y^- z^-$	-	-
$x^+ y^- z^+ / x^- y^+ z^+$	+	+
$x^+ y^+ z^- / x^- y^+ z^+$	-	+
$x^+ y^+ z^- / x^- y^- z^+$	-	+
$x^- y^+ z^+ / x^+ y^+ z^+$	+	+

(+) = presença da enzima correspondente ao gene estrutural.

(-) = ausência da enzima correspondente ao gene estrutural.

O gene estrutural, o gene regulador e o gene operador correspondem, respectivamente às letras:

- (A) x, y, z;
- (B) y, z, x;
- (C) y, x, z;
- (D) z, x, y;
- (E) z, y, x.

26. O número de possibilidades de alinhamento para duas seqüências de dois pares de bases cada (considere apenas alinhamentos com pelo menos um sítio sem deleção) é igual a:

- (A) um;
- (B) dois;
- (C) três;
- (D) quatro;
- (E) zero.

27. As afirmativas abaixo sobre genes homólogos estão corretas, EXCETO:

- (A) genes ortólogos são genes homólogos que divergiram a partir de um evento de duplicação gênica;
- (B) nem todos os genes que apresentam alguma similaridade são genes homólogos;
- (C) tanto genes ortólogos como genes parálogos são genes homólogos;
- (D) homologia não é sinônimo de similaridade;
- (E) dois genes parálogos podem estar presentes numa única célula.

28. São elementos necessários na técnica de amplificação do DNA através da reação da polimerase em cadeia (PCR):

- (A) DNA molde, DNA polimerase, *pnmers*, dNTPs, termociclador;
- (B) DNA molde, Taq polimerase, primers, dNTPs, endonucleases;
- (C) DNA molde, Taq polimerase, primers, dNTPs, endonucleases, termociclador,
- (D) DNA molde, DNA polimerase, primers, dNTPs, endonucleases, termociclador;
- (E) DNA molde, Taq polimerase, primers, dNTPs, etanol, termociclador

29. Observe as alternativas a seguir, em relação à técnica da reação de amplificação em cadeia (PCR):

I. uma grande quantidade de DNA pode ser sintetizada a partir de um DNA molde, desde que seqüências flanqueadoras à seqüência molde sejam conhecidas.

II. a temperatura de fusão (T_m - *temperature melting*) é definida como a temperatura em que 50% das moléculas de dupla hélice do DNA estão desnaturadas, sendo uma informação relevante para a determinação da temperatura adequada para a hibridação dos primers ao DNA molde.

III. a enzima Taq polimerase, obtida da bactéria *Thermus aquaticus*, facilitou tremendamente a utilização da técnica de reação de polimerase em cadeia porque permite a hibridação dos primers ao DNA molde mesmo quando a reação é submetida a altas temperaturas.

Assinale a alternativa correta:

- (A) apenas a afirmativa I está correta;
- (B) apenas as afirmativas II e III estão corretas;
- (C) apenas as afirmativas I e II estão corretas;
- (D) apenas as afirmativas I e III estão corretas;
- (E) todas as afirmativas estão corretas

30. Observe as alternativas a seguir, em relação à aplicação da reação de amplificação em cadeia (PCR):

I. é uma técnica amplamente utilizada na recuperação de seqüências de DNA de fósseis com mais de 50 milhões de anos.

II. pode apresentar resultados falso-positivos devido a sua habilidade em amplificar quantidades de DNA extremamente pequenas.

III. permite a detecção de agentes infecciosos mesmo quando estes estão presentes em níveis muito baixos.

Assinale a alternativa correta:

- (A) apenas a afirmativa I está correta;
- (B) apenas as afirmativas II e III estão corretas;
- (C) apenas as afirmativas I e II estão corretas;
- (D) apenas as afirmativas I e III estão corretas;
- (E) todas as afirmativas estão corretas.

BIOLOGIA MOLECULAR

31. No estudo da cinética de uma enzima *in vivo* fez-se a quantificação de sua atividade em extratos de proteínas purificadas de células cultivadas sob diferentes situações e após diferentes tempos de cultivo. Neste estudo é correto afirmar que:
- (A) as atividades observadas seriam as mesmas observadas em reações com a enzima purificada e seu substrato, incubados sob as diferentes condições de ensaio testadas;
 - (B) atividades de outras enzimas do substrato celular não interferem com a atividade da enzima em estudo;
 - (C) a atividade determinada certamente é da enzima em estudo;
 - (D) as atividades quantificadas devem ser interpretadas em relação à concentração de proteínas totais de cada extrato testado;
 - (E) a clonagem, superexpressão do gene desta enzima em sistema heterólogo e purificação da enzima para posterior determinação de sua cinética, ofereceriam igual resultado à cinética observada se a enzima nativa fosse purificada do extrato celular.
32. Num estudo pretende-se avaliar o efeito da proteção do ATP e do magnésio após interação com uma enzima, reduzindo os efeitos deletérios do hidrocloreto de guanidina (Gu-HCl). Neste estudo NÃO é correto ter a cinética desta enzima avaliada:
- (A) sem o ATP e magnésio e sem o Gu-HCl para comparação;
 - (B) sem o ATP e magnésio e com diferentes concentrações de Gu-HCl para comparação;
 - (C) com diferentes concentrações de ATP e magnésio e sem o Gu-HCl para comparação;
 - (D) com diferentes concentrações de ATP e magnésio e com diferentes concentrações de Gu-HCl para comparação, incubando a enzima com o ATP e magnésio e posteriormente adicionando Gu-HCl;
 - (E) com diferentes concentrações de ATP e magnésio e com diferentes concentrações de Gu-HCl para comparação, sendo adicionado ao frasco a enzima e por último a mistura de ATP, magnésio e Gu-HCl.
33. O seqüenciamento do genoma do patógeno *Borrelia burgdorferi* mostrou a presença de um número elevado de plasmídeos e de genes de lipoproteínas que podem estar associadas à membrana. Sabendo-se que esta bactéria coloniza carrapatos e vários tecidos de diferentes mamíferos, NÃO é correto dizer que:
- (A) assim como toda bactéria, os genes de maior relevância para colonização dos hospedeiros e vetor devem estar nos cromossomos, que carregam os genes vitais da célula;
 - (B) a complexidade de proteínas de superfície pode ter relação com a capacidade desta bactéria colonizar vetor e diferentes hospedeiros mamíferos,
 - (C) a complexidade de proteínas de superfície pode ter relação com a capacidade desta bactéria escapar do sistema imune mamífero;
 - (D) a complexidade de proteínas de superfície pode ter relação com a capacidade desta bactéria migrar para diferentes tecidos do vetor e dos hospedeiros mamíferos;
 - (E) a análise de seu genoma não deve ser realizada a partir de DNA obtido de *B. burgdorferi* crescidas em meio de cultura por muitas gerações e sem a preocupação com a perda de plasmídeos, já que não é certo se haverá pressão seletiva para mantê-los como parte integrante do genoma de toda população
34. Para o seqüenciamento de DNA pelo método de Sanger, NÃO é correto:
- (A) utilizar um iniciador marcado;
 - (B) utilizar quatro tipos de di-desoxi-ribonucleotídeos;
 - (C) utilizar ddNTPs marcados;
 - (D) utilizar Taq DNA polimerase ou outra DNA polimerase termo resistente;
 - (E) utilizar simultaneamente os iniciadores para as extremidades do fragmento a ser seqüenciado.
35. Sobre os di-desoxi-ribonucleotídeos, é correto afirmar que:
- (A) devem ser adicionados juntamente com ATP, TTP, GTP e CTP para garantir a possibilidade de alongamento da fita de DNA nascente até que um determinado di-desoxiribonucleotídeo seja incorporado;
 - (B) não possuem o oxigênio no carbono 2'.
 - (C) não possuem os radicais -OH das posições 2' e 5' da pentose;
 - (D) definem a parada da polimerização do DNA à cada vez que eles são incorporados na fita de DNA nascente, impedindo que novos desoxi ou di-desoxi-ribonucleotídeos sejam incorporados;
 - (E) bloqueiam a atividade da DNA polimerase
36. Três espécies muito relacionadas de um mesmo gênero tiveram seus genomas seqüenciados. Uma delas é um patógeno humano e as outras duas são microrganismos de vida livre. É correto afirmar que:
- (A) a comparação entre seus genomas pode identificar genes possivelmente relacionados à interação com o hospedeiro e à virulência,
 - (B) a comparação entre seus genomas não permitiria a identificação de genes possivelmente relacionados à interação com o hospedeiro,
 - (C) todos os genes expressos podem ser identificados;
 - (D) todos os genes expressos podem ser identificados ao comparar os três genomas,
 - (E) genomas de espécies distintas não são comparáveis.

37. Sobre a análise de EST ("expressed sequence tags", é INCORRETO afirmar que:

- (A) são seqüenciados os cDNAs do organismo sob várias situações ambientais ou de cultivo e de diferentes tecidos;
- (B) podem ser usadas as frequências de ocorrência de um determinado transcrito em diferentes situações para interpretações sobre a regulação de sua expressão;
- (C) são avaliados os padrões de expressão de todos os genes do organismo;
- (D) considerando um organismo superior, para se obter informações de um efeito ambiental sobre a expressão gênica, é necessário que sejam comparados perfis de transcritos de um mesmo tecido do organismo sob as situações de cultivo distintas;
- (E) diferentes tecidos de um organismo mesmo possuindo genomas idênticos, apresentam populações de mRNAs distintas.

38. Uma das fitas de uma molécula de DNA está apresentada:

5'GGCGAGTGAGTCAGAACAGAGAGATCTCTGAA

Considere que iniciadores de 10 nucleotídeos funcionem para esta reação de PCR hipotética. Para amplificação por PCR da região sublinhada é correto:

- (A) utilizar os iniciadores 5'GGCGAGTGAG 3' e 5'GATCTCTGAA 3';
- (B) utilizar os iniciadores 5'CTCACTCGCC 3' e 5'GATCTCTGAA 3';
- (C) utilizar os iniciadores 5'CCGCTCACTC 3' e 5'CTAGAGACTT 3';
- (D) utilizar os iniciadores 5'GGCGAGTGAG 3' e 5'TTCAGAGATC 3';
- (E) utilizar os iniciadores 5'GGCGAGTGAG 3' e 5'CTAGAGACTT 3'.

39. É INCORRETO afirmar que o sequenciamento de DNA pode:

- (A) ser baseado em clivagem química, segundo o método de Maxam-Gilbert;
- (B) ser feito durante uma reação de PCR utilizando ddNTPs;
- (C) utilizar ddNTPs marcados radiativamente, sendo cada um dos quatro empregados em reações separadas contendo todos os dNTPs necessários para síntese de DNA em todas as reações;
- (D) utilizar marcação para ter fluorescência específica para cada ddNTP, possibilitando utilizá-los em conjunto numa mesma reação contendo todos os dNTPs necessários para síntese de DNA e leitura em seqüenciador automático;
- (E) ser analisado em gel de poliácridamida desnaturante ou em capilar, no caso de alguns seqüenciadores automáticos.

40. Avalie as afirmativas sobre os plasmídeos, preparações de DNA plasmidial e seqüenciamento:

- I. para purificação de um plasmídeo com genes que conferem resistência à ampicilina (Ap) e canamicina (Km) é recomendado que a linhagem seja cultivada em meio contendo Ap e/ou Km.

II. é recomendado que a identidade do DNA plasmidial seja sempre confirmada pelo perfil de restrição, tamanho ou verificando-se a presença de algum gene específico.

III. plasmídeos representam moléculas de DNA que se replicam independente do cromossomo e podem ser de cópia única ou multi-cópias, ter poucas centenas de nucleotídeos ou até o tamanho de um cromossomo e geralmente contêm genes para características acessórias.

IV. a preparação de DNA plasmidial pode ser feita por lise alcalina em tubos ou utilizando resinas ou colunas comerciais para purificação.

V. a reação para o seqüenciamento é feita antes de se colocar a amostra no seqüenciador, o qual apenas faz a corrida e leitura do produto da reação

Assinale a alternativa correta:

- (A) todas estão corretas;
- (B) apenas as afirmativas I, III e IV são corretas;
- (C) apenas as afirmativas I e IV são incorretas;
- (D) apenas a afirmativa II, III e V estão incorretas,
- (E) apenas a afirmativa V está incorreta

41. Na anotação do genoma de uma espécie de endoparasita obrigatório notaram-se eventos de duplicação em três genes não seqüenciais em uma determinada via metabólica crucial. Estes mesmos genes estavam ausentes do genoma do hospedeiro. Leia as afirmativas a seguir:

- I. os eventos de duplicação gênica não podem ter ocorrido antes dos de deleção.
- II. a anotação do genoma tem que ser refeita
- III. a seleção natural favoreceu a ocorrência do evento de duplicação, depois da deleção.

Assinale a alternativa correta:

- (A) as três alternativas são corretas;
- (B) apenas as duas primeiras são corretas;
- (C) apenas as duas últimas são corretas;
- (D) as três são incorretas;
- (E) apenas a primeira alternativa é correta.

42. Sobre os inícios da Bioinformática, NÃO é correto afirmar:

- (A) a área, desde seus primórdios, usa abordagens computacionais para resolver problemas biológicos;
- (B) é uma área que se iniciou multidisciplinar e, hoje, pode ser considerada interdisciplinar;
- (C) a primeira revista a publicar artigos da área foi *Computer Applications in the Biosciences* (CABIOS) em 1985;
- (D) os primeiros bancos de dados genômicos eram enviados por e-mail aos usuários catalogados;
- (E) a rede mundial de computadores modificou o cenário da bioinformática no mundo

43. Na fase final de montagem de um genoma de um patógeno, foi descoberto uma região repetitiva de 10.000 pares de bases em aberto. Avalie as afirmativas abaixo:

- I. o processo de anotação do genoma pode ser iniciado sem a seqüência completa.
- II. deve-se desenhar *primers* para as regiões adjacentes e tentar seqüenciar as região.
- III. pode-se iniciar o genoma funcional do patógeno, mesmo sem a seqüência completa.

Assinale:

- (A) as três afirmativas são verdadeiras;
- (B) apenas as duas primeiras são verdadeiras;
- (C) as duas última são verdadeiras;
- (D) apenas a primeira e a terceira são verdadeiras;
- (E) apenas a segunda é verdadeira.

44. Comparando proteínas com o mesmo nome em diferentes espécies, NÃO podemos encontrar as que:

- (A) são similares na seqüência, mas têm expressão diferenciada;
- (B) não são homólogas, mas tem a mesma função;
- (C) são homólogas, mas tem função diferente;
- (D) têm número Enzyme Comission diferentes;
- (E) têm número de acesso iguais.

45. Numa análise funcional, defina I. *candidate matches*, II. Domínio, III. *query sequence*:

- (A) I. Proteínas homólogas com a seqüência query, II. Região do sítio ativo de uma enzima, III. Seqüência a ser identificada;
- (B) I. Proteínas potencialmente ortólogas com a seqüência query, II. Região do sítio ativo de uma enzima, III. Seqüência que já teve a análise funcional terminada;
- (C) I. Proteínas potencialmente homólogas com a seqüência query, II. Parte de uma proteína com estrutura conservada, III. Seqüência a ser identificada;
- (D) I. Proteínas potencialmente homólogas com a seqüência query, II. parte de uma proteína com estrutura conservada, III. Seqüência que já teve a análise funcional terminada;
- (E) I. Proteínas potencialmente parálogas com a seqüência query, II. Região de uma proteína com estrutura pouco conservada, III. Seqüência a ser identificada.

46. Sobre a relação estrutura x função em genômica funcional, NÃO é correto afirmar que:

- (A) alguns tipos de aminoácidos são propensos inerentemente a estarem na superfície da proteína outros não;
- (B) domínios funcionais possuem normalmente de 100 a 200 aminoácidos;
- (C) em alinhamentos protéicos, existe uma tendência clara à conservação de classes de aminoácidos quando comparadas à mesma posição entre as seqüências;
- (D) existe uma distribuição relativamente aleatória dos aminoácidos ao longo das seqüências primárias de proteínas;
- (E) sítios ativos estão normalmente enterrados no interior da proteína e em alças.

47. Você amplificou um determinado fragmento de 1000 pares de base por PCR. Em seguida, fez o seqüenciamento (direto) usando *primers forward* e *reverse*. A seqüência do *forward* ficou boa, mas não a do *reverse*. Avalie as afirmativas abaixo:

- I. tudo deve ser iniciado novamente desde a extração do DNA.
- II. o seqüenciamento *reverse* deve ser refeito.
- III. os *primers forward* e *reverse* têm que vir a ser redesenhadas.

Assinale:

- (A) apenas a primeira afirmativa é verdadeira;
- (B) apenas a segunda afirmativa é verdadeira;
- (C) apenas a terceira afirmativa é verdadeira;
- (D) apenas a primeira e a segunda são verdadeiras;
- (E) apenas a segunda e a terceira são verdadeiras.

48. No algoritmo do programa CLUSTALW de alinhamento, três fases são distinguíveis: o alinhamento par a par; a construção do dendrograma e o alinhamento múltiplo final. Sobre o dendrograma podemos dizer que:

- (A) é usado para ordenação do alinhamento par a par;
- (B) é interpretado pelo CLUSTALW como um precursor da árvore filogenética;
- (C) é usado para ordenação do alinhamento múltiplo final;
- (D) não é usado;
- (E) é usado para calcular a matriz de transição em alinhamentos protéicos.

49. Em cromossomos eucarióticos existem regiões de maior ou menor dificuldade de seqüenciamento. A seguir estão listadas as regiões mais difíceis de serem seqüenciadas, EXCETO:

- (A) regiões de heterocromatina;
- (B) telômeros;
- (C) região próximas aos centrômeros;
- (D) braço pequeno dos cromossomos acrocêntricos;
- (E) Braço longo dos cromossomos metacêntricos.

50. No projeto de genoma funcional da espécie X, foram encontradas diversas vias metabólicas já conhecidas em Y e Z, espécies do mesmo gênero que X. Entretanto, numa via em particular, sete enzimas não foram encontradas. Essas sete enzimas estão presentes nas vias metabólicas de Y e Z em seqüência. A explicação mais razoável para esta questão é:

- (A) o seqüenciamento do genoma das espécies Y e Z foi mal feito;
- (B) o seqüenciamento do genoma da espécie X foi mal feito;
- (C) a anotação do genoma de Y e Z foi mal feita;
- (D) a anotação do genoma de X foi mal feita;
- (E) a espécie X apresenta uma via metabólica alternativa.