

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 reescritura 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 conseguiam 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.

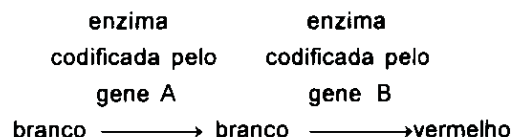
Assinale:

- (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, homozogóticas para ambos os genes, foram cruzadas e produziram toda descendência com flores vermelhas (F1). A freqüência 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, *primers*, 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 CELULAR E MOLECULAR EM ATIVIDADES DE PESQUISA PÓS-GENÔMICA

31. Sobre a preparação de amostras para gel bidimensional de proteínas, é correto:

- (A) sonicar, usar lise osmótica, congelamento-descongelamento, prensa francesa, homogeneização com bilhas de vidro ou maceração para a lise de tecidos ou células;
- (B) usar SDS no tampão de corrida da primeira-dimensão de focalização isoeletrica;
- (C) não re-hidratar as tiras antes da etapa de focalização isoeletrica;
- (D) não considerar o pI das proteínas;
- (E) não tratar as amostras com SDS para a corrida na segunda-dimensão para separação por peso molecular.

32. Sobre a focalização isoeletrica na técnica de gel bidimensional de proteínas, é correto afirmar que:

- (A) nesta etapa as proteínas são separadas pelo peso molecular;
- (B) nesta etapa as proteínas são separadas pelo pI, ou seja, a quantidade total de cargas positivas;
- (C) nesta etapa as proteínas são separadas pelo pI, ou seja, a quantidade total de cargas negativas;
- (D) é necessário aplicar SDS-PAGE;
- (E) nesta etapa as proteínas são separadas pelo pI, ou seja, o pH onde a carga total da proteína é nula.

33. Observe as afirmativas sobre a análise por microarranjo:

- I. sondas de DNA amplificadas por PCR ou oligonucleotídeos são covalentemente imobilizadas em lâminas ativadas.
- II. lâminas de microarranjo com DNA imobilizado podem ser aplicadas para a análise de expressão de genes e até mesmo para comparar o genoma de populações filogeneticamente próximas.
- III. proteínas também podem ser imobilizadas em lâminas de microarranjo e em alguns casos usadas num formato de ELISA.

Assinale a alternativa correta:

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

34. Sobre o seqüenciamento de genomas, é correto afirmar que:

- (A) tendo-se a seqüência de todo o genoma de um organismo pode-se prever os genes necessários para a colonização de um hospedeiro;

(B) tendo-se a seqüência de todo o genoma de um organismo, é possível saber todos os genes expressos de um organismo,

(C) comparando-se as seqüências dos genomas de uma linhagem estritamente de vida livre, com outra filogeneticamente próxima e estritamente parasita, é possível identificar alguns genes necessários para a interação com o hospedeiro;

(D) comparando-se as seqüências dos genomas de uma linhagem simbiote do animal "A" com outra filogeneticamente próxima e estritamente parasita de "A", é possível identificar alguns genes relacionados à especificidade de hospedeiro;

(E) não é possível seqüenciar o genoma de um microorganismo intracelular.

35. Vários vetores de doenças humanas são insetos hematófagos. Observe as afirmativas sobre um projeto "sialoma" para identificar mRNAs especificamente produzidos nas células de glândula salivar destes organismos:

I. potencialmente esta análise identifica apenas mRNA de genes estruturais da glândula salivar.

II. potencialmente esta análise identifica mRNA de genes que codificam proteínas estruturais e secretadas na saliva, assim como de proteínas relacionadas à biossíntese de fatores não protéicos da saliva.

III. não é relevante utilizar células de glândula salivar de animais durante alimentação ativa.

IV. esta análise pode identificar compostos imuno moduladores da saliva deste vetor hematófago.

Assinale a alternativa correta:

- (A) apenas a alternativa II está correta;
- (B) apenas a alternativa IV está correta;
- (C) apenas a alternativa III está correta;
- (D) apenas as alternativas II e IV estão corretas;
- (E) apenas as alternativas I e III estão corretas.

36. Observe as afirmativas sobre o genoma:

I. é a composição de DNA cromossômico de um organismo.

II. é a composição de DNA e RNA relativo ao cromossomo de um organismo.

III. é a composição genética de um organismo incluindo todos os replicons presentes em suas células.

IV. o genoma de um organismo é capaz de sustentar sua viabilidade, com algumas exceções, como os organismos que dependem de simbioses obrigatórias para sobreviver.

Assinale a alternativa correta:

- (A) apenas a alternativa I está correta;
- (B) apenas a alternativa II está correta;
- (C) apenas a alternativa III está correta;
- (D) apenas as alternativas III e IV estão corretas;
- (E) apenas as alternativas I e II estão corretas.

37. Um microrganismo patogênico cultivável *in vitro* é capaz de infectar a cavidade abdominal de humanos causando doença. Um pesquisador criou cápsulas de membrana contendo este microrganismo para introdução na cavidade abdominal de camundongos como um sistema para estudo da interação microrganismo com o hospedeiro. Para a identificação de possíveis alvos para o desenvolvimento de vacinas ou novas drogas, NÃO é correto:

- (A) comparar com microarranjos os transcritos do microrganismos cultivados *in vitro* e os mantidos na cápsula *in vivo*;
- (B) comparar com microarranjos os transcritos do tecido abdominal do hospedeiro com a cápsula, com e sem os microrganismos;
- (C) avaliar com microarranjos ou técnicas de proteômica os transcritos e proteínas polimórficas entre os microrganismos cultivados *in vitro* com e sem a cápsula;
- (D) avaliar com técnicas de proteômica as proteínas polimórficas entre os microrganismos cultivados *in vitro* e os mantidos na cápsula *in vivo*;
- (E) avaliar com técnicas de proteômica as proteínas polimórficas entre o tecido abdominal do hospedeiro com a cápsula, com e sem os microrganismos.

38. As seguintes afirmativas são verdadeiras sobre a técnica de eletroforese de isoenzimas, EXCETO:

- (A) o tecido a ser analisado tem que ser fresco o suficiente para garantir atividade enzimática;
- (B) a maior parte das mutações na seqüência primária das enzimas refletem bandas diferentes nos géis;
- (C) diferentes estruturas quaternárias refletem em diferenças no padrão de interpretação dos genótipos;
- (D) indivíduos heterozigotos sempre apresentam mais de uma banda no gel;
- (E) a interpretação das banda se torna mais complicada se o tecido estiver degradado.

39. I. Um elemento móvel

- II. uma seqüência codificante não identificada
- III. um genoma fragmentado e inserido em plasmídeos

IV. um gene que perdeu sua função por meio de mutações.

São chamados, respectivamente, de:

- (A) transposon, ORF, biblioteca, pseudogenes;
- (B) transposon, pseudogene, microarray, ORF;
- (C) transposon, pseudogene, microarray, ORF;
- (D) íntron, ORF, biblioteca, pseudogenes;
- (E) íntron, pseudogenes, microarrays, ORF.

40. Leia as seguintes afirmativas sobre buscas em bancos de seqüências:

- I. Elas são chamadas de busca por homologia;
- II. Buscas em bases de dados genômicos podem ser aceleradas pelo uso de processadores paralelos;
- III. A base da busca por homologia é o alinhamento local.

Assinale a alternativa correta sobre as alternativas:

- (A) Verdadeiro, Verdadeiro, Falso;
- (B) Verdadeiro, Falso, Falso;
- (C) Falso, Falso, Verdadeiro;
- (D) Falso, Verdadeiro, Verdadeiro;
- (E) Verdadeiro, Verdadeiro, Falso.

41. A maior parte dos programas de alinhamento usa em seu algoritmo matrizes de transição de aminoácidos, tais como PAM, BLOSUM, JTT, entre outras. A principal razão do uso destas matrizes é:

- (A) a determinação da melhor penalidade de intervalos para o alinhamento;
- (B) a identificação e a exclusão de íntrons do alinhamento;
- (C) o estabelecimento da janela de busca durante o processo de alinhamento;
- (D) a seleção das seqüências que serão alinhadas primeiro no alinhamento múltiplo;
- (E) o identificação de substituições de aminoácidos mais comuns para guiar o alinhamento.

42. É correto afirmar que:

- (A) todos os projetos genoma são de livre acesso, desde seu início, em algum banco de dados on-line,
- (B) após o seqüenciamento do genoma finalizado, é que o genoma funcional pode iniciar;
- (C) o genoma funcional só termina com a confirmação experimental da identificação por BLAST da localização e da função de todos os genes do genoma;
- (D) árvores filogenéticas podem auxiliar na determinação da função de ORFs;
- (E) regiões repetitivas facilitam o fechamento dos projetos genoma.

43. Quando comparadas, duas seqüências de nucleotídeos de 1000 pares de bases possuem 274 nucleotídeos idênticos. Com base nestes dados, é possível afirmar que essas seqüências:

- (A) certamente são ortólogas;
- (B) certamente são parálogas;
- (C) pertencem a mesma superfamília gênica;
- (D) pertencem a mesma família gênica,
- (E) não devem ser homólogas.

44. Durante o processo de anotação de um genoma, um determinado pesquisador foi encarregado de identificar cerca de 3000 (*query*) proteínas. Para isso, ele vai iniciar rodando o programa BLAST contra o GenBank. Na tentativa de diminuir o tempo de análise, o pesquisador poderá fazer os seguintes procedimentos, EXCETO:

- (A) usar um computador com processadores paralelos (*dual processor*);
- (B) usar um computador com um único processador mais rápido;
- (C) usar computadores com mais memória e mais espaço de disco;
- (D) dividir as seqüências *query* em duas análises paralelas;
- (E) dividir o banco de dados em duas análises paralelas.

45. Assinale a alternativa verdadeira relacionada com as seguintes afirmativas:
- Nenhum genoma eucariótico, exceto o humano, foi seqüenciado,
 - Genomas de protistas são menores do que de organismos multicelulares,
 - Genômica comparada se aplica a organismos eucarióticos.
- (A) as três afirmativas são verdadeiras;
(B) as três afirmativas são falsas;
(C) apenas a primeira e a terceira são verdadeiras;
(D) apenas a segunda é verdadeira;
(E) apenas a segunda e a terceira são verdadeiras.
46. Para estudar a evolução da interação parasita-hospedeiro, selecione a proposta MAIS indicada a fazer:
- (A) uma única filogenia agrupando todas as espécies juntas;
(B) duas filogenias separadas, uma para parasitas e uma outra para hospedeiros usando genes ortólogos, mas necessariamente diferentes para cada uma;
(C) duas filogenias separadas, uma para parasitas e uma outra para hospedeiros usando genes parálogos, mas necessariamente diferentes;
(D) duas filogenias separadas, uma para parasitas e uma outra para hospedeiros;
(E) uma filogenia com genes parálogos em cada uma das espécies.
47. Num determinado alinhamento de seqüências de nucleotídeos, você repara que algumas regiões estão saturadas. Você pode fazer alguns procedimentos para melhorar a resolução de sua filogenia, EXCETO:
- (A) usar a seqüência de aminoácidos;
(B) retirar a terceira posição do códon do alinhamento;
(C) retirar as regiões mais variáveis;
(D) selecionar outro gene mais conservado;
(E) retirar a primeira e a segunda posição do códon.
48. Leia as seguintes frases, sobre bancos que poderiam facilitar o desenvolvimento de vacinas:
- Um banco de dados separando subtipos de patógeno por níveis de virulência;
 - Um banco de dados com a filogenia do patógeno associada a sinapomorfias de cada grupo filogenético e sua virulência;
 - Um banco de dados associando a filogenia do patógeno às interações com outros patógenos.
- Assinale:
- (A) as três afirmativas estão corretas;
(B) apenas as duas primeiras afirmativas estão corretas;
(C) apenas a primeira afirmativa está correta;
(D) apenas a segunda afirmativa está correta;
(E) apenas a primeira e a terceira afirmativas estão corretas.
49. O número de genes identificados, e o número de pares de bases seqüenciados no genoma humano são respectivamente:
- (A) três mil, trezentos milhões;
(B) trezentos mil, trinta milhões;
(C) trinta mil, três bilhões;
(D) trinta mil, trezentos milhões;
(E) trezentos mil, três bilhões.
50. Os genes ribossomais 5S, 18S e 28S estão presentes em múltiplas cópias numa única célula. Comparando as cópias entre si e entre duas espécies próximas reparou-se que as diferentes cópias do gene na mesma espécie eram mais semelhantes do que cópias nas espécies diferentes. Esse fenômeno foi chamado de:
- (A) *crossing over* desigual;
(B) evolução em concerto;
(C) sintenia precursiva;
(D) transposição;
(E) duplicação gênica.