

LÍNGUA PORTUGUESA

TEXTO – COMO PREVENIR DOENÇAS GENÉTICAS

Marcello Valle

Para alguns casais, gerar uma criança é uma decisão ética. Alguns são portadores de doenças genéticas e temem que seus filhos sofram do mesmo problema. São problemas como hemofilia, distrofia muscular, anemia falciforme e alterações ligadas ao fator Rh. Entretanto, há uma técnica que permite gerar bebês saudáveis. Trata-se do Diagnóstico Genético Pré-Implantação (ou PGD).

Essa técnica foi desenvolvida há uma década por pesquisadores londrinos e não foi bem recebida de imediato, pois criava impasses éticos. Via-se no PGD uma maneira de os pais controlarem o perfil genético e escolherem o sexo do futuro bebê.

Hoje, o PGD é totalmente aceito, inclusive no Brasil, e é uma forma precoce de diagnóstico pré-natal. É feito por meio de uma biópsia do embrião no seu terceiro dia de vida para detectar possíveis doenças. É um procedimento tecnicamente desafiador, que exige um bom entendimento de embriologia e biologia molecular.

O PGD associa métodos aplicados em reprodução assistida às técnicas de investigação genética. A biópsia do embrião inicial (entre seis e dez células) permite o estudo genético de uma única célula, possibilitando a transferência de embriões normais para as características testadas.

No Brasil, o Código de Ética do Conselho Federal de Medicina não permite a seleção sexual do embrião. Entretanto, especificamente no caso de haver doença genética ligada ao sexo (como hemofilia), é possível identificar os embriões masculinos e femininos, transferindo apenas o sexo que não tem possibilidade de ter a doença. O PGD é também indicado em casos de gravidez tardia, em especial nas gestantes acima de 35 anos. Quanto maior a idade, mais chance de dar à luz bebês com problema genéticos e de sofrer aborto espontâneo.

1. "Para alguns casais, gerar uma criança é uma decisão ética"; a forma de reescrever-se essa frase com alteração de seu sentido é:
 - (A) Para alguns casais, é uma decisão ética gerar uma criança;
 - (B) Gerar uma criança, para alguns casais, é uma decisão ética;
 - (C) É uma decisão ética, para alguns casais, gerar uma criança;
 - (D) É uma decisão ética gerar uma criança para alguns casais;
 - (E) Gerar uma criança é uma decisão ética, para alguns casais.
2. Se a decisão é "ética" ele interfere com valores:
 - (A) econômicos;
 - (B) políticos;
 - (C) morais;
 - (D) religiosos;
 - (E) sociais.

3. "Essa técnica foi desenvolvida há uma década por pesquisadores londrinos e não foi bem recebida de imediato, pois criava impasses éticos. Via-se no PGD uma maneira de os pais controlarem o perfil genético e escolherem o sexo do futuro bebê"; o comentário INCORRETO sobre esse segmento do texto é:
 - (A) a técnica aludida é a do PGD;
 - (B) a técnica vem sendo desenvolvida por dez anos;
 - (C) o impasse ético aludido é o do controle genético;
 - (D) escolher o sexo do futuro bebê não é visto como um fato positivo;
 - (E) a técnica do PGD demorou um pouco a ser aceita.
4. O PGD é "uma forma precoce de diagnóstico pré-natal"; isso significa que o PGD:
 - (A) ainda não está totalmente desenvolvido;
 - (B) identifica bem cedo problemas do embrião;
 - (C) é feito com a finalidade de antecipar o nascimento do bebê;
 - (D) indica problemas do bebê pouco antes do nascimento;
 - (E) alerta para o caso de o bebê nascer antes do momento previsto.
5. "É um procedimento tecnicamente desafiador"; esta afirmação se justifica porque:
 - (A) o PGD exige bom preparo dos profissionais;
 - (B) é um procedimento ainda bastante novo;
 - (C) se trata de um procedimento não totalmente conhecido;
 - (D) a técnica deve ser adquirida em tempo recorde;
 - (E) o PGD é realizado com risco de morte da paciente grávida.
6. "o Código de Ética do Conselho Federal de Medicina **não permite** a seleção sexual do embrião"; a forma em negrito equivale à forma "proíbe". A alternativa em que a equivalência apontada está ERRADA é:
 - (A) não trabalha aos domingos = descansa aos domingos;
 - (B) não aceita trabalho pesado = recusa trabalho pesado;
 - (C) não intervém na briga = participa da briga;
 - (D) não falou diante do juiz = emudeceu diante do juiz;
 - (E) não sabe a verdade = ignora a verdade.
7. "aborto espontâneo", referido na última linha do texto, é aquele que:
 - (A) ocorre sem que tenha sido provocado;
 - (B) é causado por medicamentos específicos;
 - (C) é fruto da vontade da gestante;
 - (D) acontece em casos de perigo de vida para a gestante;
 - (E) é provocado exclusivamente pelo próprio embrião.

8. "espontâneo" é palavra grafada com S; a alternativa abaixo que mostra uma palavra erradamente grafada é:
- (A) misto;
 - (B) sesta;
 - (C) estender;
 - (D) esplêndido;
 - (E) estinguir.
9. O principal objetivo deste texto deve ser:
- (A) causar interesse nos leitores pela seleção do sexo dos bebês;
 - (B) criticar certas posições retrógradas de nossas autoridades médicas;
 - (C) informar os leitores sobre questões médicas;
 - (D) analisar questões sobre o ponto de vista social;
 - (E) provocar suspense por meio de ocultamento de dados.
10. "Hoje o PGD é totalmente aceito, inclusive no Brasil"; esta frase significa que o PGD é aceito:
- (A) em todos os países, até mesmo no Brasil;
 - (B) sem restrições, mesmo no Brasil;
 - (C) em todos os lugares, exceto no Brasil;
 - (D) de forma ampla e em todos os países, até no Brasil;
 - (E) no Brasil, mesmo que não totalmente.

BIOLOGIA MOLECULAR

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

- I. Segundo modelo proposto por Watson e Crick, a molécula de DNA é constituída por duas cadeias polinucleotídicas dispostas em hélice ao redor de um eixo imaginário, girando para a direita.
- II. Em contraste com a forma B do DNA, existe uma variante em que a hélice gira para a esquerda, é o chamado DNA-Z.
- III. As ligações não-covalentes do tipo ligações ou pontes de hidrogênio, que mantêm a estrutura da dupla-hélice, podem ser desfeitas pelo calor, por pH muito ácido ou muito básico, ou por exposição a baixas concentrações de sais.

Assinale a alternativa correta:

- (A) apenas a afirmativa I está correta;
 - (B) apenas a afirmativa 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. *Drosophila melanogaster* é uma espécie diplóide, $2n = 8$ 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 8 moléculas;
 - (B) fase G2 da interfase possui 16 moléculas;
 - (C) metáfase I da meiose possui 16 moléculas;
 - (D) metáfase II da meiose possui 16 moléculas;
 - (E) metáfase da mitose possui 16 moléculas.
13. Em uma forquilha de replicação da dupla hélice de DNA:
- (A) a cadeia leading cresce continuamente, enquanto que a lagging cresce descontinuamente;
 - (B) ambas cadeias crescem descontinuamente;
 - (C) ambas cadeias crescem continuamente;
 - (D) a cadeia leading cresce na direção $5' \Rightarrow 3'$, enquanto que a lagging cresce na direção $3' \Rightarrow 5'$;
 - (E) ambas cadeias crescem na direção $3' \Rightarrow 5'$.

14. Assinale a alternativa que completa corretamente a afirmativa abaixo:

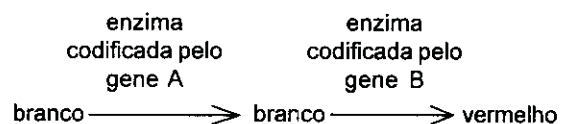
"Na reação de iniciação da tradução em bactéria a subunidade (1) do ribossomo se liga a uma curta seqüência de bases no RNAm, denominada (2), formando o chamado complexo de iniciação."

- (A) 1 = menor; 2 = TATA box;
- (B) 1 = menor; 2 = Shine-Dalgarno;
- (C) 1 = maior; 2 = sítio A;
- (D) 1 = maior; 2 = Shine-Dalgarno;
- (E) 1 = maior; 2 = TATA box.

15. Em relação ao código genético NÃO é correto afirmar que:

- (A) um mesmo códon pode significar vários aminoácidos;
- (B) mais de um códon pode significar um mesmo aminoácido;
- (C) mutações do tipo deleção ou inserção podem causar mudança do quadro de leitura;
- (D) existem códons sem sentido que determinam o final da tradução;
- (E) códon é o termo usado para designar a trinca de bases no RNAm que codifica para um aminoácido na cadeia polipeptídica.

16. Em uma espécie de planta, a cor da flor é determinada por dois genes, 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:



Dois plantas com flores brancas, homocigóticas para ambos os genes, foram cruzadas e produziram toda descendência com flores vermelhas. Os genótipos das plantas parentais devem ser:

- (A) AABB e aabb;
- (B) AABB e AaBb;
- (C) aaBB e AAbb;
- (D) aabb e aabb;
- (E) AABB e AABB.

17. Durante a extração de DNA, a utilização da mistura fenol/clorofórmio tem como finalidade:

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

18. Observe as afirmativas a seguir, em relação à clivagem do DNA:

- I. o DNA pode ser clivado, em sítios específicos, por endonucleases denominadas enzimas de restrição.
- II. o resultado do corte de uma molécula de DNA por uma enzima de restrição gera sempre fragmentos com extremidades coesivas.
- III. durante a eletroforese, os fragmentos de DNA migram em direção ao pólo negativo, havendo a separação dos fragmentos de tamanhos diferentes.

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.

19. Os plasmídeos vetores utilizados para clonagem de fragmentos de DNA possuem como característica, EXCETO:
- um sítio de origem de replicação;
 - uma ou mais marcas genéticas que permitem selecioná-lo;
 - capacidade de incorporar segmentos de DNA superiores a 20Kb;
 - DNA circular;
 - um ou mais sítios de corte para enzimas de restrição.
20. O método de seqüenciamento enzimático do DNA baseia-se em:
- uma síntese de DNA, *in vitro*, realizada na presença de nucleotídeos trifosfatados em que falta o grupo 3'-OH;
 - uma transcrição do DNA, *in vitro*, realizada na presença de endonucleases;
 - uma síntese de DNA, *in vitro*, realizada na presença de endonucleases;
 - uma síntese de DNA, *in vitro*, onde todos os nucleotídeos são do tipo dideoxirribonucleotídeos;
 - uma síntese de DNA, *in vitro*, realizada na presença de proteinase K.
21. Quando você reconstrói uma árvore filogenética, a partir de um alinhamento, você assume os pressupostos abaixo, EXCETO:
- as seqüências são homólogas;
 - os nomes indicadores de cada uma das seqüências sempre representam grupos naturais;
 - todos os sítios na mesma posição do alinhamento são homólogos;
 - os grupamentos filogenéticos representam grupos naturais;
 - os sítios da seqüência evoluem independentemente.
22. Um alinhamento múltiplo de seqüências de DNA tem como objetivo principal:
- verificar se as seqüências são homólogas;
 - estabelecer grupamentos filogenéticos entre as seqüências;
 - remover posições de inserções e deleções entre duas seqüências;
 - verificar o suporte estatístico dos domínios protéicos que serão analisados;
 - estabelecer as posições homólogas entre as seqüências.
23. A afirmativa abaixo verdadeira para todos os operons é:
- apresentam controle de transcrição negativo;
 - apresentam controle de transcrição positivo;
 - codificam RNAs mensageiros policistrônicos;
 - são induzidos por açúcares;
 - possuem mais de dois promotores sobrepostos.
24. Avalie as afirmativas a seguir, em relação à regulação gênica em eucariotos e procariotos:
- O processamento do pré-RNAm, através da seleção de sítios alternativos (*splicing* alternativo), é uma das formas de regulação da expressão gênica em procariotos.
 - Um óperon é uma única unidade transcricional que inclui uma série de genes estruturais, um promotor e um operador. Genes eucarióticos não estão organizados em operons.
 - Eucariotos possuem seqüências localizadas antes ou após a região promotora que permitem o aumento dos níveis da expressão gênica.
- Assinale a alternativa correta:
- apenas a afirmativa I está correta;
 - apenas a afirmativa II e III estão corretas;
 - apenas as afirmativas I e II estão corretas;
 - apenas as afirmativas I e III estão corretas;
 - todas as afirmativas estão corretas.
25. O modelo operon *lac* em *Escherichia coli* inclui um gene regulador (I), uma região do operador (O), um gene estrutural (Z) codificador da enzima β -galactosidase e outro gene estrutural (Y) codificador da β -galactosidase permease. As mutações no operon *lac* têm os seguintes efeitos: linhagens mutantes Z^- e Y^- são incapazes de produzir, respectivamente, as enzimas β -galactosidase e β -galactosidase permease, enquanto linhagens mutantes I^- e O^c geram os produtos do operon constitutivamente.
- A síntese constitutiva de β -galactosidase e a síntese indutível de β -galactosidase permease ocorre em uma bactéria parcialmente diplóide com o seguinte genótipo:
- $I^-O^cZ^+Y^+ / I^+O^+Z^-Y^-$
 - $I^+O^cZ^+Y^- / I^+O^+Z^-Y^+$
 - $I^-O^cZ^+Y^+$
 - $I^+O^+Z^+Y^- / I^-O^cZ^-Y^+$
 - $I^-O^cZ^+Y^- / I^+O^+Z^-Y^+$
26. Depois do seqüenciamento de um determinado gene Z, você faz a previsão da sua seqüência de proteína e descobre um códon de parada no meio de uma proteína fundamental para o funcionamento celular. Assinale a única alternativa verdadeira:
- erro na edição das seqüências é a explicação mais parcimoniosa para o ocorrido;
 - este códon de parada inibe o organismo morrer em pouco tempo de qualquer jeito;
 - o *gap penalty* do algoritmo errado é a melhor explicação para o fato;
 - problemas no algoritmo do alinhamento múltiplo podem ter causado tal problema;
 - erro na amplificação do fragmento de DNA pode ter sido responsável pelo problema.

27. Digamos que você tenha duas seqüências X e Y (1000 pares de bases cada uma) de DNA. X codifica uma enzima da cadeia transportadora de elétrons e Y é um segmento intergênico. Assinale a única alternativa verdadeira:
- (A) em comparações interespecíficas, a variabilidade de X é menor do que a variabilidade de Y;
 - (B) em comparações intraespecíficas, a variabilidade esperada de Y é menor do que a variabilidade de X;
 - (C) o alinhamento de seqüências intraespecíficas de X vai ser mais fácil do que as de Y;
 - (D) o alinhamento de seqüências interespecíficas de X e Y vai ser igualmente complicado;
 - (E) o alinhamento de seqüências intraespecíficas de X e Y vai ser igualmente simples.
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, transcriptase reversa;
 - (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. A enzima Taq polimerase, obtida da bactéria *Thermus aquaticus*, facilitou tremendamente a utilização da técnica de reação de polimerase em cadeia porque:
- (A) desnatura a cada ciclo de temperatura, como o DNA molde;
 - (B) permanece ativa mesmo após vários ciclos de amplificação a altas temperaturas;
 - (C) reconhece DNA fita simples *in vitro*;
 - (D) permite a hibridação dos *primers* ao DNA molde mesmo quando a reação é submetida a altas temperaturas;
 - (E) dispensa a adição do cofator Mg ++ à reação.
30. A técnica da reação de polimerase em cadeia pode ser usada como uma ferramenta nas seguintes situações, EXCETO:
- (A) como uma alternativa para a clonagem gênica;
 - (B) para o diagnóstico de doenças hereditárias em estágios iniciais do desenvolvimento;
 - (C) para a identificação de pessoas a partir de pequenas amostras de DNA;
 - (D) para recuperar seqüências de DNA com mais de 50 milhões de anos;
 - (E) para o diagnóstico de infecções.

BIOINFORMÁTICA

31. Leia as seguintes afirmativas sobre a filosofia *open source*:
- Todos os programas *open source* são gratuitos;
 - Todos os programas *open source* tem código disponível para ser copiado livremente em qualquer tipo de programas;
 - Todos os programas *open source* têm o código disponível para consulta apenas.
 - apenas a primeira afirmativa é correta;
 - as duas primeiras afirmativas são verdadeiras;
 - apenas a primeira e a terceira são verdadeiras;
 - apenas a terceira afirmativa é verdadeira;
 - apenas a segunda afirmativa é verdadeira.
32. A principal razão de computadores com sistema operacional Linux praticamente não terem problemas com vírus é que:
- Linux possui uma firewall eficiente no combate a vírus;
 - Linux possui um sistema anti-vírus eficiente;
 - qualquer computador que tenha Linux instalado é imune a vírus pelo tipo de sistema operacional;
 - a maior parte dos vírus não são executáveis em Linux;
 - o sistema Linux é derivado da plataforma McIntosh que é imune a vírus.
33. O sistema operacional Linux é apresentado em diferentes distribuições: Red hat, Mandrake, OILinux, Puppy, etc. Sobre as distribuições é correto afirmar que:
- os programas que rodam em uma plataforma rodam em todas;
 - os arquivos salvos em uma distribuição não são lidos em outras distribuições;
 - todas as distribuições rodam os mesmos programas com os mesmos códigos, mas os arquivos precisam com o formato intercambiável;
 - os programas são desenvolvidos ou recompilados para uma distribuição específica, mas os arquivos são intercambiáveis;
 - algumas distribuições são compatíveis entre si, outras não.
34. Em relação à comparação de duas seqüências de DNA de linhagens diferentes de uma determinada espécie de bactéria, é FALSO afirmar que:
- o número de transições entre as duas seqüências deverá superar o número de transversões entre elas;
 - a taxa transições sobre transversões provavelmente vai ser muito baixa;
 - o número de transversões será baixo ou inexistente;
 - as duas seqüências serão idênticas se a proteína for muito importante;
 - a distância p para aminoácidos (proporção de aminoácidos diferentes/número de aminoácidos comparados) deverá ser zero.
35. Você acabou de seqüenciar determinado gene e decidiu rodar o programa BLAST para tentar identificar sua seqüência. Assinale a alternativa correta:
- o programa BLAST é exaustivo e garante retornar a seqüência do banco de dados mais similar a sua seqüência;
 - o programa BLAST trabalha com algoritmos heurísticos e não tem garantias;
 - o programa BLAST é exaustivo, e garante retornar todas as seqüências do banco de dados mais similares a sua;
 - o programa BLAST trabalha com algoritmos heurísticos, mas garante retornar todas as seqüências homólogas a sua seqüência;
 - o programa BLAST é heurístico e garante a homologia entre o primeiro match e a sua seqüência.
36. Os bancos de seqüências de DNA, tais como o GenBank, apresentam várias informações sobre a seqüência. No caso específico do GenBank, você certamente irá encontrar as seguintes informações junto com a sua seqüência, EXCETO:
- número de acesso único;
 - classificação taxonômica e filogenética do organismo seqüenciado;
 - pesquisador que submeteu, seu endereço e a data da submissão da seqüência;
 - referência do artigo que analisou a seqüência pela primeira vez;
 - seqüência de proteína nos genes codificadores de proteína.
37. Cite em qual das situações a seguir, você escolheria rodar um alinhamento local em vez de um global:
- you não confia no seqüenciamento;
 - you não conhece as proteínas a serem alinhadas;
 - as seqüências apresentam muitos sítios cujos nucleotídeos não foram determinados ("n");
 - you desconhece os organismos que foram seqüenciados;
 - os organismos seqüenciados pertencem a uma única cepa.
38. Os COGs (*Clusters of Orthologous Groups*) são grupamentos:
- de genes ortólogos dos indivíduos de uma única espécie;
 - de genes ortólogos de um único genoma seqüenciado;
 - de todos os genes de vários indivíduos do mesmo grupo ortólogo;
 - de genes de uma mesma família para indivíduos do mesmo grupo ortólogo;
 - de genes de uma mesma família gênica para espécies com genomas completos.

39. No filme futurístico GATTACA, cada pessoa ao nascer tinha seu genoma seqüenciado pelo governo. Dependendo da seqüência para os diferentes genes, o governo decidia o emprego, o nível de escolaridade que a pessoa poderia atingir, a condição social, enfim, todo investimento social para o indivíduo. Entre os pressupostos do governo no filme NÃO está:
- toda variabilidade gênica de todos os genes é conhecida na população humana;
 - todos os genes têm sua função precisamente determinada;
 - todas as relações epistáticas entre os genes são conhecidas;
 - todas as relações hipostáticas entre os genes são conhecidas;
 - todas as variáveis ambientais são precisamente determinadas e a influência destas no transcriptoma e no proteoma dos indivíduos é conhecida.
40. Sobre a freqüência de diferentes nucleotídeos, ao longo de uma seqüência de DNA, as afirmativas abaixo estão corretas, EXCETO:
- em regiões espaçadores e em íntrons, a freqüência de nucleotídeos geralmente é próxima a 25%;
 - as freqüências de nucleotídeos estão relacionadas com o desvio no uso de codons (códon bias);
 - genes muito expressos tendem a ter menores desvios no uso de códon do que genes pouco expressos;
 - em regiões codificadoras de proteínas, a terceira posição do códon mostra os maiores desvios nas freqüências de nucleotídeos;
 - fortes desvios nas freqüências de nucleotídeos têm relação com proporções relativas das diferentes populações do tRNAs da célula.
41. Sobre o banco de dados UNIGENE, é correto afirmar que:
- não é um banco curado;
 - contém seqüências únicas apenas das espécies com genomas seqüenciados por completo;
 - contém seqüências únicas apenas das espécies que não tiveram genomas seqüenciados por completo ainda;
 - contém seqüências repetidas de uma única espécie em cada gênero;
 - não contém seqüências repetidas.
42. No projeto genoma humano, antes de iniciar o seqüenciamento propriamente dito, os pesquisadores juntaram extratos de indivíduos diferentes para a extração de DNA. Os pesquisadores:
- queriam descobrir sítios de SNPs;
 - estavam interessados em descobrir diferenças nas fases de desenvolvimento de indivíduos de idades diferentes;
 - queriam saber a relação filogenética entre os indivíduos.
- as três afirmativas são corretas;
 - as três afirmativas são falsas;
 - apenas a primeira afirmativa é verdadeira;
 - apenas a primeira e a segunda afirmativas são verdadeiras;
 - apenas a segunda e a terceira afirmativas são verdadeiras.
43. Um dos exemplos clássicos de polimorfismo balanceado (vantagem do heterozigoto) em genes humanos ligados a doença é:
- anemia falciforme;
 - hemofilia;
 - fenilcetonúria;
 - fibrose cística;
 - Von willebrand.
44. Leia as afirmativas abaixo sobre doenças genéticas em populações humanas:
- A maior parte das doenças genéticas em populações humanas são letais;
 - A maior parte das doenças genéticas em populações humanas são recessivas;
 - As poucas doenças dominantes em populações humanas são expressas tardiamente no desenvolvimento.
- apenas a terceira afirmativa está correta;
 - apenas a segunda afirmativa está correta;
 - as três afirmativas estão corretas;
 - apenas a primeira afirmativa está correta;
 - apenas a segunda e a terceira afirmativas estão corretas.
45. Sobre as diferenças entre bancos de dados em genômica curados e aqueles de submissão direta, leia as afirmativas:
- O acesso mais lento aos dados é uma desvantagem dos bancos curados;
 - Os bancos curados têm um maior abrangência em termos de número de usuários;
 - Os bancos curados têm manutenção mais simples.
- as três afirmativas são verdadeiras;
 - as três afirmativas são falsas;
 - apenas a primeira e a terceira afirmativas são verdadeiras;
 - apenas a primeira afirmativa é verdadeira;
 - apenas a segunda afirmativa é verdadeira.
46. Imagine que você tem em mãos o resultado de um seqüenciamento na forma de um eletroferograma. Depois de editar para determinar a exata seqüência de DNA, cite o programa que você deveria usar na próxima fase da análise de seqüências:
- MEGA para análise filogenética por métodos de distância;
 - CLUSTALW para alinhamento;
 - BLAST para identificação da seqüência;
 - PAUP para análise filogenética por máxima parcimônia;
 - PAML para análise de seleção natural positiva.
47. Assinale a única afirmativa FALSA sobre enraizamento de árvores filogenéticas:
- o enraizamento de uma filogenia é geralmente feito com a inclusão de um grupo externo no set de dados;
 - só é possível inferir se um determinado grupo é natural (i.e., monofilético) numa árvore enraizada;
 - árvores que ilustram a relação evolutiva entre membros de uma família gênica não precisam ser enraizadas para terem um sentido temporal;
 - mesmo em grupos sabidamente monofiléticos, é sempre necessário o uso do grupo externo para enraizar a filogenia;
 - uma espécie escolhida como grupo externo não pode fazer parte do grupo interno a ser estudado filogeneticamente.

48. Leia as afirmativas abaixo sobre árvores filogenéticas:

- I. A topologia é a informação principal que uma árvore filogenética mostra;
- II. Independente do método de reconstrução, os tamanhos dos ramos sempre fornecem informações acerca das taxas de evolução dos organismos;
- III. O valor do bootstrap é relacionado com a repetibilidade e não acurácia.
 - (A) as três afirmativas são verdadeiras;
 - (B) as três afirmativas são falsas;
 - (C) apenas as duas primeiras são verdadeiras;
 - (D) apenas a primeira afirmativa é verdadeira;
 - (E) apenas a primeira e a terceira são verdadeiras.

49. Em estudos de genômica funcional, é imperativo estudar a diversificação das diferentes famílias gênicas em maiores detalhes. Para esse fim, precisamos ter as seguintes informações, com EXCEÇÃO de:

- (A) a diversidade de organismos que apresenta cada um dos membros da família gênica;
- (B) os eventos de duplicação gênica que ocorreram durante a evolução da família gênica;
- (C) a caracterização funcional dos diferentes membros da família gênica;
- (D) os eventos recentes de extinção de linhagens de organismos próximos aos estudados;
- (E) uma árvore filogenética robusta mostrando a evolução e a diversificação dos diferentes membros para um determinado grupo de organismos.

50. Sobre bancos de dados relacionais (*relational databases*) podemos afirmar que:

- (A) são compostos por gráficos que são chamados de relações (*relations*);
- (B) sua base matemática é chamada de álgebra relacional;
- (C) a linguagem de programação padrão é PERL;
- (D) não podem ter seus dados baixados diretamente pelo usuário;
- (E) têm o código fonte acessível aos usuários.