

## 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 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 procarionotos, 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.

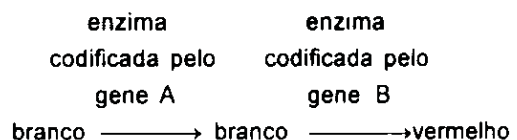
Assinale:

- (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 procarionotos 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 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 COMPUTACIONAL E BIOINFORMÁTICA**

31. Leia as afirmativas abaixo sobre o uso de genomas em filogenia molecular:

- I. Ainda é incipiente devido ao número baixo de genomas inteiros seqüenciados;
- II. É dificultado pela diferença entre conteúdo de genes entre as espécies;
- III. É dificultado pela presença de genes em cópia simples.

Assinale a alternativa verdadeira:

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

32. Se você está interessado em fazer uma filogenia bem robusta para todos os metazoários, você deve priorizar:

- (A) usar apenas os genomas inteiros disponíveis;
- (B) usar o maior número de métodos de reconstrução filogenética possível;
- (C) selecionar cuidadosamente os métodos de reconstrução filogenética a serem usados;
- (D) usar o maior número de modelos estatísticos possível;
- (E) selecionar cuidadosamente os genes a serem incluídos na análise.

33. Leia as afirmativas sobre a teoria do relógio molecular, e assinale a FALSA:

- (A) a probabilidade de substituições numa mesma espécie é constante ao longo do tempo;
- (B) podemos usar o relógio molecular para datar eventos de especiação;
- (C) podemos usar o relógio molecular para datar duplicações gênicas;
- (D) quanto maior o número de genes usado, mais acurada será a datação por meio do relógio;
- (E) quanto maior o número de calibrações mais acurada será a datação.

34. Assinale a opção que NÃO representa uma vantagem de marcadores moleculares para estudos taxonômicos em relação marcadores morfológicos:

- (A) caracteres moleculares são sempre herdáveis;
- (B) a comparação pode ser feita em diferentes níveis hierárquicos usando o mesmo marcador;
- (C) podemos comparar organismos diferentes morfológicamente;
- (D) podemos usar para verificar a filogenia dos três grandes grupos da vida (Eukarya, Archea, e Bacteria);
- (E) podemos comparar organismos semelhantes morfológicamente.

35. Analisando seqüências, podemos notar que variabilidade muda de sítio para sítio ao longo de uma cadeia de proteína. Sobre esse fato NÃO é correto afirmar que:

- (A) proteínas com papel importante na célula tendem a ter baixa variabilidade em toda sua extensão;
- (B) sítios ativos de proteínas importantes têm sua variabilidade regulada principalmente pela seleção natural negativa;
- (C) proteínas com domínios longos ou com mais de um domínio tendem a apresentar menor variabilidade;
- (D) as terceiras posições são mais variáveis do que as outras duas em seqüências codificantes;
- (E) regiões promotoras de regiões codificantes tendem a ser mais conservadas do que as próprias regiões.

36. Sobre aminoácidos é INCORRETO afirmar que:

- (A) mais de 20 tipo de aminoácidos são conhecidos;
- (B) a única diferença entre todos os aminoácidos conhecidos está na composição química do radical;
- (C) alguns aminoácidos são básicos, isto é, apresentam carga positiva;
- (D) a maior parte dos aminoácidos são neutros;
- (E) numa matriz BLOSUM, as células estão relacionadas com a probabilidade de substituição de um aminoácido por outro.

37. Sobre bancos de dados (*databases*) em genômica é INCORRETO afirmar que os maiores bancos de dados:

- (A) organizam informações de maneira a facilitar o usuário;
- (B) recebem a maioria das seqüências analisadas em artigos publicados no mundo todo;
- (C) estão em domínio público;
- (D) estão em formato de flat-file;
- (E) não possuem entradas redundantes.

38. O primeiro genoma completamente seqüenciado foi da espécie:

- (A) *Homo sapiens*;
- (B) *Escherichia coli*;
- (C) *Haemophilus influenzae*;
- (D) *Xylella fastidiosa*;
- (E) *Caenorhabditis elegans*.

39. Sobre a variabilidade de genomas, é correto afirmar que:

- (A) a variabilidade genética entre as raças humanas é maior do que dentro de uma raça humana;
- (B) a variabilidade genética entre raças humanas é menor do que dentro de cada raça;
- (C) o genoma do chimpanzé é 99% homólogo ao humano;
- (D) quanto mais divergentes são dois genomas, mais antigo é o ancestral comum deles;
- (E) as diferenças entre o genoma do chimpanzé e o genoma humano são as características que nos definem como humanos.

40. Na época de lançamento do seqüenciamento do Genoma Humano, a mídia colocava que a conclusão de tal projeto permitiria o entendimento dos genes que nos tornam humanos. Observe as críticas que surgiram a essa idéia:
- I. Os humanos apresentam variabilidade em seus respectivos genomas, o seqüenciamento de um único ou mesmo de poucos genomas humanos não irá permitir esse entendimento;
  - II. O seqüenciamento de genomas humanos não irá fornecer dado algum sobre características exclusivas de humanos. Para isso necessitamos de genomas de outros organismos para fins de comparação;
  - III. Apenas com a análise detalhada do genoma funcional humano irá permitir esse entendimento.
- Assinale a afirmativa verdadeira.
- (A) as três críticas estão corretas;
  - (B) apenas a primeira e a segunda estão corretas;
  - (C) apenas a terceira está correta;
  - (D) apenas a segunda está correta;
  - (E) apenas a primeira e a terceira estão corretas.
41. A única afirmativa FALSA sobre a manutenção de bancos de dados genômicos é:
- (A) o banco de dados UNIGENE é um banco sem redundância;
  - (B) diferenças na nomenclatura pelos autores dificultam o trabalho de curadoria do banco;
  - (C) o banco de dados GenBank é um banco com redundância;
  - (D) seqüências muito semelhantes de diferentes genes dificultam o trabalho do curador;
  - (E) bancos curados são menores do que os bancos não curados.
42. No caso de organismos com determinação sexual XX (fêmeas) e XY (machos), a porção do genoma que tende a ficar com menor cobertura é:
- (A) cromossomo X;
  - (B) porção do Y homóloga ao X;
  - (C) porção do Y não homóloga ao X;
  - (D) ambos cromossomos sexuais;
  - (E) os autossomos.
43. As imunoglobulinas possuem uma região variada de reconhecimento de antígenos e uma região conservada. Considere um cálculo da estatística  $d$ , pela fórmula:  $d=n/s$ , onde  $s$  é a proporção de substituições sinônimas entre duas seqüências e  $n$ , a proporção de substituições não sinônimas entre elas. Portanto, um valor de  $d$ :
- (A) positivo um indica seleção natural positiva;
  - (B) igual a um indica seleção natural negativa;
  - (C) maior que um indica seleção natural positiva;
  - (D) zero indica ausência de pressão seletiva;
  - (E) menor que um indica seleção positiva.
44. Os métodos computacionais auxiliaram no desenvolvimento da sistemática molecular em diversos aspectos, entre eles NÃO está:
- (A) a análise de muitos genes ao mesmo tempo;
  - (B) a análise de muitas espécies ao mesmo tempo;
  - (C) o alinhamento relativamente rápido de seqüências longas;
  - (D) o desenvolvimento de modelos mais realistas para descrever a evolução das espécies;
  - (E) o desenvolvimento de métodos de reconstrução filogenéticas mais complexos e robustos.
45. Você decide rodar um BLAST com sua nova e não identificada seqüência de proteína. Entretanto, o *E-value* do primeiro match deu 0.0. Isso significa que:
- (A) você deve rodar de novo o seqüenciamento, pois a seqüência provavelmente está errada;
  - (B) você deve rodar o BLAST novamente para achar um *E-value* melhor;
  - (C) você deverá desenhar um experimento de biologia celular para ter idéia sobre a localização e a função da sua proteína;
  - (D) a proteína foi mal anotada;
  - (E) você pode proceder com a análise funcional da seqüência.
46. Dentre as descobertas facilitadas ou corroboradas pela análise de genomas NÃO está:
- (A) o número de genes é menor do que o esperado no genoma humano;
  - (B) a distribuição dos genes pelos cromossomos não é uniforme;
  - (C) várias proteínas podem ser codificadas pelo mesmo segmento de DNA;
  - (D) existem operons em alguns genomas de vertebrados;
  - (E) os genes são fragmentados em porções codificantes e não codificantes.
47. Leia as seguintes afirmativas sobre o cromossomo 21 em humanos:
- I. É dos menores cromossomos;
  - II. A tripla dose deste é responsável pelo maior número de aberrações cromossômicas;
  - III. Em tripla dose, promove a esterilidade da pessoa.
- Assinale a afirmativa correta:
- (A) apenas a primeira e a terceira são verdadeiras;
  - (B) apenas a primeira é verdadeira;
  - (C) apenas a segunda é verdadeira;
  - (D) as três são verdadeiras;
  - (E) apenas a segunda e a terceira são verdadeiras.

48. Observe as observações sobre a busca de genes relevantes para a interação de um microrganismo com o hospedeiro animal:

I. para identificar estes genes pode-se comparar por microarranjos, os transcritos dos microrganismos cultivados *in vitro* e os mRNAs dos microrganismos mantidos *in vivo*, sendo que para recuperá-los do animal deve-se incluir um crescimento em meio seletivo *in vitro* antes de extrair os RNAs da amostra;

II. para identificar estes genes pode-se comparar por microarranjos os transcritos dos microrganismos cultivados *in vitro* e os mRNAs dos microrganismos mantidos *in vivo* sendo que para recuperá-los do animal deve-se incluir um crescimento em meio não-seletivo *in vitro* antes de extrair os RNAs da amostra.

III. para identificar estes genes pode-se comparar por microarranjos os transcritos dos microrganismos cultivados *in vitro* e os mRNAs dos microrganismos mantidos *in vivo* sem que haja etapa posterior de crescimento *in vitro*.

IV. 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.

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 IV está incorreta;
- (E) apenas as alternativas III e IV estão corretas.

49. Sobre a análise por microarranjos, é correto afirmar que:

- (A) apenas sondas de DNA amplificadas por PCR, e não oligonucleotídeos podem ser covalentemente imobilizadas em lâminas ativadas;
- (B) lâminas de microarranjos com DNA imobilizado podem ser aplicadas para a análise de expressão de genes e até mesmo para comparar o genoma de populações filogeneticamente próximas;
- (C) proteínas não podem ser imobilizadas em lâminas de microarranjos;
- (D) DNAs ou RNAs de uma espécie só podem ser empregados sobre lâminas de microarranjos com DNA de mesma espécie;
- (E) lâminas de microarranjos com DNA imobilizado são limitadas para uso na análise de expressão de genes

50. Sobre a análise de microarranjos NÃO é correto:

- (A) o cálculo considerando a fluorescência na situação controle;
- (B) uma seleção dos genes com melhores resultados discriminativos, pois há um curto número amostral e um elevado número de genes em análise;
- (C) que a especificidade de um oligonucleotídeo para hibridização em microarranjos seja relacionada com a identidade com seqüências "não-alvo" e a energia livre de ligação com estes "não-alvos";
- (D) que para o cálculo de escolha de um oligonucleotídeo para hibridização em microarranjos se deva considerar apenas a identidade de seqüência, T(m) e a energia livre, pois o conteúdo de GC e auto-anelamento ou a distância do 3'-UTR não afetam a eficiência de anelamento de seqüências curtas de nucleotídeos;
- (E) que para o cálculo de escolha de um oligonucleotídeo para hibridização em microarranjos se deva considerar a identidade de seqüência, energia livre, conteúdo de GC, porções contínuas, auto-anelamento, distância do 3'-UTR e T(m).