



**KT6384**

**Genômica e  
Sequenciamento de DNA**

**Tecnologista em Saúde Pública**

**Prova Objetiva e Discursiva**

**Conhecimentos Específicos  
na Área de Atuação**

**01.** Durante o processo de replicação do DNA, a enzima requerida para a ligação entre as extremidades dos fragmentos recém-sintetizados é:

- (A) DNA polimerase I.
- (B) DNA ligase.
- (C) DNA polimerase III.
- (D) RNA polimerase.
- (E) aminoacil-tRNA sintetase.

**02.** No processo de replicação, o iniciador de RNA é removido do fragmento de Okazaki pela enzima:

- (A) DNA polimerase I.
- (B) DNA polimerase II.
- (C) DNA polimerase III.
- (D) RNA polimerase.
- (E) DNA ligase.

**03.** A molécula de mRNA que irá formar a estrutura em grampo (hairpin) mais estável é:

- (A) 5'...GGCUU.....UUCGG...3'.
- (B) 5'...GGCUU.....AAGCC...3'.
- (C) 5'...GGCUU.....GGCUU...3'.
- (D) 5'...GGCUU.....CCGAA...3'.
- (E) 5'...AAGCC.....AAGCC...3'.

**04.** Um jovem de 20 anos foi diagnosticado com uma forma anormal de beta-globina, mais longa do que a proteína normal. A mutação pontual consistente com essa anormalidade é:

- (A) UAA -> CAA.
- (B) CGA -> UGA.
- (C) UAA -> UAG.
- (D) GAC -> UAC.
- (E) GAA -> UAA.

**05.** As endonucleases de restrição são enzimas que:

- (A) são utilizadas para unir o DNA ao vetor de clonagem.
- (B) cortam o DNA aleatoriamente.
- (C) degradam o DNA a partir das extremidades.
- (D) clivam o DNA em pontos específicos.
- (E) são importantes no processo de remoção de introns (splicing).

**06.** Uma das seguintes classes de RNA se caracteriza por conter purinas e pirimidinas não usuais em sua estrutura primária. Esta classe de RNA é:

- (A) tRNA.
- (B) snRNA.
- (C) mRNA.
- (D) 16S rRNA.
- (E) 23S rRNA.

**07.** As técnicas de Southern Blot, Western Blot e Northern Blot servem, respectivamente, para:

- (A) detectar moléculas de RNA, detectar moléculas de DNA e detectar moléculas de proteínas.
- (B) determinar a estrutura cromossomal, detectar moléculas de proteínas e detectar moléculas de RNA.
- (C) detectar moléculas de DNA, detectar moléculas de proteínas e detectar moléculas de RNA.
- (D) detectar moléculas de DNA, detectar moléculas de proteínas e determinar a estrutura cromossomal.
- (E) determinar o sítio de início de tradução, determinar a estrutura cromossomal e detectar moléculas de RNA.

**08.** NÃO é um vetor de clonagem:

- (A) pBR322.
- (B) pUC19.
- (C) fago lambda.
- (D) cromossomo bacteriano artificial (BAC).
- (E) topoisomerase I.

**09.** O tipo de informação gerada por um microarranjo de DNA é:

- (A) o padrão de modificações nas histonas ao longo do genoma.
- (B) a localização da RNA Pol II ao longo do genoma.
- (C) a sequência genômica completa de uma célula individual de um organismo.
- (D) uma listagem de todos os genes expressos em uma população particular de células.
- (E) a estrutura primária dos genes incluídos no experimento.

**10.** As moléculas de rRNA:

- (A) possuem nucleotídeos modificados que determinam de forma predominante sua estrutura.
- (B) enovelam-se em uma estrutura 3D comum para executar sua função.
- (C) sofrem processamento extensivo para a adição de um "cap" e de uma cauda poli-A.
- (D) executam sua função em intrincados complexos proteína:RNA.
- (E) são componentes enzimáticos dos complexos de "splicing".

**11.** A tradução do mRNA que codifica o polipeptídeo de colágeno ocorre no retículo endoplasmático rugoso. Sabendo o local de destino destes polipeptídeos de colágeno, você pode prever que a sequência dos primeiros 20 aminoácidos do polipeptídeo de colágeno recém-traduzido:

- (A) formará uma hélice anfipática.
- (B) conterá vários resíduos hidrofóbicos.
- (C) conterá muitos resíduos de arginina e lisina.
- (D) conterá resíduos de leucina com espaçamento adequado.
- (E) conterá resíduos de sacarídeos no lugar de aminoácidos.

**12.** Durante o processo de geração de moléculas de tRNA maduros, ocorre a:

- (A) poliadenilação na extremidade 3'.
- (B) adição de um "cap" na extremidade 5'.
- (C) modificação covalente de bases.
- (D) remoção de íntrons para criar uma ORF (Open Reading Frame).
- (E) clivagem de múltiplas moléculas funcionais a partir de um precursor maior.

**13.** Em relação a Reação da Polimerase em Cadeia (PCR – Polymerase Chain Reaction), avalie se são verdadeiras (V) ou falsas (F) as afirmativas a seguir:

- I - inibidores da reação de PCR podem causar falsos negativos.
- II - a reação de PCR examina uma grande porção do tecido levando a falsos positivos.
- III - a diversidade dos patógenos nos sítios de ligação aos iniciadores (primers) pode levar a falsos negativos.
- IV - a presença de contaminantes pode levar a falsos positivos.

A sequência correta, de cima para baixo, é:

- (A) V, V, V e V.
- (B) F, F, F e F.
- (C) V, F, F e V.
- (D) F, V, V e F.
- (E) V, F, V e V.

**14.** Acredita-se que todos os seguintes fatores contribuem para a diversidade genômica entre várias espécies, COM EXCEÇÃO de:

- (A) duplicação gênica.
- (B) transcrição gênica.
- (C) transferência gênica lateral.
- (D) rearranjos cromossômicos.
- (E) mutações pontuais.

**15.** Genes homólogos em organismos distantemente relacionados muitas vezes podem ser facilmente localizados nos cromossomos, devido à (ao):

- (A) transferência gênica horizontal.
- (B) conservação de sintenia.
- (C) inativação gênica.
- (D) presença de pseudogenes.
- (E) baixo grau de identidade entre os mesmos.

**16.** As duplicações gênicas são oriundas de erros no processo de:

- (A) replicação e reparo do DNA.
- (B) recombinação homóloga.
- (C) transcrição.
- (D) replicação das extremidades cromossômicas.
- (E) splicing alternativo.

**17.** As estruturas nos genes eucarióticos que favorecem a duplicação de domínios protéicos de um gene, sem o danificar no processo de recombinação, são os (as):

- (A) íntrons.
- (B) éxons.
- (C) promotores.
- (D) regiões regulatórias.
- (E) regiões 5'UTR e 3'UTR.

**18.** Nos organismos atuais, o tipo de característica ou gene que é comumente adquirida por transferência horizontal gênica é a:

- (A) tolerância à lactose.
- (B) resistência às drogas.
- (C) anemia falciforme.
- (D) halitose.
- (E) resistência a altas temperaturas.

**19.** A comparação das sequências completas dos genomas de distintas espécies:

- (A) demonstrou que os seres humanos compartilham somente um pequeno número de genes com organismos não-mamíferos.
- (B) proporcionou um ótimo meio de identificar genes e suas sequências regulatórias.
- (C) revelou o importante papel dos SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) como causa de doenças.
- (D) revelou que os seres humanos são mais próximos das galinhas do que dos roedores.
- (E) demonstrou a universalidade do código genético.

20. Uma biblioteca gênica consiste:

- (A) em uma coleção de fragmentos clonados de DNA.
- (B) em uma lista dos genes em um genoma.
- (C) em mRNA purificado.
- (D) nos membros de uma superfamília gênica.
- (E) no código genético de um determinado organismo.

### Conhecimentos Específicos no Perfil

21. No método de sequenciamento Sanger, quando o dideoxiribonucleotideo é adicionado à reação:

- (A) a replicação das duas fitas continua.
- (B) a replicação das fitas é interrompida.
- (C) a replicação das fitas não é afetada.
- (D) a replicação das fitas aumenta.
- (E) a replicação não é alterada.

22. Phred é um programa que lê arquivos de eletroferogramas de sequências de DNA, pontuando a qualidade ("Phred scores") de cada nucleotídeo. Um valor de Phred de 30 significa uma probabilidade de:

- (A) 1 base incorreta a cada 30.
- (B) 3 bases incorretas a cada 10.
- (C) 1 base incorreta a cada 30.
- (D) 1 base incorreta a cada 1000.
- (E) 30 bases incorretas a cada 1000.

23. Um método de construção de árvore filogenética é:

- (A) Neighbor Joining.
- (B) Kimura-2-parametros.
- (C) Máxima parsimonia.
- (D) Tamura Nei.
- (E) GTR+gamma.

24. No processo de sequenciamento de genoma completo, o sequenciador produz os \_\_\_\_\_, posteriormente montados em \_\_\_\_\_, que são ordenados considerando sua \_\_\_\_\_ e formam os \_\_\_\_\_. As palavras que completam as lacunas são, respectivamente:

- (A) scaffolds / contigs / sintenia / reads.
- (B) contigs / reads / scaffolds / sintenia.
- (C) reads / contigs / sintenia / scaffolds.
- (D) sintenia / reads / contigs / scaffolds.
- (E) reads / scaffolds / sintenia / contigs.

25. O código genético é degenerado por haver:

- (A) mais de um códon para o mesmo aminoácido.
- (B) códons que terminam a replicação.
- (C) códons que não codificam nenhum aminoácido.
- (D) um códon para mais de um aminoácido.
- (E) códon sem função.

26. A diferença no estudo de "quasi espécies" usando o sequenciamento capilar (Sanger) e os sequenciamentos de alto desempenho é:

- (A) as sequências raras não são recuperadas no sequenciamento de alto desempenho.
- (B) o sequenciamento capilar não é aplicado ao estudo de "quasi espécies".
- (C) em ambas as abordagens é necessário que haja clonagem em vetores para seguir para o sequenciamento.
- (D) no sequenciamento capilar é preciso editar as sequências.
- (E) no sequenciamento capilar as "quasi espécies" são reveladas a partir de clones, enquanto no sequenciamento de alto desempenho elas são diretamente reveladas.

27. O ribossomo está formado por:

- (A) rRNA.
- (B) proteínas.
- (C) rRNA e proteínas.
- (D) rDNA.
- (E) rDNA e proteínas.

28. São subunidades ribossomais dos eucariotos e procariotos, respectivamente:

- (A) 70S/30S e 50S/30S.
- (B) 60S/30S e 50S/30S.
- (C) 50S/40S e 23S/16S.
- (D) 60S/40S e 50S/30S.
- (E) 50S/30S e 23S/16S.

29. Característica dos genomas das bactérias é:

- (A) estar contido em um único cromossoma.
- (B) ser policistrônicos.
- (C) não ter origem de replicação definida.
- (D) ser circular.
- (E) ser diploide.

30. O primeiro genoma bacteriano a ser sequenciado e publicado foi:

- (A) Escherichia coli.
- (B) Vibrio cholerae.
- (C) Neisseria meningitidis.
- (D) Streptococcus pneumoniae.
- (E) Haemophilus influenza.

**31.** Uma característica de genomas de endossimbiontes é:

- (A) ter genoma reduzido.
- (B) ser rico em pseudogenes.
- (C) carrear plasmídeos.
- (D) conter mais genes acessórios que os de metabolismo básico.
- (E) ser maior do que o dos organismos de vida livre.

**32.** A tecnologia de sequenciamento NGS 454 se caracteriza:

- (A) por gerar reads abaixo de 100 nucleotídeos.
- (B) por se basear na lógica Sanger.
- (C) uso de nanoporos.
- (D) corridas de 2-4 horas de duração.
- (E) processamento em poucas etapas.

**33.** Avalie se a tecnologia de sequenciamento NGS Illumina se caracteriza por:

- I - basear-se na tecnologia Solexa.
- II - clusters.
- III - ligação de fragmentos de DNA a um chip.
- IV - adição, incorporação e detecção de dNTP.

Estão corretas:

- (A) I e II, apenas.
- (B) III e IV, apenas.
- (C) I, II e III, apenas.
- (D) II, III e IV, apenas.
- (E) I, II, III e IV.

**34.** Sobre a tecnologia de sequenciamento PacBio (Pacific Bioscience), é INCORRETO afirmar que:

- (A) é limitada em decodificar regiões homopoliméricas.
- (B) só gera leitura de sequências de nucleotídeos.
- (C) gera sequências maiores que as outras tecnologias de NGS disponíveis.
- (D) incorpora mais erros na leitura que as outras tecnologias de NGS disponíveis.
- (E) é ideal para fechar genomas de bactérias.

**35.** A tecnologia de sequenciamento IonTorrent se caracteriza por:

- (A) corridas de longa duração.
- (B) detecção de pirofosfato.
- (C) gerar o menor volume de informação por corrida em relação às outras tecnologias de NGS disponíveis.
- (D) processamento em poucas etapas.
- (E) decodificação correta de regiões homopoliméricas.

**36.** No sequenciamento Sanger utilizando a tecnologia de capilar depois da etapa de precipitação com isopropanol, é possível armazenar a reação a -200C, por até:

- (A) 15-20 minutos.
- (B) 15-20 horas.
- (C) 15-20 dias.
- (D) não pode ser armazenado.
- (E) pode ser armazenado indefinidamente.

**37.** No sequenciamento Sanger utilizando a tecnologia de capilar, após a ressuspensão da reação com formamida, deve-se aplicá-la para sequenciamento:

- (A) em até 15-20 minutos.
- (B) em até 12 horas.
- (C) não há um prazo determinado.
- (D) sem estar abrigada da luz.
- (E) a qualquer momento desde que esteja congelada.

**38.** Genes ortólogos são genes:

- (A) únicos da espécie.
- (B) parálogos.
- (C) similares que sofreram duplicação gênica.
- (D) homólogos em diferentes espécies.
- (E) acessórios.

**39.** A tecnologia de sequenciamento de DNA com menor taxa de erro é:

- (A) Sanger.
- (B) 454 pirosequenciamento.
- (C) Illumina.
- (D) PacBio.
- (E) Nanopore.

**40.** Os códons são parte da linguagem genética dos organismos. Eles codificam para estruturas e/ou funções em um dos processos fundamentais para a existência da vida, que é quando:

- (A) a informação genética é replicada durante a divisão celular.
- (B) o mRNA é sintetizado durante a transcrição.
- (C) a informação codificada no mRNA é traduzida.
- (D) a ativação do promotor e a síntese de DNA complementar.
- (E) o mRNA é transformado em cDNA.

**41.** O modelo operon de expressão gênica nas bactérias é caracterizado pela:

- (A) transcrição simultânea de genes estruturais a partir de um promotor/operador e um gene regulador.
- (B) presença de vários conjuntos promotor/operador para controlar a expressão de um gene.
- (C) síntese de um transcrito a partir de uma única repressão.
- (D) necessidade da lactose para a indução da tradução dos transcritos.
- (E) presença de vários códons de terminação.

**42.** São elementos participantes do processo de tradução da informação genética:

- (A) RNA polimerase, fita sense de DNA e tRNA.
- (B) DNA polimerase, fita sense de DNA e tRNA.
- (C) RNA polimerase, promotor e gene estrutural.
- (D) mRNA, rRNA e tRNA.
- (E) mRNA, tRNA e RNA polimerase.

**43.** No DNA, existem sequências codificadoras e não codificadoras que representam, respectivamente:

- (A) as sequências reguladoras e os genes.
- (B) os promotores e as proteínas.
- (C) as proteínas e os promotores.
- (D) os genes e as sequências reguladoras.
- (E) íntrons e éxons.

**44.** A replicação da informação genética contida no DNA é considerada semiconservativa porque:

- (A) os plasmídeos trazem novos genes.
- (B) uma das fitas do DNA é parental.
- (C) a fita complementar é sintetizada de forma descontínua.
- (D) a DNA polimerase não tem capacidade de rever a síntese da fita complementar.
- (E) a replicação é bidirecional.

**45.** Genes homólogos são aqueles:

- (A) com sequências 90% idênticas.
- (B) que codificam proteínas com a mesma função.
- (C) que têm similaridade na sequência e origem comum.
- (D) presentes em organismos da mesma espécie.
- (E) gerados a partir de convergência evolutiva.

**46.** Os tipos de mutação que podem levar à mudança de fase de leitura de um gene são:

- (A) substituição de base e deleção.
- (B) inserção e substituição de base.
- (C) deleção e inserção.
- (D) sinônima e inserção.
- (E) não sinônima e deleção.

**47.** Os mecanismos que permitem a transferência lateral de genes entre bactérias são:

- (A) replicação, conjugação, transformação.
- (B) transdução, conjugação, transformação.
- (C) tradução, conjugação, transformação.
- (D) recombinação, tradução, conjugação.
- (E) transformação, mutação, transdução.

**48.** Os plasmídeos são elementos genéticos que têm papel fundamental na evolução das bactérias. Além disso, são ferramentas aplicadas na biologia molecular e são conhecidos como vetores. Os vetores de clonagem e expressão necessariamente contêm, respectivamente:

- (A) sítio múltiplo de clonagem e presença de regiões promotoras.
- (B) gene marcador seletivo e presença de sítio múltiplo de clonagem.
- (C) regiões promotoras e presença de sítio múltiplo de clonagem.
- (D) gene marcador seletivo e presença de regiões promotoras.
- (E) gene de B-lactamase e sítio de enzimas de restrição.

**49.** Tanto no sequenciamento Sanger quanto no sequenciamento de alto desempenho, a qualidade/pureza do DNA são fundamentais. Elas podem ser aferidas por meio da:

- (A) visualização do DNA em eletroforese em gel de agarose.
- (B) determinação da razão entre as densidades óticas, que deve ser: OD260/OD280 de 1,8 a 2,0.
- (C) determinação da razão entre as densidades óticas, que deve ser: OD280/OD260 de 1,8 a 2,0.
- (D) determinação da razão entre as densidades óticas, que deve ser: OD260/OD280 de menor que 1,6.
- (E) determinação da razão entre as densidades óticas, que deve ser: OD260/OD280 maior que 2,0.

**50.** É INCORRETO afirmar que sequenciamento de amplicons por alto desempenho permite:

- (A) avaliar diversidade.
- (B) avaliar abundância.
- (C) identificar “quasi espécies”.
- (D) analisar várias amostras ao mesmo tempo.
- (E) identificar espécies de bactérias.

## Questão Discursiva

### INSTRUÇÕES:

A questão discursiva deverá ter um máximo de 30 linhas.

Transcreva sua resposta para a parte pautada no verso do seu Cartão de Respostas. Não assine, rubrique ou coloque qualquer marca que o identifique, sob pena de ser anulado. Assim, a detecção de qualquer marca identificadora no espaço destinado à transcrição do texto definitivo acarretará nota ZERO na respectiva prova discursiva.

O tempo total de duração das provas será de 4 (quatro) horas, incluindo o tempo para o preenchimento do Resposta Definitiva da Questão Discursiva. Nenhum rascunho SERÁ LEVADO EM CONTA.

### QUESTÃO:

01. Um projeto de pesquisa tem que estabelecer as relações epidemiológicas entre isolados de uma bactéria que estaria emergindo e causando surtos numa região, assim como caracterizar geneticamente esse(s) patógeno(s). Considerando que você é o gerente de uma Plataforma de Sequenciamento Genômico, em que existem tanto sequenciador de capilar quanto sequenciador de alto desempenho:

- 1a) Qual abordagem experimental e qual abordagem metodológica deveriam ser aplicadas para o estabelecimento das relações epidemiológicas entre as bactérias isoladas do surto?
- 1b) Que ferramentas/abordagens de bioinformática devem ser empregadas nessas análises?
- 2a) Quais abordagens experimental e metodológica deveriam ser aplicadas para caracterizar geneticamente este(s) patógeno(s)?
- 2b) Que ferramentas/abordagens de bioinformática devem ser empregadas nestas análises?

RASCUNHO





## INSTRUÇÕES

1. Por motivo de segurança a Fundação Dom Cintra solicita que o candidato transcreva em letra cursiva, em espaço próprio no Cartão de Respostas, a frase abaixo apresentada:

“As melhores coisas da vida, não podem ser vistas nem tocadas, mas sim sentidas pelo coração.” ( Dalai Lama )

2. Para cada uma das questões da prova objetiva são apresentadas 5 (cinco) alternativas classificadas com as letras (A), (B), (C), (D) e (E), e só uma responde da melhor forma possível ao quesito proposto. Você só deve assinalar UMA RESPOSTA. A marcação de nenhuma ou de mais de uma alternativa anula a questão, MESMO QUE UMA DAS RESPOSTAS SEJA A CORRETA.

3. A duração da prova é de 4 (quatro) horas, considerando, inclusive, a marcação do Cartão de Respostas. Faça-a com tranquilidade, mas controle o seu tempo.

4. Verifique se a prova é para o **PERFIL** para o qual concorre.

5. Somente após autorizado o início da prova, verifique se este Caderno de Questões está completo e em ordem. Folhear o Caderno de Questões antes do início da prova implica na eliminação do candidato.

6. Verifique, no **Cartão de Respostas**, se seu nome, número de inscrição, identidade e data de nascimento estão corretos. Caso contrário, comunique ao fiscal de sala.

7. O **Caderno de Questões** poderá ser utilizado para anotações, mas somente as respostas assinaladas no **Cartão de Respostas** serão objeto de correção.

8. Observe as seguintes recomendações relativas ao **Cartão de Respostas**:

- . não haverá substituição por erro do candidato;
- . não deixar de assinar no campo próprio;
- . não pode ser dobrado, amassado, rasurado, manchado ou conter qualquer registro fora dos locais destinados às respostas;
- . a maneira correta de marcação das respostas é cobrir, fortemente, com esferográfica de tinta azul ou preta, o espaço correspondente à letra a ser assinalada;
- . outras formas de marcação diferentes da que foi determinada acima implicarão a rejeição do **Cartão de Respostas**;

9. O fiscal não está autorizado a alterar quaisquer dessas instruções.

10. Você só poderá retirar-se da sala após 60 minutos do início da prova.

11. Quaisquer anotações só serão permitidas se feitas no caderno de questões.

12. Você poderá anotar suas respostas em área específica do Caderno de Questões, destacá-la e levar consigo.

13. Os três últimos candidatos deverão permanecer na sala até que o último candidato entregue o **Cartão de Respostas**.

14. Ao terminar a prova, entregue ao fiscal de sala, obrigatoriamente, o **Caderno de Questões** e o **Cartão de Respostas**.

Boa Prova!



Ao término de sua prova, anote aqui seu gabarito e destaque na linha pontilhada.

01	<input type="checkbox"/>	11	<input type="checkbox"/>	21	<input type="checkbox"/>	31	<input type="checkbox"/>	41	<input type="checkbox"/>
02	<input type="checkbox"/>	12	<input type="checkbox"/>	22	<input type="checkbox"/>	32	<input type="checkbox"/>	42	<input type="checkbox"/>
03	<input type="checkbox"/>	13	<input type="checkbox"/>	23	<input type="checkbox"/>	33	<input type="checkbox"/>	43	<input type="checkbox"/>
04	<input type="checkbox"/>	14	<input type="checkbox"/>	24	<input type="checkbox"/>	34	<input type="checkbox"/>	44	<input type="checkbox"/>
05	<input type="checkbox"/>	15	<input type="checkbox"/>	25	<input type="checkbox"/>	35	<input type="checkbox"/>	45	<input type="checkbox"/>
06	<input type="checkbox"/>	16	<input type="checkbox"/>	26	<input type="checkbox"/>	36	<input type="checkbox"/>	46	<input type="checkbox"/>
07	<input type="checkbox"/>	17	<input type="checkbox"/>	27	<input type="checkbox"/>	37	<input type="checkbox"/>	47	<input type="checkbox"/>
08	<input type="checkbox"/>	18	<input type="checkbox"/>	28	<input type="checkbox"/>	38	<input type="checkbox"/>	48	<input type="checkbox"/>
09	<input type="checkbox"/>	19	<input type="checkbox"/>	29	<input type="checkbox"/>	39	<input type="checkbox"/>	49	<input type="checkbox"/>
10	<input type="checkbox"/>	20	<input type="checkbox"/>	30	<input type="checkbox"/>	40	<input type="checkbox"/>	50	<input type="checkbox"/>