1. Considerando as características/estruturas da linguagem JAVA, dada a sequência de DNA ***ACGATCGT***, indique a opção cujo código seja capaz, ao ser executado, transformar em uma sequência de RNA:

|  |
| --- |
| A)public class Questao1 { public static void main(String[] args) { String dna = "ACGATCGT"; String rna = ""; for (int idx = 0; idx <= dna.length(); idx++) { if (dna.substring(idx, idx + 1).equals("T")) { rna = rna + "U"; } else { rna = rna + dna.substring(idx, idx + 1); } } }} |
| B)public class Questao1 { public static void main(String[] args) { String dna = "ACGATCGT"; String rna = ""; for (int idx = 0; idx < dna.length(); idx++) { if (dna.substring(idx, idx++).equals("T")) { rna = rna + "U"; } else { rna = rna + dna.substring(idx, idx + 1); } } }} |
| C)public class Questao1 { public static void main(String[] args) { String dna = "ACGATCGT"; String rna = ""; for (int idx = 0; idx < dna.length(); idx--) { if (dna.substring(idx, idx++).equals("T")) { rna = rna + "U"; } else { rna = rna + dna.substring(idx, idx + 1); } } }} |
| D)public class Questao1 { public static void main(String[] args) { String dna = "ACGATCGT"; String rna = ""; for (int idx = 0; idx < dna.length(); idx++) { if (dna.substring(idx, idx+1).equals("T")) { rna = rna + "U"; } else { rna = rna + dna.substring(idx, idx + 1); } } }} |
| E)public class Questao1 { public static void main(String[] args) { String dna = "ACGATCGT"; String rna = ""; for (int idx = 0; idx < dna.length(); idx++) {  } System.out.println(dna); }} |

2. Assinale a alternativa que apresenta APENAS tipos primitivos em JAVA:

a) int, char, float

b) float, String, boolean

c) char, String, short

d) int, float, Integer

e) Nenhuma das anteriores

3. Quanto aos Arrays na linguagem JAVA, indique a alternativa correta quanto a declaração:

a) String[] exemplo,exemplo2 = new String [50] [30];

b) String[] exemplo,exemplo2 = new String [50;30];

c) String[] exemplo = new String[50], exemplo2=new String[30];

d) String exemplo = new String [50];

e) Nenhuma das anteriores

4. Considerando o código abaixo, indique a ALTERNATIVA correta:

|  |
| --- |
| public class Questao4 { public static void main(String[] args) { String[] sequence = "ACGUAGUACAGU".split(""); for (String base : sequence) { if (base.equals("A")) { System.out.println(base); } } }} |

a) Todas as bases Adenina da sequência de DNA (variável *sequence*) serão impressas em tela;

b) A sintaxe da estrutura de repetição *for* apresentada está incorreta;

c) Todas as bases da sequência de RNA (variável *sequence*) serão apresentadas no terminal.

d) A sintaxe da estrutura de repetição *if* apresentada está incorreta;

e) Nenhuma das anteriores

5. Considerando o código-fonte abaixo, indique a alternativa correta:

|  |
| --- |
| public class Questao { public static void main(String args[]) { print("Bom dia"); } private void print(String mensagem){ System.out.print(mensagem); }} |

a) A mensagem “Bom dia” NÃO será impressa, pois o método *print* é privado;

b) A mensagem “Bom dia” será impressa;

c) A mensagem “Bom dia” NÃO será impressa, pois o método *print* não é estático;

d) O método principal (*main*) apresenta erro de sintaxe;

e) Nenhuma das anteriores;

6. Considerando o código abaixo, indique a opção que mostra o que será apresentado em tela após a execução:

|  |
| --- |
| public class Questao extends Modelo { public static void main(String[] args) { Questao questao1 = new Questao(); questao1.count++; System.out.println("Valor 1:"+questao1.count); Questao questao2 = new Questao(); System.out.println("Valor 2:"+questao2.count);  }}class Modelo { static int count = 0;} |

a) Valor 1:1 Valor 2:1

b) Valor 1:2 Valor 2:1

c) Valor 1:2 Valor 2:2

d) Valor 1:0 Valor 2:2

e) Nenhuma das anteriores;

7. Abaixo, é apresentado o código que irá percorrer uma sequência de nucleotídeos (na fita DIRETA), identificando os códons que podem ser, posteriormente, convertidos em aminoácidos. Selecione a opção que indica a frame de leitura que está sendo considerada:

|  |
| --- |
| public class Questao8 { public static void main(String[] args) {  String sequence = "GCATGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA"; for (int index = 1; index <= sequence.length(); index += 3) { if (index < sequence.length() - 3) { System.out.println(sequence.substring(index, index + 3)); } } }} |

a) -1

b) -2

c) +1

d) +2

e) Nenhuma das anteriores;

**ALINHAMENTO DE SEQUÊNCIAS**

8. Ao calcular a distância de edição para a sequências abaixo, qual o valor obtido:

Sequência 1: CGTAGCTACTACGATC

Sequência 2: AGAAGCTAGCTACGATC

Qual o valor da distância Hamming?

a) 6

b) 3

c) 2

d) 1

e) 0

9. Quanto ao método de programação dinâmica, assinale a alternativa CORRETA

a) É um método obsoleto e pouco utilizado em biologia molecular;

b) Não permite que alinhamento pode apresentar o mesmo escore;

c) Método ideal para realizar um alinhamento “Todos-contra-todos”, além de ser extremamente eficiente na consulta em bancos de dados de sequências.

d) Fornece um resultado ótimo global;

e) Nenhuma das anteriores;

10. Quanto ao algoritmo de alinhamento proposto por Needleman&Wunsch, assinale a alternativa CORRETA.

a) Trata-se do alinhamento Local;

b) Foi modificado para ser utilizado para identificar alinhamentos locais;

c) Tem a mesma finalizado do algoritmo desenvolvido por Smith&Waterman;

d) Trata-se do alinhamento Global;

e) Nenhuma das anteriores

11. Para se buscar uma sequência de nucleotídeo (Query) em um banco de dados de Nucleotídeo (Subject):

a) tblastx

b) blastw

c) blastx

d) blastn

e) blastp

12. Assinale a alternativa correta quanto a distância Hamming.

a) Trata-se do número de diferenças encontradas ao se comparar duas sequências de mesmo comprimento;

b) Considera APENAS inserções/Deleções;

c) Utilizada para comparar sequências de tamanho diferente;

d) Em bioinformática, é utilizada APENAS na comparação de sequências de nucleotídeos

e) Em bioinformática, é utilizada APENAS para comparação de sequências de aminoácidos;

13. Assinale a alternativa abaixo que apresenta uma característica do algoritmo Blast:

a) Utiliza a distância Hamming para identificar alinhamentos locais;

b) É utilizado para alinhamentos globais;

c) Utiliza métodos heurísticos para identificar os melhores alinhamentos globais;

d) Foi inicialmente planejado para resolver problemas dos métodos de programação dinâmica exaustivos que são lentos para consultar grandes bancos de dados;

e) É comumente utilizado para alinhamentos semi-globais/globais;

14. Considerando uma tabela Professor com os campos *matricula, nome, endereco e cod\_ppg,* e a tabela ProgramaPos, com os campos *cod\_ppg, descricao e ano\_fundacao*, que estão relacionadas através das colunas *cod\_ppg*, informe o tipo de chave representada na coluna *cod\_ppg* na tabela ProgramaPos

a) Chave estrangeira;

b) Chave primária;

c) Ambas chaves primária

d) Ambas chave estrangeira

e) Nenhuma das anteriores

15. Quanto a chave estrangeira, assinale a alternativa CORRETA:

a) Deve ter um valor do tipo numérico;

b) Deve estar associada a uma chave primária;

c) Deve ter um valor do tipo texto;

d) Não depende da existência de uma chave primária relacionada;

e) Nenhuma das anteriores;

1. Considere o molde de DNA usado para replicação: 3'-ATCGGGAAATTCGGA-5'. Qual das alternativas abaixo mostra o novo filamento de DNA duplicado corretamente?
2. 3'---ATCGGGAAATTCGGA—5'
3. 5'---ATCGGGAAATTCGGA---3'
4. 3'---TAGCCCTTTAAGCCT---5'
5. 5'---TAGCCCTTTAAGCCT---3'
6. 5'---UAGCCCUUUAAGCCU---3'
7. Qual das enzimas abaixo listadas catalisa a síntese de DNA?
8. DNA Ligase
9. DNA Helicase
10. DNA Polimerase
11. DNA Girase
12. Nenhuma destas
13. As moléculas de RNA que são intermediárias entre DNA e poli peptídeos são conhecidas como?
14. tRNA
15. mRNA
16. rRNA
17. sRNA
18. pRNA
19. Em que sentido a síntese de RNA ocorre?
20. 5 '→ 3'
21. 3 '→ 5'
22. 1 '→ 3'
23. 5 '→ 3'and 3' → 5 '
24. a síntese de RNA ocorre aleatoriamente sem uma direção específica
25. Qual das seguintes alternativas melhor ilustra o dogma central da biologia?
26. DNA → Proteína → RNA
27. RNA → DNA → Proteína
28. DNA → DNA → Proteína
29. DNA → RNA → Proteína
30. Proteína → RNA →DNA
31. Com os 4 nucleotídeos (A, G, C, T) é possível construir 64 trincas diferentes. Potencialmente estas trincas poderiam codificar 64 aminoácidos. Entretanto somente existem 20 aminoácidos. Quantas destas trincas especificam a terminação da cadeia polipeptídica na maioria dos eucariotos?
32. 61
33. 60
34. 4
35. 3
36. 1
37. A baixa taxa global de mutação no DNA não reflete o verdadeiro número de erros que ocorrem durante o processo de replicação devido aos mecanismos de reparo. Contudo, erros podem e ocorrem também durante os processos de transcrição e tradução do DNA. As consequências dos erros podem ser bastante graves quando são transmitidos para a geração seguinte. Isto ocorre quando o erro acontece:
38. Durante o processo de replicação;
39. Durante o processo de transcrição;
40. Durante o processo de tradução;
41. Somente a afirmativa I está correta
42. Somente a afirmativa II está correta
43. Somente a afirmativa III está correta
44. Nenhuma das afirmativas está correta
45. Todas as afirmativas estão corretas
46. Qual tipo de célula que sofre mutações germinais?
47. epiteliais escamosas
48. Os condrócitos
49. Os gametas
50. Cuboidal epitelial
51. colunar epitelial
52. A duplicação de DNA envolve um complexo de proteínas enzimáticas e não enzimáticas. Com o advento da síntese *in vitro* do DNA, por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), algumas dessas enzimas não são necessárias, mas uma delas em especial é substituída no processo in vitropor outra enzima fundamental em razão do efeito da alta temperatura durante a PCR. Que enzima é essa?
53. Primase
54. Topoisomerase
55. Helicase
56. Taq DNA Polimerase
57. DNA Ligase
58. O genoma humano é constituído por cerca de 3 e meio bilhões de nucleotídeos. Algumas enzimas têm papel importante sobre a arquitetura genômica, e sobre mecanismos que causam rearranjos cromossômicos, como descrito abaixo:
59. As Transposases catalisam o deslocamento de uma sequência de DNA para outro sítio em uma molécula de DNA, os chamados Transposons;
60. A Transcriptase Reversa é responsável pela adição de 20 a 200 Adeninas nas extremidades dos RNAs mensageiros;
61. A Telomerase acrescenta sequências de Telômeros aos cromossomos, e acredita-se que tenham um papel importante no envelhecimento.

Sobre essas afirmações podemos dizer que:

1. Somente as afirmativas I e II estão corretas
2. Somente as afirmativas I e III estão corretas
3. Somente as afirmativas II e III estão corretas
4. Somente uma das alternativas está correta
5. Todas as alternativas estão corretas
6. O código genético é um conjunto de regras por meio das quais a informação codificada no material genético (DNA ou RNA) é traduzida em proteínas pelas células vivas. Com relação ao código genético podemos fazer as seguintes afirmações:
7. Um mesmo códon pode codificar mais de um aminoácido.
8. Um aminoácido pode ser codificado por diferentes códons.
9. O código genético usado pelo genoma nuclear na espécie humana é o mesmo usado pelo seu genoma mitocondrial.

Sobre essas afirmações podemos dizer que:

1. Somente as afirmativas I e II estão corretas
2. Somente as afirmativas I e III estão corretas
3. Somente as afirmativas II e III estão corretas
4. Somente uma das alternativas está correta
5. Todas as alternativas estão corretas
6. As mutações que envolvem alterações em sítios específicos em um gene são referidos como:
7. mutações “frameshift”
8. mutações “nonsense”
9. mutações “missense”
10. As mutações pontuais
11. Nenhum destes
12. O processo pelo qual a informação genética armazenados em sequências de nucleotídeos do RNAm é usada para especificar as sequências de aminoácidos na cadeia polipeptídica é conhecido como:

a) Replicação

b) Transcrição

c) Tradução

d) Transcrição e tradução

e) Nenhum destes

1. Trincas de nucleotídeos no transcrito do gene conhecido como \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ especificam os aminoácidos que vão ser adicionados durante a tradução.

a) Os genes

b) Os alelos

c) Códons

d) RNAts

e) anticódons

1. No modelo do DNA proposto por Watson e Crick a replicação do DNA ocorre na forma?

a) conservativa

b) semiconservativa

c) dispersiva

d) conservativa e Semi-conservativa

e) semiconservativa e dispersiva