

-- CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS --

Em um estudo comparativo entre uma planta nativa (espécie A) e uma geneticamente modificada a partir da espécie A, com deleção de um único gene, foi realizada uma análise proteômica comparativa por LC-MS/MS. O banco de dados utilizado para a identificação de proteínas continha todas as sequências conhecidas da família taxonômica da espécie A.

A partir dessa situação hipotética, julgue os itens a seguir.

- 76** Na situação em questão, espera-se encontrar diferença de abundância em uma única proteína, na análise proteômica de descoberta.
- 77** Espera-se encontrar sequências redundantes no banco de dados utilizado.
- 78** A quantificação de proteínas no referido estudo depende da comparação da massa molecular da soma dos íons detectados e da massa molecular da proteína presente no banco de dados.
- 79** Se a abordagem utilizada for do tipo SRM (*selected reaction monitoring*), será feito o monitoramento de transições predefinidas de íons, adequado para a validação de alvos específicos identificados previamente.

Determinado projeto de pesquisa prevê análises transcriptômica, metabolômica e proteômica de uma espécie de organismos unicelulares, bem como a caracterização metagenômica do ambiente de ocorrência natural dessa espécie. Durante o preparo para as análises, as células foram mantidas em duas condições diferentes, denominadas A e B. O estudo morfológico dos microrganismos mostrou que o tamanho celular médio é de 15 µm, com células nucleadas e elevada complexidade de organelas citoplasmáticas.

Considerando as informações precedentes, julgue os itens que se seguem.

- 80** A detecção de modificações pós-traducionais em enzimas regulatórias pode elucidar possíveis diferenças nas abundâncias de metabólitos, mesmo que as abundâncias das enzimas não estejam alteradas.
- 81** *Microarrays* são a principal ferramenta para análise de dados metagenômicos.
- 82** Na situação apresentada, a análise por citometria de fluxo que mostre fluorescência após exposição a 1,2,3-dihidrorodamina pode ser consequente à presença de espécies reativas de oxigênio intracelulares.
- 83** O aumento da abundância de um transcrito na condição A, em relação a B, e a diminuição da abundância da proteína correspondente à tradução do mesmo transcrito indicam seguramente a ocorrência de erro experimental.

Um pesquisador está investigando o uso de ferramentas de bioinformática para otimizar a edição genética via CRISPR/Cas9 em células humanas. Ele utiliza dados transcriptômicos (RNA-seq) e simulações de dinâmica molecular para prever *off-targets*. Além disso, o pesquisador aplica algoritmos de *machine learning* para modelar a eficiência de guias de RNA (sgRNAs).

Tendo em vista a situação hipotética apresentada, julgue os itens subsequentes.

- 84** O uso de biologia sintética pode tornar os sistemas CRISPR mais seguros.
- 85** O alinhamento de sequências via BLAST é irrelevante para identificar regiões homólogas que possam causar *off-targets* no CRISPR.
- 86** Modelos de *machine learning* que integram dados genômicos, transcriptômicos e epigenômicos são usados para prever eficiência de sgRNAs.
- 87** Dados de RNA-seq podem auxiliar na seleção de sgRNAs específicos para tecidos com alta expressão gênica.
- 88** Proteômica é a principal técnica ômica utilizada para validar *off-targets* de edição genética.

Em determinado projeto de biotecnologia vegetal, culturas celulares de *Arabidopsis thaliana* são utilizadas para produzir metabólitos secundários em biorreatores. O processo envolve ajustes de parâmetros, como oxigenação, pH e análise de fluxo metabólico via modelagem computacional.

Tendo como referência as informações precedentes, julgue os itens seguintes, acerca das estratégias a serem empregadas para a execução do projeto apresentado.

- 89** Para beneficiar a cultura de células vegetais em suspensão, é correto inserir reguladores de crescimento, como auxinas e citocininas.
- 90** Recomenda-se utilizar *gene guns* para transformação de células vegetais, e não a eletroporação, pois esta técnica é empregada apenas para estudos com procaríotos.
- 91** Para o projeto apresentado, biorreatores do tipo *fed-batch* são os mais adequados, enquanto os do tipo contínuo são inadequados para evitar estresse celular por substrato limitante.
- 92** A análise de fluxo metabólico (FBA) é amplamente viável para o projeto em questão, porém, requer dados de transcriptômica para modelar redes metabólicas.

Julgue os próximos itens, relativos a aproveitamento bioenergético de subprodutos e resíduos.

- 93** Em relação ao aproveitamento bioenergético de resíduos, o custo de pré-tratamento é uma vantagem econômica, pois permite que os resíduos sejam convertidos diretamente em energia, sem necessidade de modificações adicionais, o que reduz significativamente os custos de produção.
- 94** A recuperação de energia de subprodutos e resíduos é amplamente representada por técnicas como incineração de resíduos, gaseificação, pirólise e digestão aeróbica.
- 95** Açúcares originários da hemicelulose são mais facilmente fermentáveis, particularmente na produção de etanol, em comparação com açúcares derivados da celulose-glicose.
- 96** Resíduos biológicos ricos em água são propícios a uma recuperação energética mais adequada por meio da digestão anaeróbica do que pela incineração.

Tendo em vista os recentes avanços da inteligência artificial na bioinformática, julgue os itens a seguir.

- 97** As redes neurais convolucionais são amplamente utilizadas em bioinformática para o processamento de sequências genômicas, pois sua arquitetura permite capturar relações temporais e de longo alcance nas sequências de DNA, de forma similar ao que ocorre no processamento de séries temporais.
- 98** Enquanto a predição de sequências de proteínas é uma abordagem de aprendizado de máquina que utiliza métodos de extração de características para identificar padrões em sequências biológicas, a baseada em aprendizado profundo extrai automaticamente características profundas e informações contextuais das proteínas, o que resulta em melhoria significativa na precisão das predições.
- 99** Na detecção e na classificação de elementos transponíveis por aprendizado de máquina, o conjunto de dados pode ser altamente desequilibrado, o que torna inadequadas algumas métricas, como precisão e curvas ROC (*receiver operating characteristic*).

Acerca de modelagem computacional e inteligência artificial aplicada à biologia, julgue os itens subsecutivos.

- 100** Redes neurais gráficas são ferramentas importantes na modelagem de vias metabólicas e utilizam métodos, como *random forest* e XGBoost, para prever reações enzimáticas e detectar relações entre metabólitos.
- 101** Aprendizado de máquina tem sido utilizado para substituir métodos estatísticos convencionais, inclusive regressão linear e modelagem estatística baseada em mínimos quadrados parciais, em modelagens de vias metabólicas.
- 102** Considerando-se uma quantidade limitada de dados de compostos químicos, altamente estruturados, métodos especializados de aprendizado de máquina são mais eficientes para extrair características relevantes desses dados do que redes neurais profundas.

No que se refere à química de produtos naturais, julgue os itens a seguir.

- 103** Os produtos naturais são estruturalmente otimizados pela evolução para exercer funções biológicas particulares, como a regulação de mecanismos de defesa endógenos e a interação com outros organismos.
- 104** Os metabólicos secundários vegetais podem ser classificados em três grupos principais, com base em suas origens biossintéticas: terpenoides, alcaloides e fenilpropanoides.
- 105** Os flavonoides e os terpenoides são duas classes de metabólitos secundários sintetizados por vias metabólicas distintas, sendo os primeiros derivados da condensação de unidades de acetato, pela policetideo sintase, e os últimos sintetizados por meio da condensação de unidades isoprênicas, mediadas por enzimas terpeno sintases.

Acerca das tecnologias de melhoramento de precisão, julgue os itens a seguir.

- 106** Enquanto a predição genômica foca em um número limitado de marcadores associados a características específicas, a seleção assistida por marcadores, por outro lado, utiliza milhares de marcadores distribuídos por todo o genoma, tecnologia mais adequada para características complexas.
- 107** A edição gênica por meio da fusão de um concatêmero de dedo de zinco a uma enzima de clivagem de DNA (nuclease) resulta em estruturas que funcionam como se fossem tesouras moleculares capazes de modificar sequências de DNA específicas reconhecidas.
- 108** A precisão do mapeamento de QTLs (*quantitative trait loci*) depende da densidade de marcadores moleculares e do tamanho da população estudada, e a alta taxa de recombinação genética pode reduzir a resolução do mapeamento.
- 109** A seleção assistida por marcadores (SAM) é uma técnica usada no melhoramento de plantas e animais para escolher indivíduos com características desejáveis antes de elas se manifestarem fisicamente; o desequilíbrio de ligação (DL) é um fator crítico, que pode afetar a precisão da SAM, especialmente em populações com pouca diversidade genética, nas quais o DL é mais extenso e pode levar a falsas associações.
- 110** A integração de GWAS (*genome wide association studies*) com dados epigenômicos e transcriptômicos permite refinar a identificação de variantes funcionais.

Espaço livre