

Concurso  Público

Biólogo  
Genética Forense

Caderno de Questões  
Prova Objetiva

2015

**SRH** SUPERINTENDÊNCIA  
DE RECURSOS  
HUMANOS  
DA UERJ



01|

A água ultrapura, utilizada em processos de análise molecular, é obtida através do seguinte processo:

- a) filtração, osmose inversa e destilação
- b) filtração, osmose reversa e deionização
- c) filtração a vácuo, osmose inversa e destilação
- d) filtração a vácuo, osmose reversa e deionização

02|

A teoria principialista, termo genérico pelo qual ficou conhecida a teoria dos quatro princípios éticos, foi elaborada por um filósofo e um teólogo, em 1979.

Os princípios éticos que fundamentam a teoria e os autores que as elaboraram são:

- a) justiça, autonomia, crítica e isonomia / James Gorovitz e Joseph Childress
- b) beneficência, crítica, justiça e autonomia / James Childress e James Gorovitz
- c) não maleficência, beneficência, crítica e isonomia / Tom Beauchamp e Joseph Childress
- d) autonomia, beneficência, não maleficência e justiça / Tom Beauchamp e James Childress

03|

Na classificação de risco biológico do tipo III, o risco individual e o risco para a comunidade podem ser classificados, respectivamente, como:

- a) alto e limitado
- b) limitado e alto
- c) moderado e baixo
- d) baixo e moderado

04|

O p-valor, também denominado nível descritivo de um teste estatístico, é a probabilidade, sob a hipótese nula verdadeira, de se obter, ao acaso, um valor:

- a) igual ao valor obtido no teste estatístico
- b) diferente do valor obtido no teste estatístico
- c) maior do que o valor obtido no teste estatístico
- d) menor do que o valor obtido no teste estatístico

05|

A Força Centrífuga Relativa (FCR) é gerada quando uma partícula é submetida a um movimento circular. A unidade de medida da FCR é g, que equivale à aceleração da gravidade na superfície da Terra. Assim, a velocidade de uma centrífuga será fornecida em g ou em rotações por minuto (rpm). O valor de rpm depende do tamanho e do tipo de rotor da centrífuga.

Para fazer a conversão de g para rpm, ou vice-versa, utiliza-se a seguinte fórmula:

- a)  $g = 1,12 \times 10^{-6} \times \text{raio (cm)} \times \text{rpm}^2$
- b)  $g = 1,14 \times 10^{-6} \times \text{raio (cm)} \times \text{rpm}^2$
- c)  $g = 1,14 \times 10^{-6} \times \text{raio (mm)} \times \text{rpm}^2$
- d)  $g = 1,12 \times 10^{-6} \times \text{raio (mm)} \times \text{rpm}^2$

06|

O processo de atribuição de uma sequência a dados brutos do sequenciamento de DNA chama-se:

- a) Basecalling
- b) Sequence View
- c) Rawdata calling
- d) Sequence calling

07|

Os loci minissatélites ou VNTRs (*Variable number of tandem repeats*) são altamente variáveis, e três deles recebem as seguintes designações:

- a) D1S17, D2S44, D5S818
- b) D1S80, D2S44, D4S139
- c) D1S80, D2S1338, D5S818
- d) D1S17, D2S1338, D5S139

08|

A acetilação de resíduos de lisina é realizada por moléculas denominadas:

- a) DNA polimerase III
- b) histonas demetilases
- c) chaperonas de histonas
- d) histonas acetiltransferases (HATs)

09|

Observe a figura abaixo de um resultado de eletroforese.

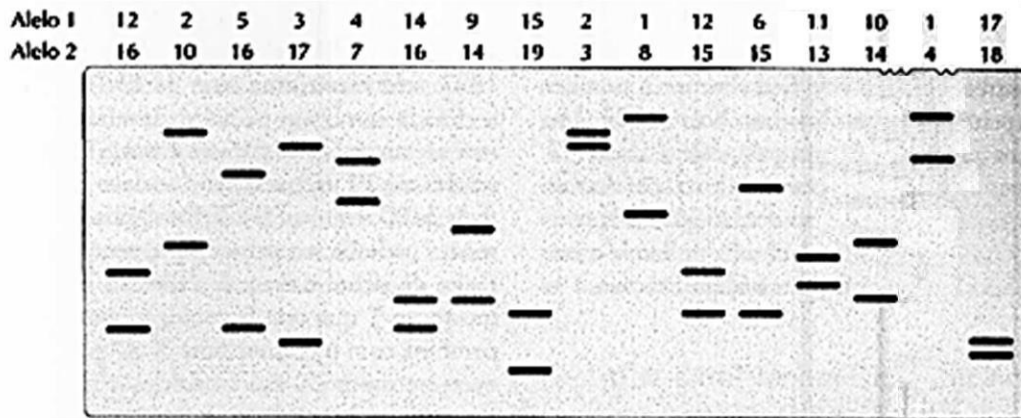


Figura 16-2

Impressão digital, usando somas para número variável de repetições em tandem (VTNR). A sonda pYNH24 detecta 19 alelos em 16 indivíduos não relacionados. (Os alelos são marcados do maior, 1, para o menor, 18.) Dois indivíduos nunca tem o mesmo padrão de fragmentos.

WATSON, James D.; MYERS, Richard M.; CAUDY, Amy A. e WITKOWSKI, Jan A. *DNA recombinante: genes e genomas*.

Algumas etapas analíticas para a obtenção do resultado observado, segundo o protocolo sugerido por Alec Jeffreys em 1985, são:

- a) ampliação do DNA por PCR, eletroforese em gel de acrilamida e hibridização com sonda fluorescente
- b) amplificação do DNA por PCR, eletroforese em gel de agarose e hibridização com sonda luminescente
- c) digestão do DNA com enzima de restrição, eletroforese em gel de agarose e hibridização com sonda radioativa
- d) digestão do DNA com enzima de restrição, eletroforese em gel de acrilamida e hibridização com sonda quimioluminescente

10|

São exemplos de marcadores *Short Tandem Repeat* (STR) para a tipagem de DNA não humano:

- a) Pez10, FH2010, FH2079
- b) FH2010, DCS2010, Pez20
- c) FH2079, Pez20, DCS2021
- d) DCS2010, DCS2021, Pez10

11|

O percentual de altura do artefato *stutter* em relação à altura do verdadeiro pico pode variar na dependência dos seguintes fatores:

- a) número de ciclos da PCR, *spike* e tipo de locus STR
- b) tipo de unidade de repetição, presença de picos *pull-up* e *spike*
- c) tipo de locus STR, comprimento do alelo e tipo de unidade de repetição
- d) comprimento do alelo, número de ciclos da PCR e presença de picos *pull-up*

12|

Uma fita de uma sequência de DNA cromossômico é mostrada a seguir:

5'...**AATGCCGTCAGCCGATCTGC***cctcgagtc*aatcgatgctcttgggaatatggaccttcaatcgatgctcttgggaatatggaccttcaatcgatgctcttgggaacaatcgatgctcttgggaacaatcgatgctcttgggaacaatcgatgctcttgggaatatggacctgcacacctggtacaagtataaagcttacctgcagccgtacatgg**TAGCGTGCGGCG**---3'

Para a amplificação e isolamento exclusivo do fragmento assinalado em itálico, usando a reação em cadeia da polimerase, o par de iniciadores, cada um com 20 nucleotídeos de comprimento, que pode ser usado para amplificar o segmento de DNA indicado é:

- a) 5'-AATGCCGTCAGCCGATCTGC-3', 5'-CGCCGCACGCTACCATGTAC-3'
- b) 5'-CCTCGAGTCAATCGATGCTC-3', 5'-CCATGTACGGCTGCAAGGTA-3'
- c) 5'-AATGCCGTCAGCCGATCTGC-3', 5'-GCGGCGTGCGATGGTACATG-3'
- d) 5'-CCTCGAGTCAATCGATGCTC-3', 5'-CCATGTACCATCGCACGCCG-3'

13|

Após submeter uma amostra de DNA a PCR para amplificação de marcadores STR tetra-repetitivo, o eletroferograma revelou picos menores flanqueando os picos dos alelos conhecidos como *stutter*, que podem ser caracterizados como um artefato que não representa mais do que:

- a) 5% da quantidade do produto do alelo verdadeiro
- b) 7% da quantidade do produto do alelo verdadeiro
- c) 10% da quantidade do produto do alelo verdadeiro
- d) 15% da quantidade do produto do alelo verdadeiro

14|

As chances de detectar o número de indivíduos que contribuíram para uma amostra, cuja análise de regiões STR do DNA apresenta perfil de mistura, são maiores usando o seguinte conjunto de marcadores:

- a) D18S51, TPOX, FGA
- b) TPOX, FGA, CSF1PO
- c) FGA, D18S51, D21S11
- d) D21S11, CSF1PO, TPOX

15|

Observe a seguinte sequência de mRNA de DNA:

5' – ACGUCGAGUAGCAGUAUCGAUUGAGCUCUUAGAUAAGAUCGC

A fase de leitura que codifica a maior parte da proteína é:

- a) A-CGU
- b) AC-GUC
- c) ACG-UCC
- d) -----UAG-CAG

16|

A tipagem de marcadores STR do cromossoma X é mais indicada na análise de relações de parentesco. Ela envolve as seguintes investigações:

- paternidade, em caso de incesto e comprovar meia-irmandade paterna entre dois homens
- paternidade, em caso de incesto e comprovar meia-irmandade paterna entre duas mulheres
- vínculo de parentesco entre suposta neta e suposta avó paterna e comprovar meia-irmandade paterna entre dois homens
- vínculo de parentesco entre suposto neto e suposta avó paterna e comprovar meia-irmandade paterna entre duas mulheres

17|

Observe a imagem abaixo. Considere as etapas analíticas para a tipagem de marcadores do gene DQA1, segundo protocolo do kit DQ Alpha Amplitype, desenvolvido pela Cetus Corporation em 1990.

1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	V
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	S1
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	S2
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	suabe oral
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	suabe vaginal
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	+
1	2	3	4	C	1.1	1.2 1.3 4	1.3	All but 1.3	4.1	4.2 4.3	DQA1	-

Imagem da *Enciclopédia Elsevier de Ciência Forense*

Considere a seguinte legenda: V = Vítima; S1 = Suspeito 1; S2 = Suspeito 2; (+) = positivo; (-) = negativo

As etapas analíticas desenvolvidas para a obtenção do resultado observado na imagem, segundo esse protocolo, são:

- amplificação por PCR, hibridização dos produtos de PCR com sondas SSO imobilizadas em membrana de nylon, revelação por colorimetria
- amplificação por PCR, hibridização dos produtos de PCR com sondas MS1 imobilizadas em membrana de nylon, revelação por quimioluminescência
- digestão com enzima de restrição, hibridização dos fragmentos com sondas MS1 imobilizadas em membrana de nylon, revelação por colorimetria
- digestão com enzima de restrição, hibridização dos fragmentos com sondas SSO imobilizadas em membrana de nylon, revelação por quimioluminescência

18|

Os bancos de dados que podem ser consultados para inferências estatísticas relacionadas à análise do DNA mitocondrial forense ou cromossomo Y são:

- YHRD, EMPOP e FBI mtDNAmanager
- EMPOP, mtDNAmanager e YHSTR Database
- FBI mtDNA Database, mtDNAmanager e YHRD
- FBI mtDNAmanager, EMPOP e YHSTR Database

19|

As regiões hipervariáveis do DNA mitocondrial humano HVI, HVII, HVIII apresentam os respectivos tamanhos em pares de base:

- a) 340, 265, 132
- b) 340, 268, 137
- c) 342, 265, 132
- d) 342, 268, 137

20|

A partir de amostras com baixo número de cópias de DNA, os tipos de artefatos ou eventos que são observados na análise de marcadores STR são:

- a) *pull-up*, diminuição do percentual de *stutter*, *drop-in*
- b) *drop-in*, *drop-out*, elevação do percentual de *stutter*
- c) *dye blobs*, elevação do percentual de *stutter*, *pull-up*
- d) *drop-out*, diminuição do percentual de *stutter*, *dye blobs*

21|

Na técnica de sequenciamento denominada pirosequenciamento, fazem parte do processo as seguintes enzimas:

- a) luciferase e luciferina
- b) asparase e luciferase
- c) luciferina e sulfirulase
- d) sulfirulase e asparase

22|

A análise de amostras contendo DNA de fontes (indivíduos) distintas constitui um perfil com padrão de mistura. Esse perfil pode ser classificado em quantos tipos?

- a) 2
- b) 3
- c) 4
- d) 5

23|

São exemplos apenas de marcadores STR do cromossoma X:

- a) DXS3ARA, GATA172D05, DXS31E08, HPRTB, GATA-H4
- b) HumARA, DXS172D05, GATA31E08, DXSHPTB, GATA-H4
- c) HumARA, GATA172D05, GATA31E08, HPRTB, GATA165B12
- d) DXS3ARA, DXS172D05, DXS31E08, DXSHPTB, DXS165B12

24|

São utilizadas na técnica de análise de marcadores VNTRs por RFLP (*“Restriction Fragment Length Polymorphism”*), nas aplicações forenses, as seguintes enzimas:

- a) DNA Polimerase, *EcoRI*
- b) *HaeIII*, DNA Polimerase
- c) *PstI*, *EcoRI*
- d) *HaeIII*, *PstI*

25|

Vários tipos de resinas são usadas na cromatografia em coluna, as quais separam proteínas de acordo com diferentes propriedades.

As proteínas podem ser separadas da seguinte forma:

- a) por conformação da molécula, na cromatografia de gel filtração
- b) por sua massa na cromatografia, em gel com dodecil sulfato de sódio
- c) por carga, na cromatografia de troca aniônica, cuja resina contém grupos catiônicos
- d) de acordo com o tipo de ligante para o qual apresentam afinidade de ligação na cromatografia de ligação de superfície

26|

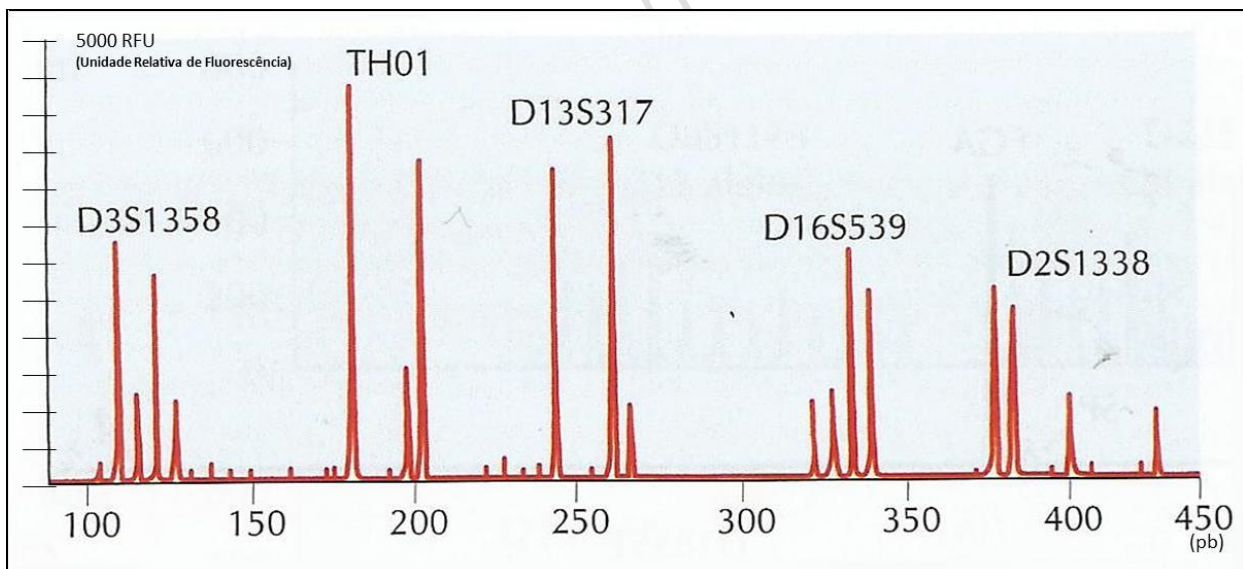
A análise de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism* – Polimorfismo de Nucleotídeo Único) dentro de genes que codificam características físicas pode permitir que se façam correlações entre SNPs e a aparência de um indivíduo, visando a sua caracterização fenotípica.

São exemplos de genes que estão sendo estudados para essa finalidade:

- a) Tyr, MCR1, TPH1
- b) MCR1, SLC24A5, Tyr
- c) PGC-1alfa, EPHX2, TPH1
- d) SLC24A5, PGC-1alfa, EPHX2

27|

Observe o eletroferograma abaixo.



WATSON, James D.; MYERS, Richard M.; CAUDY, Amy A. e WITKOWSKI, Jan A. *DNA recombinante: genes e genomas*. Pág. 438.

O provável evento observado no perfil genético da amostra é:

- a) perfil de um indivíduo (genoma único) com alelos microvariantes
- b) perfil de mistura com pelo menos dois genomas
- c) DNA degradado com efeito estocástico
- d) presença de picos *stutter*



28|

O DNA mitocondrial de vertebrados codifica as seguintes quantidades de proteínas, rRNAs e tRNAs, respectivamente:

- a) 13, 2 e 22
- b) 13, 3 e 32
- c) 15, 2 e 22
- d) 15, 3 e 32

29|

Segundo as recomendações da Comissão de DNA da Sociedade Internacional de Genética Forense, a deleção e a heteroplasmia de bases da sequência do DNA mitocondrial, estão representadas, respectivamente, na seguinte opção:

- |                        |          |
|------------------------|----------|
| a) "D", "d" ou "-"     | "315.1C" |
| b) "D", "Del" ou "-"   | "315.1C" |
| c) "DEL", "d" ou "-"   | "315.1c" |
| d) "DEL", "Del" ou "-" | "315.1c" |

30|

Alguns exemplos de softwares que podem ser utilizados com o objetivo de identificar regiões codificantes em sequências de DNA genômico são:

- a) Grail e Blast
- b) Procrusters e FASTA
- c) Genescan e GeneWise
- d) CBS Prediction Server e Align