

RP 001 / 0013



CODIGO DA PROVA:

RP 001 / 0013



UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOMÉDICAS
CONCURSO:

FOLHA DE RESPOSTA

Importante: O código da prova só será colocado na entrega da prova ao fiscal. As provas serão escaneadas e enviadas aos membros da banca avaliadora sem o nome do candidato.

9) A bioinformática é uma área interdisciplinar que une métodos matemáticos, estatísticos e computacionais na análise de dados biológicos e biomédicos. Com o advento tecnológico a partir da década de 1950, uma quantidade cada vez maior de dados das mais diferentes espécies vêm sendo acumulados em grandes bancos de dados. A aplicação dos métodos matemáticos, estatísticos e computacionais visam não apenas auxiliar na identificação, catalogação e armazenamento, mas também no reconhecimento de padrões e na criação de modelos que possam descrever mudanças evolutivas e prever futuras alterações.

No que concerne à aplicação da bioinformática no estudo das patologias humanas, a cada ano que se passa se torna mais próximo a viabilidade da criação de uma engenharia genética propriamente dita, com tratamentos individualizados e remédios personalizados baseados nos genes de um indivíduo.

Métodos de sequenciamento com o auxílio de técnicas de deep learning vêm se tornando mais precisos na identificação precoce da existência de predisposições genéticas ao desenvolvimento de doenças, como câncer por exemplo.

Desta forma, tornando-se os métodos cada vez mais acessíveis, a medicina torna-se a mais preventiva e menos invasiva, e os tratamentos apresentam resultados mais rápidos e com maior eficácia.

② A expressão gênica refere-se às características hereditárias contidas nos genes. Para que essas características se manifestem corretamente, transcriptomas se conectam a regiões específicas da molécula de DNA, denominadas de sítios alvo, fazendo com que sejam transcritas em moléculas de proteínas e RNA.

Existem dois métodos de busca quando se fala sobre o controle da expressão gênica. O primeiro diz respeito à criação de um transcriptoma que interaja com regiões específicas de interesse no DNA, ativando ou desativando-as. O segundo refere-se a quando conhecemos um transcriptoma específico, mas ainda buscamos o sítio alvo com o qual ele se conecta.

Em ambos os casos devemos conhecer a sequência de nucleotídeos codificantes, e para isso faz-se necessário a utilização de métodos computacionais de sequenciamento e de análise estatística para determiná-la. Para cada posição na cadeia é determinado o nucleotídeo com maior probabilidade de ocorrência, de forma a determinar a sequência com maiores chances de sucesso para realizar a função desejada. Como resultado teremos um transcriptoma que se conecta ao sítio alvo no primeiro caso, ou identificaremos o sítio alvo com o qual o transcriptoma conhecido se conecta no segundo caso.

Ⓣ A Bioinformática através da utilização de métodos computacionais e estatísticos, como a ANOVA por exemplo, auxilia na identificação e na caracterização de regiões específicas do DNA em que ocorreram mutações. Desta forma, apresentando resultados estatisticamente irrelevantes sobre o meio estar afetando os indivíduos.