

## ORIENTAÇÕES GERAIS AO CANDIDATO

1. Verifique se este caderno contém a quantidade correta de questões e se não há falhas de impressão. Em caso de irregularidade, comunique imediatamente ao fiscal de sala.
2. Os candidatos deverão marcar suas respostas no **cartão-resposta** de forma apropriada e entregá-lo juntamente com o caderno de provas ao término da aplicação.
3. **O cartão-resposta é o único documento válido para correção da prova.** O preenchimento é de inteira responsabilidade do candidato.
4. Preencha o cartão-resposta com **caneta esferográfica de tinta azul ou preta**, fabricada em material transparente.
5. As marcações no cartão-resposta deverão ser feitas cobrindo completamente o círculo correspondente à alternativa escolhida, sem ultrapassar seus limites.
6. **O tempo total de realização da prova será de 2 horas**, incluído o tempo destinado ao preenchimento do cartão-resposta.
7. O candidato somente poderá **deixar o local de prova após decorrida 1 hora do início da aplicação.**
8. O candidato que necessitar ausentar-se da sala para ir ao banheiro deverá solicitar autorização ao fiscal e será acompanhado, conforme normas do certame.
9. **Os 03 (três) últimos candidatos deverão permanecer em sala e somente poderão sair juntos**, após a assinatura da ata de encerramento dos trabalhos.
10. Não será permitida qualquer forma de consulta a materiais impressos, anotações ou comunicação entre candidatos, sob pena de eliminação do processo seletivo.
11. **Sobre a carteira do candidato são permitidos apenas o documento de identificação, o caderno de provas e a caneta esferográfica.** São vedados: bonés, chapéus, óculos escuros (exceto por prescrição médica devidamente comprovada), alimentos, bebidas (exceto água em garrafa transparente e sem rótulo), bolsas ou qualquer outro material não autorizado.
12. **É expressamente proibido, durante toda a realização da prova, o uso de quaisquer aparelhos eletrônicos**, tais como telefones celulares, relógios digitais ou smartwatches, fones de ouvido ou dispositivos similares. Os aparelhos deverão permanecer desligados e acondicionados conforme orientação da fiscalização. O toque ou a vibração de aparelho eletrônico durante a realização da prova, independentemente de uso intencional, implicará a eliminação imediata do candidato e lavratura de ocorrência em ata.
13. A folha de rascunho para anotar as respostas assinaladas poderá ser levada pelo candidato, quando permitido, não possuindo qualquer validade para fins de correção.
14. O descumprimento das normas estabelecidas poderá implicar eliminação do candidato, conforme regras do edital.

# Prova 3 - Categoria Laboratório

Identificador:  
CYZ827972

## Variante A | 35 perguntas (50 p.)

Atenção! Certifique-se de que recebeu uma folha de respostas com o mesmo identificador.

### Pergunta 1 | escolha única

Sobre os tipos de mutação e seus efeitos sobre a proteína codificada, assinale a alternativa CORRETA:

- A. Mutações nonsense introduzem um códon de parada prematuro, podendo resultar em uma proteína truncada ou na degradação do mRNA, geralmente levando à perda de função do gene.
- B. Mutações missense mais frequentemente resultam em perda completa da função proteica, pois qualquer troca de aminoácido compromete significativamente a estrutura e a função da proteína.
- C. Mutações sinônimas (silenciosas) são, por definição, sem consequência funcional, pois não alteram a sequência de aminoácidos da proteína codificada.
- D. Mutações frameshift por inserção de um único nucleotídeo afetam apenas o códon em que ocorrem, sem impacto sobre os aminoácidos subsequentes na cadeia polipeptídica.
- E. Mutações em regiões intrônicas nunca têm consequência funcional, pois os íntrons são removidos durante o splicing e não contribuem para a sequência da proteína final.

### Pergunta 2 | escolha única

Sobre os mecanismos de replicação do DNA em eucariotos, é CORRETO afirmar que:

- A. A replicação ocorre bidirecionalmente a partir de múltiplas origens; a DNA polimerase sintetiza a nova fita no sentido 5'→3', o que exige a síntese de fragmentos de Okazaki na fita retardada (lagging).
- B. A atividade de correção (proofreading) 3'→5' da DNA polimerase é suficiente para garantir a fidelidade total da replicação, dispensando mecanismos adicionais de reparo pós-replicativo.
- C. A telomerase adiciona repetições teloméricas utilizando DNA genômico como molde e é altamente expressa em todas as células somáticas diferenciadas.
- D. A replicação ocorre de forma conservativa: a fita parental permanece intacta e uma nova molécula de fita dupla é sintetizada inteiramente a partir de nucleotídeos livres.
- E. A fita contínua e a fita descontínua são sintetizadas no mesmo sentido em relação à forquilha de replicação, dispensando a ação de primases e ligases na fita contínua.

### Pergunta 3 | escolha única

Sobre os mecanismos pelos quais mutações podem causar doença, assinale a alternativa CORRETA:

- A. Mutações com ganho de função são mais graves do que mutações com perda de função, pois resultam em maior produção da proteína afetada.
- B. O efeito dominante negativo ocorre quando uma proteína mutante interfere na função da proteína normal produzida pelo alelo selvagem, podendo causar doença mesmo em heterozigose.
- C. Mutações com perda de função causam doença em homozigose, pois a presença de um alelo selvagem é o suficiente para compensar a perda de função do alelo mutante em qualquer gene.
- D. Haploinsuficiência ocorre quando a superexpressão de um único alelo funcional é suficiente para causar a doença, sendo um mecanismo exclusivo de doenças autossômicas recessivas.
- E. Mutações com ganho de função não são comumente observadas em doenças oncológicas, pois o câncer resulta da perda de função de genes supressores de tumor.

**Pergunta 4** | escolha única

A epigenética estuda modificações na expressão gênica que são herdáveis, mas não envolvem alterações na sequência do DNA. Sobre epigenética, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. A metilação de dinucleotídeos CpG em regiões promotoras está associada ao silenciamento gênico.
- B. Modificações de histonas compõem um código regulatório que modula a acessibilidade da cromatina e a expressão dos genes adjacentes.
- C. As marcas epigenéticas são estáveis e herdadas dos genitores, não sendo influenciadas por fatores ambientais, nutricionais ou farmacológicos.
- D. O imprinting genômico resulta na expressão monoalélica de determinados genes conforme a origem parental, sendo mediado por marcas epigenéticas estabelecidas na linhagem germinativa.
- E. LncRNAs podem recrutar complexos modificadores de cromatina para regiões genômicas específicas, atuando como reguladores epigenéticos em cis ou em trans.

**Pergunta 5** | escolha única

Os padrões de herança mendeliana e suas extensões são fundamentais para a interpretação de testes genéticos em contexto clínico. Sobre herança genética, é CORRETO afirmar que:

- A. Em doenças autossômicas dominantes com penetrância incompleta, todo portador do alelo patogênico manifestará a doença.
- B. Doenças autossômicas recessivas afetam igualmente indivíduos heterozigotos e homozigotos, pois a presença de um único alelo mutante é suficiente para a manifestação da condição.
- C. A penetrância incompleta e a expressividade variável são fenômenos que descrevem a ausência completa do fenótipo em indivíduos portadores do alelo patogênico.
- D. Em doenças ligadas ao X recessivas, homens hemizigóticos são portadores assintomáticos, enquanto mulheres heterozigotas manifestam preferencialmente a doença clinicamente.
- E. Doenças mitocondriais podem apresentar heteroplasmia, o que contribui para a variabilidade clínica observada entre indivíduos da mesma família.

**Pergunta 6** | escolha única

A genética de populações e os estudos de doenças complexas utilizam princípios estatísticos e genômicos para compreender a distribuição de variantes e sua associação com fenótipos. Sobre esses conceitos, assinale a alternativa CORRETA:

- A. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) identificam variantes causais de forma direta, dispensando na maior parte das vezes estudos funcionais de validação.
- B. O equilíbrio de Hardy-Weinberg é atingido após centenas de gerações de acasalamento aleatório e, uma vez estabelecido, é mantido mesmo na presença de seleção natural, mutação ou migração.
- C. Quanto maior o desequilíbrio de ligação em uma região genômica, menos informativa é a região para estudos de mapeamento genético por GWAS.
- D. Variantes raras de efeito grande são identificadas com maior eficiência por GWAS do que por sequenciamento completo do genoma ou exoma, por apresentarem frequência alélica suficientemente alta nas populações de referência.
- E. A herdabilidade de um traço mede a proporção da variância fenotípica atribuível a diferenças genéticas em uma população específica.

**Pergunta 7** | escolha única

O sequenciamento por síntese (SBS – Sequencing by Synthesis) da plataforma Illumina é baseado na incorporação cíclica de nucleotídeos modificados. Sobre o princípio químico e o mecanismo desta tecnologia, assinale a alternativa INCORRETA:

- A.** O SBS utiliza nucleotídeos com terminadores reversíveis: cada nucleotídeo possui um grupo bloqueador na posição 3'-OH que impede a incorporação do próximo nucleotídeo antes da etapa de imageamento, garantindo a leitura de uma base por vez.
- B.** Cada um dos quatro nucleotídeos (A, T, C, G) é marcado com um fluoróforo de cor distinta; após a incorporação, o sequenciador captura a fluorescência emitida por cada cluster para identificar a base incorporada naquele ciclo.
- C.** Após o imageamento, o grupo bloqueador 3'-OH e o fluoróforo são quimicamente removidos (clivagem reversível), regenerando a extremidade 3'-OH livre para a incorporação do próximo nucleotídeo no ciclo seguinte.
- D.** O sequenciamento por nanoporos (Oxford Nanopore) utiliza o mesmo princípio de terminadores reversíveis fluorescentes que o SBS da Illumina, diferenciando-se apenas pelo comprimento médio das reads geradas.
- E.** A queda progressiva de qualidade nas extremidades 3' das reads, característica do SBS, ocorre porque ao longo dos ciclos acumula-se uma fração de moléculas com defasagem (phasing/pre-phasing), em que a clivagem do terminador é incompleta ou prematura, gerando sinal misto nos clusters.

**Pergunta 8** | escolha única

O sequenciamento paired-end e o single-end diferem na forma como as reads são geradas a partir de cada fragmento de DNA. Sobre essas duas estratégias, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** No sequenciamento single-end, as duas extremidades do fragmento são lidas sequencialmente, gerando reads mais longas e de maior qualidade do que o paired-end.
- B.** O sequenciamento paired-end gera dois reads por fragmento, um de cada extremidade, o que melhora o alinhamento em regiões repetitivas, aumentando a confiança na chamada de variantes.
- C.** O sequenciamento paired-end é indicado exclusivamente para RNA-seq, pois o single-end é suficiente para qualquer aplicação de DNA genômico, incluindo sequenciamento completo do genoma e do exoma.
- D.** A principal vantagem do paired-end sobre o single-end é o aumento do comprimento de cada read individual.
- E.** O sequenciamento single-end produz maior profundidade de cobertura do que o paired-end para o mesmo número de ciclos, sendo por isso preferencial em estudos de sequenciamento completo do genoma diagnóstico.

**Pergunta 9** | escolha única

Em sequenciamento de leitura curta (short-read sequencing), alguns parâmetros são usados para avaliar a qualidade dos dados gerados. Sobre esses parâmetros, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** Quanto maior o Q score de uma base, maior a probabilidade de erro na sua identificação; Q10 é o limiar mínimo recomendado para aplicações diagnósticas.
- B.** A profundidade de cobertura não precisa ser planejada antes da corrida, pois é sempre suficiente independentemente da quantidade de dados gerada.
- C.** Uma taxa de erro acima de 5% indica corrida de alta qualidade e os dados podem ser utilizados normalmente em aplicações diagnósticas.
- D.** O yield (quantidade total de dados gerados), o percentual de bases com  $Q \geq 30$  e a profundidade de cobertura são parâmetros complementares: indicam, respectivamente, se há dados suficientes, se as bases são confiáveis e se cada região do genoma foi adequadamente sequenciada.
- E.** O percentual de bases com Q30 não é relevante para avaliar a qualidade de uma corrida, pois a qualidade das bases individuais não impacta a chamada de variantes.

**Pergunta 10** | escolha única

A escolha do método de extração de DNA impacta diretamente a qualidade e a integridade do material obtido, devendo ser orientada pela aplicação pretendida e pela fonte de amostra. Sobre os métodos de extração e suas indicações, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** Métodos baseados em adsorção em membrana de sílica sob condições caotrópicas preservam fragmentos de alto peso molecular com maior eficiência do que métodos baseados em beads magnéticas, sendo preferenciais para sequenciamento de leitura longa.
- B.** A extração por fenol-clorofórmio é o método de escolha para rotinas diagnósticas de alto volume, por ser o único capaz de remover completamente inibidores de PCR e contaminações proteicas.
- C.** Em geral, os métodos de extração geram DNA de qualidade equivalente, independentemente da fonte de amostra, e a escolha do método impacta pouco os dados de sequenciamento.
- D.** Métodos baseados em beads magnéticas com superfície de sílica minimizam o cisalhamento mecânico do DNA, sendo os mais indicados para obtenção de DNA de alto peso molecular para sequenciamento de leitura longa.
- E.** A extração de DNA a partir de saliva fornece material de qualidade superior ao de sangue periférico, pela maior concentração de células epiteliais e pela ausência de hemoglobina como inibidor.

**Pergunta 11** | escolha única

Antes do preparo de biblioteca para Next Generation Sequencing (NGS), as amostras de DNA passam por uma etapa de qualificação que determina se estão aptas para o ensaio. Sobre os critérios de aceitação e rejeição de amostras, assinale a alternativa INCORRETA:

- A.** A concentração mínima de DNA varia conforme o fabricante e a aplicação; quantidades insuficientes resultam em bibliotecas de baixa complexidade, com alta taxa de duplicatas e cobertura não uniforme.
- B.** O DNA integrity number (DIN) é essencial para aplicações que requerem DNA de alto peso molecular; para sequenciamento do genoma completo short-read, onde o DNA é intencionalmente fragmentado, um DIN elevado não é obrigatório e pode ser substituído por critérios de concentração adequados.
- C.** Amostras de tecido fixado em formalina e embebido em parafina são aceitas com critérios menos rígidos do que DNA de tecido fresco, pois protocolos e fabricantes específicos compensam a degradação causada pelo processo de fixação.
- D.** Razão A260/A230 abaixo de 1,8 pode indicar contaminação por guanidínio, fenol ou EDTA residuais, que inibem enzimas do preparo de biblioteca; essas amostras devem ser purificadas antes de prosseguir.
- E.** Para análise de ctDNA em biópsia líquida, a baixa fração tumoral circulante exige protocolos de alta sensibilidade, como uso de Unique Molecular Identifiers (UMIs) e sequenciamento ultraprofundo.

**Pergunta 12** | escolha única

A quantificação e a avaliação da integridade do DNA são etapas essenciais antes do preparo de bibliotecas Next Generation Sequencing (NGS). Sobre os métodos utilizados e seus parâmetros, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** O NanoDrop é o método mais preciso para quantificação de DNA para NGS, pois distingue com exatidão DNA de fita dupla de RNA residual e contaminantes que absorvem em 260 nm.
- B.** A razão A260/A280 próxima de 1,8 indica boa pureza do DNA; porém, contaminantes como guanidínio e polissacarídeos não são detectados por essa razão, pois absorvem em comprimentos de onda distintos.
- C.** A quantificação por Qubit utiliza corante específico para DNA de fita dupla, sendo mais precisa do que o NanoDrop para estimar a concentração de DNA amplificável, especialmente em amostras com RNA residual ou contaminantes que absorvem em 260 nm.
- D.** O DNA integrity number (DIN) avalia a concentração de DNA por fluorometria, sendo equivalente ao Qubit em termos de sensibilidade e especificidade para DNA de fita dupla.
- E.** Amostras com razões A260/A280 e A260/A230 adequadas são consideradas puras e aptas para qualquer aplicação de sequenciamento de nova geração.

**Pergunta 13** | escolha única

O sequenciamento do genoma completo (WGS) é uma abordagem abrangente para análise genômica, com aplicações que vão do diagnóstico de doenças raras à genômica de populações. Sobre suas características e requisitos, assinale a alternativa CORRETA:

- A. O WGS analisa exclusivamente as regiões codificadoras do genoma, sendo equivalente ao exoma completo (WES) em termos de cobertura e diferindo apenas pelo método de enriquecimento utilizado.
- B. Para diagnóstico de doenças genéticas raras, uma cobertura média de 5x é suficiente para detectar variantes heterozigóticas com confiança em todas as regiões do genoma.
- C. O WGS permite detectar simultaneamente SNVs, indels e CNVs, além de variantes em regiões regulatórias e intrônicas que escapam à análise por WES ou painéis dirigidos.
- D. A cobertura de regiões repetitivas por WGS com reads curtas é uniforme e equivalente à de regiões únicas, pois os alinhadores posicionam corretamente todas as reads independentemente do contexto de sequência.
- E. A cobertura mínima necessária para garantir uma boa qualidade de chamada de variantes em WGS é de 500x.

**Pergunta 14** | escolha única

Sobre gerenciamento de resíduos de serviços de saúde segundo a RDC ANVISA nº 222/2018, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. Resíduos do Grupo A (potencialmente infectantes) devem ser acondicionados em sacos brancos leitosos identificados com o símbolo de risco biológico.
- B. Resíduos do Grupo E (perfurocortantes) devem ser descartados em recipientes rígidos resistentes à punctura, identificados e lacrados antes do encaminhamento.
- C. Resíduos do Grupo B (químicos), como soluções de fenol-clorofórmio, podem ser descartados na pia após diluição em água corrente.
- D. Resíduos radioativos como os gerados com  $^{32}\text{P}$  são classificados como Grupo C e devem seguir normas específicas da Comissão Nacional de Energia Nuclear (CNEN) para descarte.
- E. O programa de gerenciamento de resíduos em serviços de saúde é obrigatório para laboratórios de diagnóstico molecular, independentemente do porte da instituição.

**Pergunta 15** | escolha única

Sobre validação de métodos analíticos em laboratórios de diagnóstico molecular, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. O limite de detecção (LoD) deve ser determinado com amostras de referência contendo o analito em concentrações ou frequências alélicas conhecidas.
- B. A especificidade analítica avalia a capacidade do ensaio de detectar apenas o alvo de interesse, sem gerar falsos positivos por interferências ou artefatos.
- C. A reprodutibilidade inter-ensaio avalia a variabilidade dos resultados obtidos em diferentes dias, por diferentes operadores ou em diferentes equipamentos.
- D. A validação deve ser realizada antes da implementação do teste para uso diagnóstico, com resultados documentados e aprovados pelo responsável técnico.
- E. A validação clínica de um teste é equivalente à validação analítica e pode ser conduzida simultaneamente em menos de 30 dias.

**Pergunta 16** | escolha única

Sobre medidas de prevenção de contaminação cruzada em laboratórios biologia molecular, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. A segregação física das áreas de pré e pós-amplificação é uma das principais medidas para prevenir contaminação por produtos de PCR.
- B. Realizar todas as etapas do processo em uma única sala reduz o risco de contaminação associado ao transporte das amostras entre áreas.
- C. O uso de ponteiras com filtro em todas as etapas de manipulação de amostras reduz o risco de contaminação por aerossóis.
- D. A inclusão de controles negativos de extração e de preparo de biblioteca em todos os lotes permite detectar contaminações introduzidas durante o processo.
- E. O monitoramento do perfil de índices na desmultiplexagem permite identificar eventos de index hopping entre amostras de um mesmo lote.

**Pergunta 17** | escolha única

A rastreabilidade de amostras e reagentes é um requisito fundamental em laboratórios de diagnóstico molecular. Sobre esse tema, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. Todo reagente utilizado deve ter seu número de lote, data de validade e condições de armazenamento registrados, permitindo rastrear sua utilização em cada lote de amostras processado.
- B. Cada amostra deve possuir identificação única ao longo de todo o processo, desde a coleta à liberação do resultado, garantindo que qualquer desvio possa ser rastreado.
- C. Quando um lote de reagente apresenta problema de qualidade, a rastreabilidade permite identificar quais amostras foram afetadas e avaliar a necessidade de reprocessamento.
- D. A rastreabilidade de amostras e reagentes é exigida apenas para ensaios submetidos a auditorias externas; em rotinas internas, o registro simplificado é suficiente.
- E. Sistemas de gestão laboratorial e códigos de barras são ferramentas que auxiliam na rastreabilidade, reduzindo erros de identificação e garantindo o vínculo entre amostra, reagentes utilizados e resultado liberado.

**Pergunta 18** | escolha única

Sobre o uso de Equipamentos de Proteção Individual (EPIs) e Equipamentos de Proteção Coletiva (EPCs) em laboratórios de biologia molecular, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. EPIs protegem o operador individualmente; exemplos incluem luvas, jaleco, óculos de proteção e máscara.
- B. EPCs protegem o operador, o material manipulado e o ambiente simultaneamente; as cabines de segurança biológica são o principal exemplo em laboratórios de biologia molecular.
- C. EPIs e EPCs são complementares e devem ser usados em conjunto; o EPI não substitui o EPC quando o procedimento exige contenção do agente manipulado.
- D. O uso de EPI dispensa o uso de EPC quando o agente manipulado é de baixo risco, pois a proteção individual é suficiente para garantir a segurança do operador e do ambiente.
- E. Sistemas de ventilação com pressão negativa e chuveiros de emergência são exemplos de EPCs presentes em laboratórios de maior nível de contenção.

**Pergunta 19** | escolha única

Sobre os requisitos éticos da Resolução CNS nº 466/2012 aplicados a pesquisas em genômica clínica, é CORRETO afirmar que:

- A.** O Termo de Consentimento livre e Esclarecido (TCLE) pode ser dispensado quando a pesquisa utiliza apenas dados secundários disponíveis em bancos públicos, mesmo que haja potencial de re-identificação dos participantes.
- B.** Em estudos genômicos, achados incidentais com relevância clínica estabelecida não precisam ser comunicados ao participante, pois o escopo do estudo é epidemiológico e não diagnóstico.
- C.** O TCLE deve ser elaborado em linguagem acessível, contemplar riscos e benefícios da participação, garantir o direito de retirada sem penalidade, e ser assinado em duas vias, sendo uma para o participante e outra para o pesquisador.
- D.** A aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) de qualquer instituição executora é suficiente para o início de estudo com seres humanos no Brasil;
- E.** Em pesquisas com biobancos, o consentimento obtido originalmente é automaticamente válido para qualquer uso futuro não especificado no TCLE original.

**Pergunta 20** | escolha única

Em um estudo multicêntrico de genômica, descobre-se que os dados estão sendo usados por um parceiro para fins comerciais. Este uso não estava previsto no Termo de Consentimento Livre e Esclarecido nem aprovado pelo Sistema Nacional de Ética em Pesquisa. Nesse contexto, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** Permitir o uso, pois o financiamento confere ao parceiro direitos sobre os dados gerados.
- B.** Continuar o compartilhamento, mas exigir coautoria na patente, regularizando o uso.
- C.** Comunicar verbalmente ao parceiro e aguardar interrupção voluntária.
- D.** Interromper o compartilhamento, notificar a Instância Nacional de Ética em Pesquisa (Inaep) e o Comitê de Ética em pesquisa e revisar os acordos de transferência de dados.
- E.** Solicitar ao Comitê de Ética em Pesquisa uma emenda retroativa que inclua o uso comercial dos dados, dispensando novo consentimento.

**Pergunta 21** | escolha única

Sobre integridade científica e boas práticas em pesquisa genômica, assinale a alternativa CORRETA:

- A.** A autoria pode ser concedida a qualquer colaborador que tenha participado da coleta de amostras, independentemente de contribuição intelectual, como forma de reconhecimento institucional.
- B.** Conflitos de interesse financeiros com a indústria devem ser declarados apenas na submissão do protocolo ao Comitê de Ética em Pesquisa, não sendo necessária sua divulgação nas publicações.
- C.** Em pesquisas genômicas exploratórias, a exclusão post hoc de amostras com resultados discordantes é considerada prática aceitável quando devidamente justificada na seção de métodos.
- D.** O uso sem atribuição de autoria de pipelines de bioinformática publicados em artigos científicos sem licença restritiva é eticamente aceitável na comunidade genômica, desde que os parâmetros de execução sejam descritos na metodologia.
- E.** A autoria deve ser baseada em contribuição substancial à concepção do estudo, à análise ou interpretação dos dados e à redação ou revisão crítica do manuscrito.

**Pergunta 22** | escolha única

Sobre os desafios da aplicação de tecnologias genômicas na saúde pública, assinale a alternativa INCORRETA:

- A. A implementação da medicina de precisão pode ampliar desigualdades em saúde se o acesso a testes genômicos não for equitativo entre diferentes grupos populacionais.
- B. Estudos genômicos conduzidos predominantemente em populações europeias podem gerar resultados pouco aplicáveis a populações de alta miscigenação, como a brasileira.
- C. A medicina de precisão em oncologia atualmente dispensa a avaliação de fatores clínicos e histopatológicos tradicionais, substituindo-os pelas informações moleculares do tumor.
- D. Um teste genômico desenvolvido em pesquisa não deve ser utilizado na prática clínica sem validação analítica e clínica prévia.
- E. A implementação de tecnologias genômicas na saúde pública deve considerar aspectos de custo, infraestrutura e capacitação profissional para que os benefícios alcancem diferentes populações.

**Pergunta 23** | escolha única

Sobre os aspectos éticos da divulgação de informações genômicas para indivíduos e seus familiares, assinale a alternativa CORRETA:

- A. Ao identificar uma variante genética de alto risco em um participante de pesquisa, o pesquisador é obrigado a notificar todos os familiares de primeiro grau, independentemente da vontade do participante.
- B. Informações genômicas individuais não afetam familiares, pois cada pessoa possui uma combinação única de variantes.
- C. Um resultado obtido em contexto de pesquisa tem o mesmo valor diagnóstico de um teste clínico realizado em laboratório, podendo ser usado imediatamente para decisões terapêuticas.
- D. O direito de não saber garante ao indivíduo a possibilidade de recusar o recebimento de informações genéticas sobre si mesmo, mesmo quando essas informações têm relevância clínica.
- E. A discriminação genética por parte de seguradoras e empregadores é uma preocupação teórica, mas sem registros documentados em qualquer país.

**Pergunta 24** | escolha única

Uma amostra de DNA genômico avaliada por espectrofotometria apresentou uma razão 260/280 igual a 1,2. Qual é a interpretação adequada para essa amostra?

- A. Possível DNA com boa pureza e integridade.
- B. Possível contaminação proteica.
- C. Possível contaminação por RNA.
- D. Possível degradação do DNA.
- E. Possível contaminação por reagentes orgânicos.

**Pergunta 25** | escolha única

Durante a padronização do preparo de bibliotecas para Next Generation Sequencing (NGS) em um laboratório de genômica, a equipe avalia dois protocolos: com PCR e sem PCR. Na discussão, são consideradas as diferenças técnicas entre os métodos, incluindo etapas do processo, requisitos de entrada de DNA e possíveis impactos nos dados gerados. Qual é a principal diferença entre protocolos de bibliotecas para NGS com PCR e sem PCR?

- A. Protocolos sem PCR não utilizam adaptadores no DNA.
- B. Protocolos com PCR reduzem a taxa de duplicatas.
- C. Protocolos sem PCR geram mais duplicatas.
- D. Protocolos com PCR dispensam quantificação de DNA.
- E. Protocolos com PCR incluem etapa de amplificação do DNA.

**Pergunta 26** | escolha única

Um laboratório recebe duas amostras de DNA para sequenciamento de genoma completo (WGS): - Amostra 1: baixa quantidade de DNA, distribuição de fragmentos predominantemente < 500 bp - Amostra 2: alta quantidade de DNA, com fração significativa de fragmentos > 20 kb Ao avaliar estratégias de preparo de bibliotecas para maximizar a qualidade dos dados e considerar as características das amostras, qual interpretação é adequada?

- A. A Amostra 1 favorece bibliotecas long-read, pois fragmentos menores são mais facilmente sequenciáveis.
- B. A Amostra 2 permite melhor aproveitamento em bibliotecas long-read, preservando informações estruturais relevantes.
- C. Ambas as amostras terão desempenho equivalente em long-read, desde que a profundidade seja ajustada.
- D. A maior quantidade de DNA na Amostra 2 garante desempenho superior independentemente do tipo de biblioteca escolhido.
- E. A Amostra 1 é mais indicada para análise de variantes estruturais devido à fragmentação do DNA.

**Pergunta 27** | escolha única

Durante a análise de controle de qualidade por eletroforese automatizada de uma biblioteca para sequenciamento de genoma completo (WGS) preparada com protocolo sem PCR, observa-se uma distribuição de fragmentos com pico principal significativamente abaixo do tamanho esperado, além de discreto acúmulo de fragmentos muito pequenos. Qual é a causa provável para esse achado?

- A. Fragmentação excessiva do DNA durante o preparo da biblioteca.
- B. Formação de dímeros de adaptadores durante a etapa de ligação.
- C. Ligação ineficiente de adaptadores, resultando em enriquecimento de fragmentos menores.
- D. Baixa eficiência na etapa de amplificação da biblioteca.
- E. Contaminação por RNA residual na amostra.

**Pergunta 28** | escolha única

Durante a rotina do laboratório de genômica, identificou-se que um lote de reagentes críticos para preparo de bibliotecas foi armazenado fora da temperatura recomendada pelo fabricante por período indeterminado. Não há registro confiável das condições de exposição. Qual é a conduta CORRETA diante dessa situação?

- A. Utilizar o reagente e verificar a qualidade da biblioteca.
- B. Restringir o uso do reagente a amostras de controle.
- C. Descartar o lote e registrar a não conformidade.
- D. Testar o desempenho antes de decidir pelo uso.
- E. Ajustar o protocolo para compensar possível perda de desempenho do reagente.

**Pergunta 29** | escolha única

Durante o preparo de amostras, você observa que um colega não seguiu corretamente uma etapa crítica do protocolo. O erro pode impactar a qualidade dos resultados, mas ainda há tempo para correção. Qual é a forma CORRETA de abordar a situação?

- A. Aguardar o término do processo para discutir o ocorrido.
- B. Corrigir o erro sem comentar com o colega.
- C. Interromper o processo e expor o erro à equipe.
- D. Abordar o colega de forma respeitosa e imediata para corrigir o problema.
- E. Comunicar diretamente à supervisão sem abordar o colega.

**Pergunta 30** | escolha única

Durante a manipulação de material biológico potencialmente contaminante, ocorre um derramamento de amostra na bancada. Considerando a NR-32, qual é a conduta CORRETA a ser tomada?

- A. Limpar rapidamente a área e retomar o trabalho.
- B. Isolar a área e seguir o protocolo de contenção e descontaminação.
- C. Ignorar o derramamento se o volume for pequeno.
- D. Transferir o trabalho para outro local sem registrar o ocorrido.
- E. Utilizar equipamentos de proteção individual adicionais e limpar a área sem interromper o fluxo de trabalho.

**Pergunta 31** | escolha única

Durante o processamento de amostras, você identifica um tubo com código ilegível, impossibilitando a confirmação inequívoca de sua identificação. Qual é a conduta CORRETA a ser tomada?

- A. Tentar identificar a amostra com base no contexto.
- B. Continuar o processamento normalmente.
- C. Interromper o processo e seguir o protocolo de rastreabilidade.
- D. Substituir o código por um novo sem registro.
- E. Separar a amostra e tentar confirmar a identificação posteriormente.

**Pergunta 32** | escolha única

Durante a execução de um procedimento, dois membros da equipe discordam sobre a melhor forma de conduzir uma etapa crítica, gerando tensão e risco de atraso no processo. Qual seria a conduta ADEQUADA nessa situação?

- A. Permitir que resolvam sozinhos.
- B. Definir rapidamente uma conduta sem discussão para evitar atrasos.
- C. Promover um diálogo estruturado, baseado em critérios técnicos e respeito.
- D. Adiar a decisão até que haja consenso natural.
- E. Encaminhar imediatamente a decisão para a supervisão.

**Pergunta 33** | escolha única

Um novo biólogo apresenta dificuldades recorrentes em seguir protocolos padronizados durante a execução de atividades laboratoriais, com risco potencial para a qualidade dos resultados. Qual é a conduta CORRETA nesta situação?

- A. Permitir que o colaborador adapte os procedimentos ao seu estilo.
- B. Reforçar o treinamento, com supervisão e acompanhamento próximos.
- C. Reduzir suas responsabilidades sem oferecer orientação adicional.
- D. Transferir tarefas críticas para outros membros da equipe.
- E. Registrar a dificuldade e comunicar à supervisão para acompanhamento.

**Pergunta 34** | escolha única

Durante o monitoramento de controle de qualidade de sequenciamentos, observa-se variação significativa e consistente nos resultados entre diferentes lotes de preparo de biblioteca, sem explicação imediata. Qual é a ação CORRETA diante desse cenário?

- A. Aceitar a variação como parte da variabilidade do processo.
- B. Repetir apenas as amostras com resultados discrepantes.
- C. Investigar as causas e revisar o processo como um todo.
- D. Ajustar os resultados para reduzir a variabilidade observada.
- E. Ignorar a variação e reiniciar o processo com novo lote de preparo de biblioteca.

**Pergunta 35**

| escolha única

Durante a preparação de bibliotecas para Next Generation Sequencing utilizando um robô de pipetagem automatizada de alta precisão, um biólogo inicia o protocolo sem revisar a configuração dos insumos, equipamentos e reagentes no deck e sem confirmar o protocolo selecionado. O processo ainda não foi iniciado. Qual é a seria uma conduta ADEQUADA para garantir a qualidade e a segurança do processo?

- A.** Iniciar o protocolo, pois o robô executa o processo de forma padronizada.
- B.** Executar um teste parcial do protocolo sem revisar a configuração.
- C.** Corrigir eventuais erros apenas após a execução, com base nos resultados.
- D.** Conferir a configuração do deck, reagentes e protocolo antes de iniciar a execução.
- E.** Prosseguir com o protocolo e monitorar possíveis erros durante a execução.