PROVA - CATEGORIA ANÁLISE (BIOINFORMATA E BIOINFORMATA SÊNIOR)

Identificador: XDH968380

Variante A | 35 perguntas

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

Pergunta 1 | escolha única

Sobre o arquivo CRAM, pode-se afirmar corretamente que:

A. Apesar de ser um arquivo alinhado, pode conter as informações do FastQ utilizado para sua geração, incluindo reads duplicadas e não mapeadas.

B. A ausência dos fragmentos trimados das reads faz com que seja impossível que ele seja alinhado a um novo genoma de referência

C. O tamanho reduzido do arquivo CRAM resulta da compressão de referência, o que o torna menor que um arquivo SAM com os mesmos dados e maior que um arquivo BAM com os mesmos dados.

D. Seu tamanho resulta da compressão de referência, o que o torna menor que um arquivo BAM com os mesmos dados e, simultaneamente, maior que um arquivo SAM com os mesmos dados.

E. Por padrão, possui todas as informações do BCL, incluindo reads duplicadas e não mapeadas.

Pergunta 2 | escolha única

Sobre associação genótipo-fenótipo, é correto afirmar que:

A. Trata-se de um estudo de varredura que busca todas as variantes associadas a um fenótipo.

B. Trata-se da associação estatística de um alelo com um fenótipo. Não prevê relação de causa e efeito, indicando apenas que a ocorrência do alelo está estatisticamente associada à ocorrência do fenótipo.

C. Trata-se da associação estatística de um alelo com um fenótipo. Prevê relação de causa e efeito, indicando que a ocorrência do alelo está associada à ocorrência do fenótipo.

D. Trata-se da associação estatística de uma posição genômica com um fenótipo. Não prevê relação de causa e efeito, apenas a tendência de que determinado locus se apresente junto a um fenótipo.

E. Trata-se da correlação de uma posição genômica com um fenótipo. Prevê relação de causa e efeito, indicando a tendência de que determinado locus se apresente junto a um fenótipo.

Pergunta 3 | escolha única

Caso um participante de um estudo científico queira revogar seu consentimento de participação, o procedimento adotado pelo projeto em relação aos dados do participante deve ser:

A. Manter os dados em uma pasta à qual apenas os gestores do projeto tenham acesso.

B. Executar protocolo de exclusão dos dados do participante, observadas as hipóteses legais de conservação e os limites técnicos aplicáveis.

C. Manter o dado do participante para utilizar na geração de resultados agregados, uma vez que o dado já foi gerado e já se encontra pseudoanonimizado.

D. Manter o dado no servidor, mas sem utilização nas análises científicas posteriores.

E. Congelar os dados do participante por 10 anos e recontatar para pedir novo consentimento após esse período.

Pergunta 4 | escolha única

ID	Data de nascimento	Altura (cm)	Peso (Kg)	Data de coleta
001	12/08/1987	1,65	65.8	25/07/2024
002	23/02/1990	180	80,1	26/07/2024
003	04/11/2005	175	95,7	26/07/2024
004	13/03/2001	1.7	70,0	27/08/2024
002	23/02/1990	180	80,1	26/07/2024
005	12/30/1986	158	58,0	27/08/2024

Considere a seguinte tabela fenotípica. Analisando as informações da tabela e considerando as dimensões de qualidade fenotípicas, assinale a alternativa correta:

A. Existem apenas falhas de conformidade da tabela

B. O formato das datas apresentadas deve ser corrigido para o padrão americano.

C. Existem quatro falhas de conformidade na tabela e uma falha de unicidade

D. A tabela não apresenta problemas quanto às dimensões de qualidade.

E. Na tabela existem apenas falhas de unicidade.

Pergunta 5 | escolha única

ID	Data de nascimento	Altura (cm)	Peso (g)	Data de coleta
E2001	21/11/2010	95	16750	20/05/2015
E2002	05/04/2011	100	18083	20/05/2015
E2003	10/12/2010	98	21621	20/05/2015
E2004	13/03/2011	103	14563	21/05/2015
E2005	03/01/2011	92	15894	21/05/2015
E2006	12/09/2010	97	17064	22/05/2015

Ainda sobre a tabela de fenótipos da questão anterior, observe os fenótipos de um segundo estudo na tabela anexa a esta questão. Em uma situação de harmonização de fenótipos entre os dois estudos, é correto afirmar que:

A. Apesar dos estudos possuírem as mesmas variáveis, é preciso considerar as diferenças de faixa etária em uma análise.

B. O segundo estudo apresenta uma inconsistência nas informações na coluna de peso, com valores exorbitantes em relação à idade dos indivíduos.

C. Os dois estudos se apresentam homogêneos em relação às variáveis, portanto, não são necessárias adaptações para juntá-los.

D. Ambos os estudos precisam ter as datas convertidas para o padrão americano.

E. Uma vez que ambos os estudos apresentam altura em centímetros, ambos deveriam apresentar o peso em gramas.

Pergunta 6 | escolha única

Considere a linha de comando:

> grep 'SS6004476' /media/NAS/Arquivos_plink/Arquivo_de_trabalho.fam | awk '{print $2}' > lista_de_IDs.txt

Sobre a linha apresentada, é correto afirmar:

A. O comando apresentado busca o padrão “SS6004476” no arquivo “Arquivo_de_trabalho.fam” e salva apenas a informação da segunda coluna em um arquivo de texto correspondente à primeira aparição do padrão no arquivo.

B. O comando apresentado busca todas as linhas do arquivo “Arquivo_de_trabalho.fam” que apresentam o padrão “SS6004476” e salva apenas a segunda coluna em um arquivo de texto.

C. A linha de comando resultará em um erro, pois possui dois comandos bash diferentes sem apresentar o && separando-os.

D. A linha de comando resultará em um erro, pois o padrão buscado está entre aspas simples e não aspas duplas.

E. A linha de comando resultará em um erro, pois o nome do arquivo indica que o mesmo não está no mesmo diretório em que o comando está sendo executado.

Pergunta 7 | escolha única

A ACMG estabelece critérios para classificação de variantes em contexto clínico. De acordo com esses critérios, pode ser considerada uma evidência forte que a variante é patogênica quando:

A. Possui estudos funcionais in vitro ou in vivo bem estabelecidos e que demonstram um efeito deletério na proteína.

B. A variante foi previamente relatada como patogênica por uma fonte confiável.

C. É localizada em um domínio mutacional importante ou região funcional conhecida por ser tolerante a pouca variação.

D. Variante missense em um gene que tem baixa taxa de tolerância à missense e onde esse tipo de variante é um mecanismo comum de doença.

E. O fenótipo do paciente ou a história familiar são altamente específicos para aquela doença genética.

Pergunta 8 | escolha única

Assinale a alternativa que melhor define regiões pseudoautossômicas:

A. São regiões de cromossomos autossômicos distintos que se recombinam entre si.

B. São regiões do cromossomo mitocondrial presentes no genoma nuclear.

C. São regiões genômicas de agentes patógenos incorporadas ao genoma humano.

D. São regiões autossômicas silenciadas em uma das cópias cromossômicas.

E. São regiões do cromossomo Y passíveis de recombinação com o cromossomo X.

Pergunta 9 | escolha única

Como a estruturação semântica de fenótipos via ontologias auxilia os algoritmos de apoio à decisão diagnóstica em genômica clínica?

A. Permite o cálculo de similaridade fenotípica entre pacientes e perfis de doenças conhecidas.

B. Elimina as variações de sensibilidade dos exames laboratoriais realizados em rotinas de triagem.

C. Substitui completamente a necessidade de sequenciamento de DNA no diagnóstico de doenças genéticas.

D. Garante a conversão automática de dados estruturados em texto livre não formatado para armazenamento.

E. Viabiliza a visualização da completude do banco de dados originado de múltiplos projetos harmonizados.

Pergunta 10 | escolha única

Em relação ao conceito de herdabilidade, indique a resposta incorreta:

A. A herdabilidade de uma doença pode variar significativamente em diferentes populações humanas.

B. A herdabilidade de uma doença não varia significativamente em diferentes populações humanas.

C. A herdabilidade de uma doença típicamente genética como a fibrose cística ou a síndrome de Marfan é próxima ou igual a 100%.

D. Diferentes tipos de câncer (mama, estômago, cólon, etc.) têm formas seja com baixa herdabilidade que formas com alta herdabilidade.

E. Estudos de herdabilidade de doenças em gêmeos mostraram as seguintes taxas de concordância: (i) Diabetes tipo I: 53 entre gêmeos monozigóticos e 11 entre gêmeos dizigóticos; (ii) Diabetes tipo II: 50 entre gêmeos monozigóticos e 37 entre gêmeos dizigóticos. Essas taxas de concordância sugerem uma maior herdabilidade para a diabetes tipo I que para diabetes tipo II.

Pergunta 11 | escolha única

Como a estrutura hierárquica do tipo 'é-um' (is-a) presente na HPO e no SNOMED CT beneficia a mineração de dados em saúde?

A. Elimina a necessidade de armazenar dados categóricos em bancos de dados relacionais.

B. Garante que todos os conceitos tenham exatamente um único conceito pai na árvore ontológica.

C. Força a conversão automática de diagnósticos clínicos em prescrições medicamentosas.

D. Permite agregações de dados em múltiplos níveis de abstração para análises estatísticas.

E. Faz com que seja possível inferir múltiplos fenótipos para um paciente ao qual foi associado um único termo.

Pergunta 12 | escolha única

Qual estratégia de seleção de grupo controle é recomendada ao executar pipelines de fenotipagem para um GWAS de um fenótipo complexo específico?

A. Selecionar apenas participantes que não possuem nenhum registro médico em toda a sua vida.

B. Utilizar todos os demais indivíduos do biobanco sem qualquer filtro clínico como população de controle padrão.

C. Restringir os controles a indivíduos com parentesco de primeiro grau com os casos selecionados.

D. Excluir indivíduos que apresentem doenças correlacionadas ou fenocópias do fenótipo sob investigação.

E. Incluir indivíduos de bancos de dados públicos, mesmo que não haja dados fenotípicos disponíveis.

Pergunta 13 | escolha única

Para três SNVs na mesma região cromossômica do genoma humano: rs556 (com alelos C e T), rs235 (com alelos A e G) e rs1000 (com alelos C e T) se observam os seguintes genótipos obtidos por microarranjos para rs556, rs235, rs1000, respectivamente:

- Indivíduo1 CT AG CT
- Indivíduo2 CT AG CC
- Indivíduo3 CT GG CT
- Indivíduo4 TT GG CT
- Indivíduo5 TT AG CT

Para que indivíduos existe certeza em relação aos haplótipos que carregam:

A. Indivíduo4

B. Indivíduo2 e indivíduo4

C. Indivíduo 3

D. Indivíduo5

E. Em nenhum caso.

Pergunta 14 | escolha única

O daltonismo em humanos é uma característica recessiva ligada ao X. Aproximadamente 10% dos homens em uma população são daltônicos. (i) Se os casamentos forem aleatórios quanto ao lócus do daltonismo, qual é a frequência do alelo do daltonismo nessa população? (ii) Que proporção de mulheres nessa população é esperada para ser daltônica?(iii) Que proporção de mulheres nessa população é esperada para ser heterozigota para o gene do daltonismo? Indique a opção com as respostas corretas às questões (i), (ii) e (iii), respectivamente:

A. 5%; 0,01; 0,18

B. 5%, 0,01; 0,10

C. 10%; 0,01; 0,10

D. 10%; 0,01; 0,18

E. 10%, 0,1; 0,18

Pergunta 15 | escolha única

A doença de Tay-Sachs é rara e produz uma acumulação de substâncias tóxicas nas células nervosas, originando um distúrbio do desenvolvimento intelectual. Os indivíduos afetados normalmente não se reproduzem. O alelo recessivo responsável é herdado de modo mendeliano simples. Este alelo é mais comum em populações de judeus Ashkenazi do leste da Europa. Uma mulher (Dora), cuja irmã morreu por ter a Doença de Tay-Sachs, casou-se com seu primo em primeiro grau (Roberto), e o casal descobriu que a irmã do avô compartilhado também morreu cedo, pela Doença de Tay-Sachs. Suponha-se que todas aquelas pessoas de fora da família, e para as quais o genótipo não pode ser determinado a partir da prole, sejam homozigotas normais. Responda qual é a probabilidade de que o primeiro filho do casal de primos (independentemente do sexo) tenha doença de Tay- Sachs?

A. 1/32

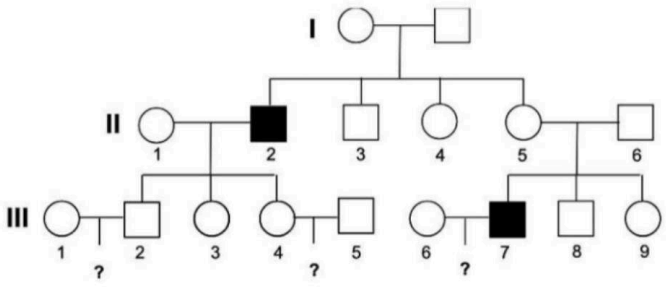
B. 1/24

C. 1/8

D. 1/6

E. 1/64

Pergunta 16 | escolha única



O heredograma acima é de uma doença rara que é incapacitante mas não fatal. Qual é o modo de herança mais provável?

A. autossômico dominante

B. ligado ao X recessivo

C. ligado ao X dominante

D. autossômico recessivo

Pergunta 17 | escolha única

As mutações do DNA podem ser classificadas em função dos alelos em transições (A/G, C/T) ou transversões (A/C, A/T, C/G, G/T). Quais desses seis tipos de mutações na prática da genética, geram ocasionalmente confusões entre bases complementares nas fitas de DNA e alelos?

A. as transições A/G, C/T

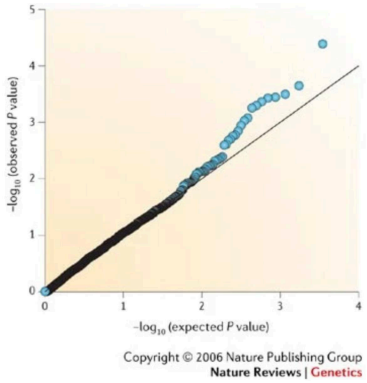
B. as transversões A/C, A/T, C/G, G/T

C. C/T, A/G, A/T, C/G

D. A/T, C/G

E. nenhum dos anteriores

Pergunta 18 | escolha única



Sobre a seguinte figura da revisão de David Balding intitulada "A tutorial on statistical methods for population association studies", escolha entre as opções (a)-(e) a afirmação correta:

A. A figura ilustra um teste de associação de um genótipo com um fenótipo binário (presença ou ausência de uma doença). O eixo horizontal representa o número de cópias de um alelo cujo efeito está associado positiva e significativamente com o fenótipo (representado no eixo vertical), ou seja, o parâmetro beta da regressão é significativamente diferente de 1.

B. A figura ilustra um teste de associação de um genótipo com um fenótipo binário (presença ou ausência de uma doença). O eixo horizontal representa o número de cópias de um alelo cujo efeito está associado positiva e significativamente com o fenótipo (representado no eixo vertical), ou seja, o parâmetro beta da regressão é significativamente diferente de 0.

C. A figura ilustra um teste de associação de um genótipo com um fenótipo quantitativo. O eixo horizontal representa o número de cópias de um alelo cujo efeito está associado positiva e significativamente com o fenótipo (representado no eixo vertical), ou seja, o parâmetro beta da regressão é significativamente diferente de 1.

D. A figura ilustra um teste de associação de um genótipo com um fenótipo quantitativo. O eixo horizontal representa o número de cópias de um alelo cujo efeito está associado positiva e significativamente com o fenótipo (representado no eixo vertical), ou seja, o parâmetro beta da regressão é significativamente diferente de 0.

E. A figura ilustra um teste de associação de um genótipo com um fenótipo quantitativo. O eixo horizontal representa o número de cópias de um alelo cujo efeito está associado positiva e significativamente com o fenótipo (no eixo vertical), ou seja, o Odd Ratio estimado a partir da regressão é significativamente diferente de 1.

Pergunta 19 | escolha única

O arquivo ‘amostras.txt’ contém 200 identificadores de amostras de WGS humano, um por linha, sem espaços. O programa ‘ferramenta’, quando executado com sucesso, escreve um VCF válido na saída padrão. Um bioinformata executa o script:

```
> for s in $(cat amostras.txt); do
ferramenta --in ${s}.bam > ${s}.vcf
done
echo "Concluído com sucesso"
```

Ao final, aparece "Concluído com sucesso" e foram criados 200 arquivos .vcf, mas 3 deles estão vazios (0 bytes). Qual afirmação é correta?

A. A mensagem “Concluído com sucesso” indica que as 200 execuções da ferramenta terminaram com código de saída zero.

B. Adicionar ‘set -e’ no início do script impediria a criação dos arquivos vazios.

C. A causa é o uso de ‘$(cat amostras.txt)’; substituí-lo por ‘while read’ resolveria o problema.

D. Os arquivos vazios indicam que a ferramenta não encontrou variantes nessas amostras, possivelmente por baixa cobertura.

E. O loop não verifica o código de saída da ferramenta, então falhas individuais passam sem interromper o script.

Pergunta 20 | escolha única

C												***Dupla hélice de DNA***
						T	G	A				
	C	A				U						mRNA transcrito
									G	C	A	**Anticódon no tRNA**
			Trp									Aminoácidos incorporados à proteína

Use o código genético para completar o quadro que segue. Na figura, as colunas representam alinhamentos transcricionais e traducionais. Na primeira linha, a extremidade 5’ está à esquerda e a 3’ à direita. Indique o polipeptídeo codificado

A. NH3 - Cys – Ser – Trp – Thr – COO-

B. NH3 – Thr – Trp – Ser – Cys – COO-

C. NH3 – Ala – Trp – COO-

D. NH3 – Thr – Ser – Thr – Cys – COO-

E. Nenhuma das opções anteriores.

Pergunta 21 | escolha única

Em um trio sequenciado, a criança apresenta, em gene compatível com o fenótipo, uma variante ausente nos dois genitores. A análise de parentesco confirmou o vínculo biológico com a mãe, mas com o pai essa análise não foi feita. Qual afirmação é correta?

A. A variante pode ser considerada de novo confirmada, pois está ausente nos dois genitores sequenciados com boa cobertura.

B. A variante deve ser classificada como benigna, pois sem paternidade confirmada não há evidência de origem de novo.

C. A variante é de novo presumida, com peso de evidência menor que uma confirmada, pois o pai sequenciado pode não ser o biológico.

D. A variante deve ser tratada como herdada do pai biológico, já que a paternidade não foi confirmada.

E. A confirmação da maternidade basta para o status confirmado, pois variantes de novo surgem principalmente na linhagem materna.

Pergunta 22 | escolha única

Um bioinformata filtra um VCF usando um BED de regiões-alvo. O VCF tem como referência o GRCh38 e o BED, o GRCh37. Os dois arquivos usam a mesma nomenclatura de cromossomos (chr1, chr2...). Qual é a consequência esperada?

A. A filtragem será incorreta, pois as coordenadas genômicas mudam entre as versões.

B. A filtragem será correta após converter o BED com liftover, pois a conversão preserva todos os intervalos.

C. As coordenadas diferem por um deslocamento constante em cada cromossomo, que pode ser compensado somando esse valor ao BED.

D. Serão afetadas apenas as variantes situadas dentro de regiões cuja sequência foi alterada no GRCh38, como lacunas preenchidas. As demais regiões mantêm coordenadas idênticas.

E. O efeito se restringe aos contigs alternativos, pois a montagem primária do GRCh38 mantém as coordenadas do GRCh37.

Pergunta 23 | escolha única

Uma amostra de WGS humano apresenta profundidade média de cobertura de 38x, mas 15% do genoma tem profundidade inferior a 10x. Qual afirmação é correta?

A. A cobertura é adequada em todo o genoma, pois a profundidade média de 38x supera o limiar usual de 30x.

B. A fração abaixo de 10x indica contaminação da amostra, que dilui a profundidade efetiva nessas regiões.

C. As regiões de baixa profundidade são compensadas pelas demais, pois os algoritmos de chamada de variantes baseiam-se na profundidade média global.

D. A profundidade média não reflete a uniformidade da cobertura e, nas regiões abaixo de 10x, pode haver perda de sensibilidade na chamada de variantes.

E. A alta qualidade de base (≥Q30 em mais de 90% das bases sequenciadas) compensa a baixa profundidade nessas regiões.

PSEUDOCÓDIGO PERGUNTA 24

```
ALGORITMO prova
     var sequencia: array [0..100000000000] de char;
     var codon: array [0..2] de char;
     var i: Integer;
     var lys: Integer;
     INICIO
          i = 0 ;
          lys = 0;
          REPITA
               ESCREVA "Digite um códon\n";
               LEIA codon;
               SE TAMANHO(codon) == 3
                    sequencia[i : i+3] = codon;
                    SE codon == "AUG";
                         ESCREVA "Códon de início de leitura";
                    SENÃO
                         SE codon == "AAA" OU codon == "AAG";
                              ESCREVA "Lisina";
                              lys = lys +1;
                         FIM-SE
                    FIM-SE
                    i = i + 1
               SENÃO
                    ESCREVA “Não é um códon. Tente novamente”

               FIM-SE

          ATÉ codon == "UAA" OU codon == "UAG" OU codon == "UGA"
OU i ==100000000000
          ESCREVA   “o   conjunto   apresentado   possui”,lys,”
aminoácidos lisina na seguinte sequência ”,sequencia;
     FIM
```

Pergunta 24 | escolha única

Considerando o pseudocódigo, avalie as proposições:
I. O código resulta em uma sequência codificadora de proteína.
II. O código pode contar códons codificantes de lisina passados antes do códon de início.
III. O código permite trios de caracteres que não representam códons.
IV. O código conta todos os códons que codificam lisina.
V. O código pode entrar em loop infinito.
VI. A sequência salva no array é igual à sequência passada.

Assinale a alternativa com o número de afirmativas corretas:

A. 5
B. 3
C. 2
D. 0
E. 1

Pergunta 25 | escolha única

Em um dia de trabalho no escritório, em relação aos funcionários Ana, Cláudia, Luis, Paula e João, sabe-se que:
- Ana chegou antes de Paula e Luís.
- Paula chegou antes de João.
- Cláudia chegou antes de Ana.
- João não foi o último a chegar.

Nesse dia, o terceiro a chegar ao escritório para o trabalho foi:

A. Ana.
B. Cláudia.
C. João.
D. Luís.
E. Paula.

Pergunta 26 | escolha única

Considerando X == Verdadeiro (V) e Y == Falso (F), avalie e dê o resultado das expressões abaixo:
1) (X and X) or not (Y or Y)
2) not (X) and not (Y)
3) (X and X and Y and X) or (Y or Y or X or Y)
4) not X and not Y or Y or X
5) (((not(x) and Y) and not(X)) and Y)

Com base na sua avaliação de V e F de cada expressão acima, a ordem correta de respostas é:

A. V, F, F, V, F
B. V, F, V, V, F
C. F, V, V, F, V
D. F, F, V, V, F
E. V, F, V, F, V

Pergunta 27 | escolha única

Considerando A == 15 e B == 3, avalie e encontre o resultado Verdadeiro (V) ou Falso (F) das expressões abaixo:
1) (A * -1) – (B * 2) == 21
2) (A – B > 3) and not (B – A < 15)
3) ((A % B) / 5) == 0
4) (A ** B) == B
5) not (A > B) and not (B < A)

Com base na sua avaliação de V e F de cada expressão acima, a ordem correta de respostas é:

A. F, V, V, F, F
B. F, F, V, F, F
C. F, F, V, V, F
D. F, F, V, F, F
E. F, F, F, F, F

Pergunta 28 | escolha única

De acordo com a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD), em relação à publicação de frequências alélicas oriundas de um estudo populacional em um browser de variantes, é correto afirmar que:

A. O órgão competente deve ser consultado pelos responsáveis pelo estudo, por se tratar da divulgação de dados pessoais sensíveis.
B. O dado usado para geração das frequências alélicas deve ser publicado junto às frequências para garantir transparência e replicabilidade.
C. Viola diretamente a LGPD, pois possibilita a identificação de indivíduos através da frequência alélica.
D. A publicação de frequências alélicas não entra no escopo da LGPD, pelo fato de serem dados oriundos de pesquisa clínica.
E. Se estabelecido um número mínimo de indivíduos para cálculo das frequências, não fere a LGPD, pois frequências alélicas são consideradas dados anonimizados devido à agregação estatística.

Pergunta 29 | escolha única

Sobre as estruturas de repetição PARA, ENQUANTO e FAÇA ... ENQUANTO, é correto afirmar que:

A. A estrutura PARA é indicada para quando não se sabe o número de repetições do loop.
B. A condição de parada no laço ENQUANTO pode ser falsa no início da execução, fazendo com que o loop não seja executado nenhuma vez.
C. O FAÇA ... ENQUANTO pode não ser executado nenhuma vez se a condição do ENQUANTO for falsa.
D. O ENQUANTO para a execução quando a condição se torna verdadeira.
E. O comando FAÇA ... ENQUANTO não precisa de nenhuma condição de controle de execução.

Pergunta 30 | escolha única

Sobre GWAS, avalie se as afirmações são verdadeiras ou falsas:
(05) Ao avaliar sinais de associação, é esperado que haja diferença de frequência alélica entre o grupo caso e o grupo controle, uma vez que, caso um alelo da variante represente algum de risco para desenvolvimento de um fenótipo, espera-se que, em geral, ela seja encontrada com frequência menor nos controles que nos casos.
(32) Dados sociodemográficos são dispensáveis como covariáveis em diversos desenhos experimentais, uma vez que estudos de associação buscam apenas as variáveis genéticas associadas à doença.
(03) É recomendável avaliar as frequências alélicas dos sinais observados e compará-las com as frequências em outras populações ao redor do mundo para avaliar que não é um sinal provocado por estruturação populacional que tenha sido encontrado por falta de uso de covariáveis de estruturação.
(15) O uso de informação de ancestralidade local como covariável para populações miscigenadas pode revelar variantes associadas a fenótipos que não puderam ser descobertas em estudos com amostras majoritariamente europeias.
A alternativa que representa a soma das afirmativas verdadeiras é:

A. 5
B. 55
C. 23
D. 20
E. 35

Pergunta 31 | escolha única

Você precisa encontrar o padrão de aminoácidos "AQTTVRI" no arquivo que contém uma série de sequências de proteínas em formato FASTA. Qual desses comandos do linux você usaria?

A. find
B. chomp
C. whereis
D. grep
E. char

Pergunta 32 | escolha única

No diretório que vocês está trabalhando existem somente três arquivos com extensão .txt. Você precisa juntar o conteúdo desses três arquivos e adicionar ao conteúdo que já existe no arquivo chamado arquivo.final. Você qual das linhas de comando abaixo do Linux você usaria para isso?

A. grep “>” arquivo*.txt > arquivo.final
B. find * .txt < arquivo_final.txt
C. cat *.txt > arquivo.final
D. cat *.txt >> arquivo.final
E. ls *txt >> arquivo.final

Pergunta 33 | escolha única

Você precisa encerrar um processo que foi colocado para rodar de forma errada em um servidor que usa Linux e que precisa ser terminado. O PID do processo é 777. Qual é o comando certo do Linux para encerrar esse processo?

A. chmod 777 job
B. kill -9 777
C. execute 777
D. ps aux | grep 777
E. rm -rf *

Pergunta 34 | escolha única

Um programa que você rodou gerou arquivos com formatação errada no diretório ./results/. Qual seria o comando do Linux que você usaria para deletar o diretório e todos os arquivos contidos nele?

A. chmod -R 777 ./results/

B. rm -rf ./results/

C. rm -f ./results/*

D. del /tmp/results/

E. undo ./results/

Pergunta 35 | escolha única

Você precisa listar todos os arquivos com extensão .txt do diretório que você está e selecionar apenas aqueles que contenham a palavra GenSUS no nome. Qual seria o comando em Linux correto a ser usado?

A. rm * |grep GenSUS

B. listall *.txt | select GenSUS

C. ls *.txt | select GenSUS

D. ls .txt | grep GenSUS

E. ls *.txt | grep GenSUS