





## Questões da área de Ciências Biológicas

- 1) Compare as células procarióticas e eucarióticas, ressaltando suas principais semelhanças e diferenças.
- 2) Quais as principais enzimas que participam da replicação do DNA. Cite o exemplo de eucariotos.
- 3) Defina mutação de DNA, quais os dois principais mecanismos de reparo de DNA e qual seria a consequência para o organismo a interrupção destes mecanismos?
- 4) Quais são as sequências importantes para a incorporação do RNA mensageiro nos ribossomos, em genes de procariotos, e explique como ocorre a tradução do mesmo em uma proteína.
- 5) Explique porque as etapas que compõe o fluxo da informação genética de DNA até proteína são muito mais complexas em eucariotos do que em procariotos.
- 6) Explique como ocorre a regulação da expressão gênica no operon *lac* em *E. coli*, i) na presença de glicose e lactose e ii) apenas na presença de lactose.
- 7) Explique as etapas da transcrição e da tradução em procariotos.
- 8) Explique como ocorre o processamento de RNA em eucariotos. Como isso influencia na regulação da expressão gênica.



9) A maioria das funções protéicas numa célula depende da interação destas macromoléculas com outras moléculas biológicas. Marque Verdadeiro (V) ou Falso (F) nas sentenças abaixo sobre Interações de Proteínas:

( ) O método da co-imunoprecipitação permite a detecção de proteínas que interagem com uma proteína alvo contra a qual existe um anticorpo específico, sendo útil para identificar proteínas que formam complexos protéicos dentro da célula.

( ) Microarranjos e cromatografia de afinidade são exemplos de técnicas bioquímicas que podem ser utilizadas para o estudo de interações de proteínas.

( ) O fenômeno de transferência de energia de ressonância de fluorescência (FRET) pode ser utilizado para monitorar interações proteína-proteína em solução e em tempo real, mas NÃO dentro de uma célula.

( ) O método de ressonância plasmônica de superfície (SPR) tem sido utilizado para caracterizar uma ampla variedade de interações moleculares através da determinação de parâmetros cinéticos de associação/dissociação como " $k_{on}$ " e " $k_{off}$ ", mas tem a limitação de não permitir o cálculo das constantes de ligação em equilíbrio ( $K$ ).

10) Discuta a afirmativa: "A estrutura tridimensional de uma proteína é mais conservada que a sua sequência de aminoácidos".



## Questões da área de Ciências Exatas / Computação

1) Explique a diferença entre modelo Lógico de dados e modelo Conceitual de dados. Dê exemplos de uso destes modelos através de uma modelagem dados em um domínio específico, utilizando um dos modelos.

2) Explique a diferença entre dependência lógica e dependência física de dados. Dê exemplos de como um SGBD pode prover a independência lógica e física de dados.

3) Considere as relações abaixo. Utilize a linguagem SQL para expressar as consultas a seguir.

AUTOR (nome, Endereço, Categoria)

EDITORA (nome, Endereço, Estado, Telefone)

LIVRO (Título, Anome, Enome) onde: Anome referencia AUTOR, Enome referencia EDITORA

(a) Quais são todos os títulos publicados pelo autor cujo nome é “Paulo Cougo”?

(b) Liste as categorias em que há autores que publicaram pelo menos um livro pela editora de nome “Campus”.

4) Explique a diferença entre um documento XML bem formado e um documento XML válido. Dê exemplos destes documentos, de modo a apoiar a sua explicação.

5) Explique a diferença entre as linguagens HTML, XML e XHTML, evidenciando os diferentes objetivos destas linguagens. Considere os exemplos a seguir para apoiar a sua explicação.

<pre>&lt;HTML&gt; &lt;h1&gt; Bibliography &lt;/h1&gt; &lt;p&gt; &lt;i&gt; Principles of Distributed Database Systems &lt;/i&gt;   Ozsú, Valdúriez   &lt;br&gt; Prentice Hall, 1999 &lt;p&gt; &lt;i&gt; Data on the Web &lt;/i&gt;   Abiteboul, Buneman, Vianu   &lt;br&gt; Morgan Kaufmann, 1999 &lt;/HTML&gt;</pre>	<pre>&lt;?XML version="1.0"?&gt; &lt;bibliography&gt; &lt;book&gt; &lt;title&gt; Principles of Distributed Database Systems &lt;/title&gt; &lt;author&gt; Ozsú &lt;/author&gt; &lt;author&gt; Valdúriez &lt;/author&gt; &lt;publisher&gt; Prentice Hall &lt;/publisher&gt; &lt;year&gt; 1999 &lt;/year&gt; &lt;/book&gt; &lt;book&gt; &lt;title&gt; Data on the Web &lt;/title&gt; &lt;author&gt; Abiteboul &lt;/author&gt; &lt;author&gt; Buneman &lt;/author&gt; &lt;author&gt; Vianu &lt;/author&gt; &lt;publisher&gt; Morgan Kaufmann &lt;/publisher&gt; &lt;year&gt; 1999 &lt;/year&gt; &lt;/book&gt; &lt;/bibliography&gt;</pre>
--	--



6) Considere um vetor de dez posições como segue:

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Lista	5	7	9	4	2	7	4	9	1	2

Descreva passo a passo a função codificada em C a seguir, e mostre o que aparece na tela:

```
void function (int lista[10]){
    int i;
    for (i = 1; i < 11; i ++ ) {
        if ( ( lista[i - 1] > 5) && ( lista[i - 1] % 2) == 1) {
            printf(" V %d\n",lista[i - 1] * lista[i - 1]);
        } else {
            if ( (lista[i - 1] % 2) != 1) {
                printf(" V %d\n",lista[i - 1] / 2);
            } else {
                printf(" V %d\n", 100 - lista [i - 1]);
            }
        }
    }
}
```

7) Dado o programa abaixo escrito em C, diga o que será impresso na tela:

```
#include <stdio.h>

int main() {
    int n[] = {3, 4, 5, 6, 7};
    int i, k, *p;
    p = &n[0];
    p+=2;
    printf("Valor: %d ", *p);
    (*p)++;
    printf("Valor: %d\n", *p);
    k=2;
    printf("Valor: %d\n", n[k]);
    --k;
    printf("Valor: %d\n", n[k]);
}
```



- 8) Julgue os itens a seguir como verdadeiro ou falso e **justifique** sua escolha:
- ( ) O método de busca binária é mais lento que o de busca seqüencial.
  - ( ) O método de ordenação conhecido por *quicksort* cujo tempo de execução do pior caso é  $O(n^2)$  é com freqüência a melhor opção prática para ordenação.
  - ( ) O princípio básico de utilização de uma estrutura de dados do tipo fila é chamado LIFO, e o do tipo pilha é chamado FIFO.

9) Verdadeiro ou Falso.

- ( ) O condicionamento de um problema depende do algoritmo usado na solução.
- ( ) Um bom algoritmo produz uma resposta precisa independentemente do condicionamento do problema a ser resolvido.
- ( ) A escolha do algoritmo não tem efeito sobre o erro propagado do dado de entrada durante a solução do problema.
- ( ) Para uma matriz  $A$  não singular, o número de soluções do sistema linear  $Ax = b$  depende da escolha apropriada do vetor  $b$ .
- ( ) Matrizes singulares não permitem fatoração LU.
- ( ) Se o sistema linear é bem condicionado, o pivotamento é desnecessário na eliminação de Gaussiana.
- ( ) A eliminação Gaussiana sem pivotamento falha quando a matriz é mal condicionada ou singular.
- ( ) Uma vez calculada a fatoração LU de uma matriz  $A$  para solução do sistema  $Ax = b$ , sistemas lineares subseqüentes com a mesma matriz  $A$  e diferentes vetores  $b$  podem ser resolvidos sem a necessidade de que  $A$  seja novamente fatorada.

10) Resolver o sistema linear  $Ax = b$  usando o método de eliminação de Gauss.

$$\begin{bmatrix} 1 & 4 & \alpha \\ 2 & -1 & 2\alpha \\ \alpha & 3 & 1 \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} 6 \\ 3 \\ 5 \end{Bmatrix}$$

Quais as soluções do sistema para  $\alpha = 0$ ,  $\alpha = 1$  e  $\alpha = -1$ ?