



FIOCRUZ

# Concurso Público Fiocruz 2023

Pesquisador em Saúde Pública

Prova Discursiva

**PE45 - Espectrometria de Massas**

**Computacional**



**Questão 01**

A espectrometria de massas (EM) associada à cromatografia líquida revolucionou a forma como proteínas são identificadas e quantificadas em sistemas biológicos complexos. Os desenvolvimentos tecnológico e metodológico em espectrômetros de massa e seus métodos de aquisição têm impulsionado nosso conhecimento sobre a biologia de diversos organismos, desde amostras vegetais até amostras humanas. Uma das principais estratégias para identificar proteínas usando abordagens baseadas em espectrometria de massas é denominada proteômica do tipo bottom-up e baseia-se na digestão de proteínas usando mais comumente enzimas, e os peptídeos resultantes são analisados por espectrometria de massas. A identificação de peptídeos é usada como substituto para inferir a presença de uma proteína.

Este método remonta a 1986, quando o grupo de Hunt integrou o uso de cromatografia líquida para separar proteínas digeridas coletando frações e, em seguida, analisando peptídeos por bombardeio rápido de átomos (Fast Atom Bombardment) acoplado à espectrometria de massas em tandem (FAB-MS/MS). O desenvolvimento da Linguagem de Controle de Instrumentos (Instrument Control Language, ICL) foi importante para a área de proteômica, pois criou programas computacionais para controlar os espectrômetros de massas e adquirir dados em tempo real, introduzindo a aquisição automatizada de dados.

Outro importante avanço na identificação de proteínas foi o desenvolvimento de algoritmos para busca de espectros de massa em tandem obtidos a partir de misturas peptídicas complexas em tempo hábil, introduzindo o termo proteômica shotgun para abordagem baseada em descoberta. Atualmente, duas das abordagens mais utilizadas para aquisição de dados de espectrometria de massas (EM) para identificação e quantificação de proteínas são a Aquisição Dependente de Dados (DDA) e a Aquisição Independente de Dados (DIA).

Com base na leitura do texto discorra sobre os itens propostos a seguir.

- a) Descreva como as abordagens DDA e DIA são utilizadas para identificação de proteínas durante um experimento proteômico do tipo bottom-up com uma abordagem baseada em descoberta, destacando a maneira como os íons peptídicos são medidos, selecionados e fragmentados dentro do espectrômetro de massas e as diferentes abordagens que foram derivadas deles.
- b) Compare as estratégias DDA e DIA e descreva suas vantagens e desvantagens.
- c) Descreva as etapas computacionais envolvidas nas abordagens DDA e DIA, desde a conversão de dados brutos, até a identificação de peptídeos e proteínas. Liste pelo menos três plataformas computacionais que são usadas para processar dados DDA e, pelo menos, três plataformas computacionais que são usadas para processar dados DIA e compare os prós e contras das plataformas para cada abordagem.

Seu texto deve ter no mínimo 50 linhas e no máximo 150 linhas.

**Questão 02**

A espectrometria de massas (EM) tem ganhado força na caracterização de estruturas proteicas e interações proteína-proteína por meio da complementação de técnicas clássicas de biologia estrutural. As proteínas não atuam sozinhas em um contexto biológico. O conhecimento das interações proteína-proteína (IPP) dentro de um organismo define as funções das proteínas e sua dinâmica pode resultar em condições patológicas. De fato, uma única mutação pontual em uma proteína, como um oncogene, pode alterar toda uma rede que se propaga e se expande para diferentes compartimentos celulares. Isso é comum no câncer, onde redes de interação específicas estimulam o crescimento celular descontrolado. Modificações em redes de interação proteicas não ocorrem somente em células cancerígenas. Em outro exemplo, novos pontos de interação são estabelecidos ou dissolvidos promovendo a sobrevivência e replicação de um patógeno após a infecção. Com o reconhecimento da importância do estudo de IPPs, houve vários avanços nas técnicas proteômicas baseadas em espectrometria de massas para identificação e caracterização dessas interações.

Descreva pelo menos três técnicas baseadas em espectrometria de massas para caracterizar interações proteína-proteína em uma amostra biológica.

Concentre-se em descrever a preparação da amostra, as etapas de aquisição de dados de EM e ferramentas computacionais para cada técnica. Destaque as vantagens e desvantagens de cada técnica.

Seu texto deve ter no mínimo 50 linhas e no máximo 150 linhas.

Rascunho da Questão 01

RASCUNHO

Rascunho da Questão 02

RASCUNHO

# Instruções - Questões Discursivas

1. Cada questão discursiva deverá ter um Limite mínimo de 50 linhas e máximo de 150 linhas.
2. Transcreva sua resposta para a parte pautada no Caderno de Respostas. Não assine, rubrique ou coloque qualquer marca que o identifique, sob pena de ter sua prova anulada. Assim, a detecção de qualquer marca identificadora no espaço destinado à transcrição do texto definitivo acarretará nota ZERO na respectiva prova discursiva.
3. O tempo total de duração da prova será de 4 (quatro) horas, incluindo o tempo para o preenchimento da Resposta Definitiva da Questão Discursiva. Nenhum rascunho SERÁ LEVADO EM CONTA.
4. Verifique se a prova é para o **PERFIL** para o qual concorre.
5. Somente após autorizado o início da prova, verifique se este Caderno de Questões está completo e em ordem.  
**Folhear o Caderno de Questões antes do início da prova implica na eliminação do candidato.**
6. Verifique, no **Caderno de Respostas**, se seu nome, número de inscrição, identidade e data de nascimento estão corretos. Caso contrário, comunique ao fiscal de sala.
7. O rascunho do **Caderno de Questões** poderá ser utilizado para anotações, mas somente as respostas assinaladas no **Caderno de Respostas** serão objeto de correção.
8. Observe as seguintes recomendações relativas ao **Caderno de Respostas**:
  - . não haverá substituição por erro do candidato;
  - . não pode ser dobrado, amassado, rasurado, manchado ou conter qualquer registro fora dos locais destinados às respostas;
9. O fiscal não está autorizado a alterar quaisquer dessas instruções.
10. Você só poderá retirar-se da sala após 60 minutos do início da prova.
11. Quaisquer anotações só serão permitidas se feitas no **Caderno de Respostas**.
12. Os três últimos candidatos deverão permanecer na sala até que o último candidato entregue o **Caderno de Respostas**.
13. Ao terminar a prova, entregue ao fiscal de sala, **obrigatoriamente**, o **Caderno de Questões** e o **Caderno de Respostas**.