



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 01

RASCUNHO

Rascunho da Questão 01

RASCUNHO

Rascunho da Questão 01

RASCUNHO

Rascunho da Questão 01

RASCUNHO

Rascunho da Questão 02

RASCUNHO

Rascunho da Questão 02

RASCUNHO

Rascunho da Questão 02

RASCUNHO

Rascunho da Questão 02

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**.