



EDITAL Nº 01/2020
DE PROCESSOS SELETIVOS (PS)

MISSÃO

Ser um referencial público em saúde, prestando assistência de excelência, gerando conhecimento, formando e agregando pessoas de alta qualificação.

PS 08 - BIÓLOGO I, BIOMÉDICO I ou
FARMACÊUTICO-BIOQUÍMICO I
(Diagnóstico Molecular em Neoplasias)

MATÉRIA	QUESTÕES	PONTUAÇÃO
Conhecimentos Específicos	01 a 25	0,40 cada



DIREITOS AUTORAIS RESERVADOS. PROIBIDA A REPRODUÇÃO, AINDA QUE PARCIAL, SEM A PRÉVIA AUTORIZAÇÃO DA FAURGS E DO HCPA.

Nome do Candidato: _____

Inscrição nº: _____



FAURGS
Fundação de Apoio da Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INSTRUÇÕES

- 1 Verifique se este CADERNO DE QUESTÕES corresponde ao Processo Seletivo para o qual você está inscrito. Caso não corresponda, solicite ao Fiscal da sala que o substitua.
- 2 Esta PROVA consta de **25** (vinte e cinco) questões objetivas.
- 3 Caso o CADERNO DE QUESTÕES esteja incompleto ou apresente qualquer defeito, solicite ao Fiscal da sala que o substitua.
- 4 Para cada questão objetiva, existe apenas **uma** (1) alternativa correta, a qual deverá ser assinalada na FOLHA DE RESPOSTAS.
- 5 Os candidatos que comparecerem para realizar a prova **não deverão portar** armas, malas, livros, máquinas calculadoras, fones de ouvido, gravadores, *paggers*, *notebooks*, **telefones celulares**, *pen drives* ou quaisquer aparelhos eletrônicos similares, nem utilizar véus, bonés, chapéus, gorros, mantas, lenços, aparelhos auriculares, próteses auditivas, óculos escuros, ou qualquer outro adereço que lhes cubra a cabeça, o pescoço, os olhos, os ouvidos ou parte do rosto, sob pena de serem excluídos do certame. **Os relógios de pulso serão permitidos, desde que permaneçam sobre a mesa, à vista dos fiscais, até a conclusão da prova.** (conforme subitem 7.10 do Edital de Abertura)
- 6 **É de inteira responsabilidade do candidato comparecer ao local de prova munido de caneta esferográfica, preferencialmente de tinta azul, de escrita grossa, para a adequada realização de sua Prova Escrita. Não será permitido o uso de lápis, marca-textos, régua, lapiseiras/grafites e/ou borrachas durante a realização da prova.** (conforme subitem 7.15.2 do Edital de Abertura)
- 7 Não será permitida nenhuma espécie de consulta em livros, códigos, revistas, folhetos ou anotações, nem o uso de instrumentos de cálculo ou outros instrumentos eletrônicos, exceto nos casos em que forem pré-estabelecidos no item 13 do Edital. (conforme subitem 7.15.3 do Edital de Abertura)
- 8 Preencha com cuidado a FOLHA DE RESPOSTAS, evitando rasuras. Eventuais marcas feitas nessa FOLHA a partir do número **26** serão desconsideradas.
- 9 Ao terminar a prova, entregue a FOLHA DE RESPOSTAS ao Fiscal da sala.
- 10 A duração da prova é de **duas horas e trinta minutos (2h30min)**, já incluído o tempo destinado ao preenchimento da FOLHA DE RESPOSTAS. Ao final desse prazo, a FOLHA DE RESPOSTAS será **imediatamente** recolhida.
- 11 **O candidato somente poderá se retirar da sala de prova uma hora (1h) após o seu início. Se quiser levar o Caderno de Questões da Prova Escrita, o candidato somente poderá se retirar da sala de prova uma hora e meia (1h30min) após o início. O candidato não poderá anotar/copiar o gabarito de suas respostas de prova.**
- 12 **Após concluir a prova e se retirar da sala, o candidato somente poderá se utilizar de sanitários nas dependências do local de prova se for autorizado pela Coordenação do Prédio e se estiver acompanhado de um fiscal.** (conforme subitem 7.15.6 do Edital de Abertura)
- 13 Ao concluir a Prova Escrita, o candidato deverá devolver ao fiscal da sala a Folha de Respostas (Folha Óptica). Se assim não proceder, será excluído do Processo Seletivo. (conforme subitem 7.15.8 do Edital de Abertura)
- 14 A desobediência a qualquer uma das recomendações constantes nas presentes instruções poderá implicar a anulação da prova do candidato.



01. O sequenciamento pelo método de Sanger permite determinar a sequência de nucleotídeos de um fragmento de ácido nucleico e consiste na separação, por tamanho, de subconjuntos de moléculas de DNA. As alternativas abaixo apresentam componentes essenciais para realização desse método, **EXCETO**:

- (A) DNA-molde, o qual pode ser obtido a partir de amplificação por PCR.
- (B) deoxinucleotídeos (dNTPs).
- (C) dideoxinucleotídeos (ddNTPs) ou terminadores de cadeia.
- (D) *primers* direto (*forward*) e reverso (*reverse*) na mesma reação.
- (E) DNA polimerase.

02. Considere as afirmações sobre sequenciamento de nova geração (NGS – *Next-Generation Sequencing*).

- I - Permite a identificação de mutações germinativas e somáticas.
- II - DNA circulante livre de células (cfDNA – *cell-free DNA*) e DNA circulante livre de células derivado do tumor (ctDNA – *tumor-derived cell-free DNA*) podem ser analisados por NGS.
- III- A plataforma *Ion Torrent* (tecnologia de semicondutor) baseia-se no sequenciamento por síntese com detecção de fluorescência.
- IV - É uma técnica de alto rendimento que permite a análise simultânea de inúmeras amostras.

Quais estão corretas?

- (A) Apenas I.
- (B) Apenas II e III.
- (C) Apenas III e IV.
- (D) Apenas I, II e IV.
- (E) I, II, III e IV.

03. Numere a segunda coluna de acordo com a primeira, associando as etapas envolvidas no sequenciamento de nova geração às suas respectivas descrições.

- (1) Preparo da biblioteca de DNA
- (2) Sequenciamento
- (3) Análise dos dados
- () Chamada de bases, alinhamento de sequências, identificação e anotação de variantes.
- () Imobilização de cada fragmento de DNA em uma fase sólida, amplificação clonal e hibridização do *primer* à extremidade contendo a sequência adaptadora.
- () Envolve PCR *multiplex* com *primers*-alvo específicos, fragmentação mecânica ou enzimática e adição de adaptadores nas extremidades.
- () Amplificação clonal para aumentar o sinal de detecção.

A sequência numérica correta de preenchimento dos parênteses da segunda coluna, de cima para baixo, é

- (A) 3 – 2 – 2 – 1.
- (B) 2 – 1 – 1 – 3.
- (C) 3 – 2 – 1 – 2.
- (D) 3 – 1 – 2 – 1.
- (E) 2 – 3 – 1 – 2.

04. Assinale com **V** (verdadeiro) ou **F** (falso) as afirmações abaixo que envolvem a análise de dados obtidos de sequenciamento de nova geração.

- () A etapa que envolve a tradução do sinal obtido durante o sequenciamento em uma sequência de bases é conhecida como anotação de variantes. O arquivo gerado é o FASTQ.
- () Os milhares de fragmentos de DNA sequenciados serão comparados a um genoma de referência na etapa de alinhamento de sequência.
- () O arquivo com formato BAM de uma amostra corresponde ao arquivo comprimido gerado após o alinhamento de sequência a um genoma de referência.
- () A etapa conhecida como "chamada" de variantes (*variant calling*) é utilizada para distinguir variantes verdadeiras de artefatos de sequenciamento, objetivando a identificação das variantes patogênicas e com significado clínico.

A sequência correta de preenchimento dos parênteses, de cima para baixo, é

- (A) V – V – F – V.
- (B) F – V – V – F.
- (C) V – F – V – F.
- (D) F – F – V – V.
- (E) F – V – F – V.

05. MicroRNAs (miRNAs) são pequenos RNAs de fita simples, não codificantes, com aproximadamente 22 nucleotídeos de extensão, que atuam na regulação da expressão gênica. Essas moléculas desempenham importante papel no câncer. miRNAs tecido-específicos podem atuar como potenciais biomarcadores no diagnóstico, na predição de resposta ao tratamento e na definição de prognóstico. Diferentes abordagens metodológicas podem ser utilizadas para a análise da expressão de miRNAs. Dentre essas técnicas utilizadas, qual delas permite que novos miRNAs sejam descobertos?

- (A) Microarranjo.
- (B) RT-qPCR (transcrição reversa e PCR quantitativo em tempo real).
- (C) Sequenciamento de nova geração.
- (D) PCR-RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*).
- (E) PCR digital.

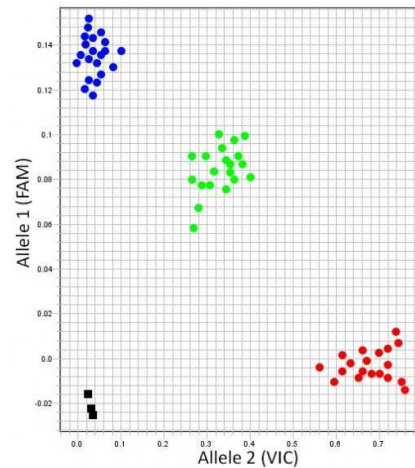
06. Considere as afirmações abaixo sobre a técnica de MLPA – *Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification*.

- I - A técnica de MLPA é usualmente utilizada para detecção de deleções ou duplicações de éxons inteiros, ou seja, detecção de CNVs (*Copy Number Variations*).
- II - A técnica de MLPA possibilita detecção de rearranjos genômicos equilibrados, como translocações ou inversões.
- III- O *status* de metilação de uma determinada região gênica também pode ser detectado através do uso da técnica de MS-MLPA (*Methylation-Specific MLPA*).

Quais estão corretas?

- (A) Apenas I.
- (B) Apenas II.
- (C) Apenas I e II.
- (D) Apenas I e III.
- (E) I, II e III.

07. Em relação à técnica de PCR em tempo real, considere o gráfico abaixo e assinale a alternativa correta.



- (A) O gráfico acima representa um resultado de expressão gênica utilizando sondas gene-específicas.
- (B) A utilização do fluoróforo SYBR *green* (verde) é mais recomendada para detecção de mutação de ponto do que sondas alelo-específicas devido a sua maior especificidade.
- (C) Os produtos da reação são detectados na fase linear do processo de amplificação, permitindo uma quantificação mais precisa do que a do início da reação.
- (D) As sondas alelo-específicas do tipo *Taqman*[®] possuem um fluoróforo na extremidade 5' e uma molécula *quencher* na extremidade 3' e baseiam-se no método de transferência de energia de ressonância por fluorescência (FRET).
- (E) Para quantificar transcritos de RNA, é opcional realizar a síntese de cDNA utilizando a enzima transcriptase reversa.

08. As informações contidas em bancos de dados públicos são essenciais para auxiliar na interpretação das variações de sequência identificadas no sequenciamento de DNA. Acerca desses bancos de dados, considere os parágrafos abaixo.

O banco de dados público e de livre acesso _____ reúne informações sobre variantes e fenótipos associados. Essas informações são depositadas por diferentes instituições e laboratórios.

Os bancos de dados públicos _____ e _____ possuem informações de variantes tanto germinativas como somáticas.

_____ e _____ são bancos de dados públicos populacionais utilizados na interpretação de variantes identificadas por sequenciamento de nova geração.

Assinale a alternativa que completa, correta e respectivamente, as lacunas dos parágrafos acima.

- (A) ClinVar – dbSNP – ClinVar – gnomAD browser – 1000 Genomes
- (B) dbSNP – ClinVar – gnomAD browser – 1000 Genomes – dbSNP
- (C) gnomAD browser – 1000 Genomes – dbSNP – ClinVar – gnomAD browser
- (D) 1000 Genomes – ClinVar – gnomAD browser – dbSNP – ClinVar
- (E) ClinVar – 1000 Genomes – dbSNP – gnomAD browser – ClinVar

09. Considere as afirmações abaixo sobre o cromossomo Philadelphia.

- I - É o resultado da translocação entre os cromossomos 9 e 22.
- II - A fusão gênica codifica uma oncoproteína (BCR-ABL) comumente envolvida em processos de crescimento e replicação celular.
- III - É considerado um biomarcador utilizado para diagnóstico, definição de tratamento e monitoramento da resposta à droga na leucemia mieloide crônica (LMC).
- IV - Na leucemia linfocítica aguda (LLA), a presença do cromossomo Philadelphia pode indicar um pior prognóstico para o paciente.

Quais estão corretas?

- (A) Apenas II.
- (B) Apenas III.
- (C) Apenas I, II e III.
- (D) Apenas I, II e IV.
- (E) I, II, III e IV.

10. Numere a segunda coluna de acordo com a primeira, relacionando os distúrbios mieloproliferativos com as suas respectivas alterações moleculares utilizadas na prática clínica como marcadores de diagnóstico, prognóstico ou monitoramento.

- (1) Leucemia mieloide crônica
- (2) Leucemia mieloide aguda
- (3) Policitemia vera

- () *NPM-1*
- () *FLT3*
- () *JAK2*
- () *BCR-ABL1*

A sequência numérica correta de preenchimento dos parênteses da segunda coluna, de cima para baixo, é

- (A) 1 – 2 – 2 – 3.
- (B) 2 – 2 – 3 – 1.
- (C) 3 – 1 – 1 – 2.
- (D) 3 – 3 – 2 – 1.
- (E) 2 – 2 – 1 – 3.

11. Qual das técnicas, dentre as listadas abaixo, é a mais comumente utilizada para o monitoramento de doença residual mínima em pacientes com leucemia?

- (A) MLPA.
- (B) RT-qPCR.
- (C) FISH (*Fluorescence In Situ Hybridization*).
- (D) Sequenciamento de Sanger.
- (E) Cariotipagem.

12. Assinale a alternativa correta sobre a extração de DNA de tecido parafinado visando às análises em tumores sólidos.

- (A) A metodologia de extração de DNA utilizando *beads* magnéticas é a única recomendada para uso em tecido parafinado.
- (B) O DNA extraído de tecido parafinado não precisa ser quantificado antes de seu uso na técnica de sequenciamento de nova geração.
- (C) No contexto da investigação de alterações somáticas, a amostra tumoral deve ser previamente avaliada para adequada dissecação da fração com presença de neoplasia, a fim de evitar contaminação com células não neoplásicas.
- (D) O DNA deve ser extraído sempre em processos realizados sob refrigeração, devido à labilidade deste ácido nucleico.
- (E) A etapa de eluição não influencia a concentração de DNA que será obtida ao final da extração quando se trata de tecido parafinado.

13. Dentre as alternativas abaixo, assinale a que apresenta a técnica que permite a identificação exata dos dois genes (parceiros) envolvidos em um novo evento de fusão.

- (A) Cariotipagem.
- (B) RNA-Seq (Sequenciamento de RNA).
- (C) MLPA.
- (D) FISH.
- (E) Imuno-histoquímica.

14. Dentre as alternativas abaixo, assinale a que **NÃO** corresponde a uma alteração em região gênica associada à predição de resposta à terapia-alvo e/ou ao prognóstico do câncer de pulmão de não pequenas células.

- (A) Deleção c.2235_2249del, p.(Glu746_Ala750del) no exon 19 do gene *EGFR*.
- (B) Mutação de ponto c.2573T>G, p.(Leu858Arg), também conhecida como L858R no exon 21 do gene *EGFR*.
- (C) Fusões no gene *ALK*.
- (D) Mutação c.1799T>A, p.(Val600Glu), também conhecida como V600E no exon 15 do gene *BRAF*.
- (E) Mutação c.5864C>G, p.(Ser1955*) no exon 11 do gene *BRCA2*.

15. Cerca de 1% dos pacientes diagnosticados com câncer de pulmão de não pequenas células apresenta fusões gênicas envolvendo o gene _____. Nesses pacientes, estudos clínicos suportam o uso do medicamento crizotinibe, um _____.

Assinale a alternativa que preenche, correta e respectivamente, as lacunas do texto acima.

- (A) *ROS1* – inibidor de multiquinases
- (B) *EGFR* – inibidor de tirosina quinase EGFR
- (C) *BRAF* – inibidor de BRAF
- (D) *BRAF* – inibidor da MEK
- (E) *KRAS* – anticorpo monoclonal anti-EGFR

16. Considere uma série de amostras de pacientes para realizar teste com painel de genes por suspeita de câncer hereditário. Em todos os casos foi encaminhada a história clínica do paciente, incluindo história pessoal e familiar de câncer. Assinale, dentre as alternativas abaixo, aquela que **NÃO** corresponde a paciente com indicação para teste com painel de genes para câncer hereditário.

- (A) Mulher, de 43 anos, diagnosticada com carcinoma ductal invasor da mama triplo-negativo aos 38 anos de idade, com história familiar de câncer: mãe diagnosticada com câncer de ovário aos 48 anos e irmã diagnosticada com câncer de mama aos 42 anos de idade.
- (B) Homem com câncer colorretal diagnosticado aos 35 anos de idade e com descrição anatomopatológica de centenas de pólipos colônicos identificados na peça cirúrgica.
- (C) Menina, de nove meses de idade, diagnosticada com carcinoma adrenocortical aos três meses de vida: mãe com câncer de mama pré-menopáusico, tia materna com leucemia na infância e avó materna diagnosticada com um sarcoma de partes moles em idade não definida.
- (D) Homem com câncer colorretal diagnosticado aos 72 anos de idade, com história familiar de câncer: irmão com carcinoma de laringe aos 71 anos de idade (fumante e etilista) e pai falecido por hepatocarcinoma relacionado a hepatite C aos 78 anos de idade.
- (E) Mulher diagnosticada com câncer de endométrio aos 42 anos de idade, câncer colorretal (transverso) aos 43 anos de idade e câncer de duodeno aos 46 anos de idade. Relata que uma irmã foi diagnosticada com câncer colorretal e de endométrio sincrônicos aos 46 anos de idade e que a mãe faleceu com diagnóstico de câncer de ovário aos 59 anos de idade.

17. Uma paciente de 40 anos de idade, diagnosticada com câncer de mama aos 35 anos de idade e agora investigando uma suspeita de câncer de ovário, é encaminhada para teste genético. O médico que avalia a paciente verifica que, na família paterna da paciente, há relato de duas tias com câncer de mama em idade jovem e avó falecida por câncer de ovário. O médico verifica também que a paciente já realizou teste genético para câncer de mama hereditário no passado (há cinco anos) tendo sido realizado sequenciamento de Sanger e MLPA para os genes *BRCA1* e *BRCA2*, não sendo identificada nenhuma alteração patogênica. Considerando essas informações, assinale com **V** (verdadeiro) ou **F** (falso) as afirmativas abaixo.

- () À paciente não é indicada a realização de teste com painel de genes, uma vez que já realizou investigação dos genes *BRCA1* e *BRCA2*.
- () À paciente não é indicada a realização de teste com painel de genes, mas deve realizar-se nova investigação dos genes *BRCA1* e *BRCA2*, uma vez que uma variante germinativa recente pode ter ocorrido.
- () À paciente é indicada a realização de teste com painel de genes pelo diagnóstico de câncer de mama em idade jovem e história familiar de câncer de mama e ovário.
- () A paciente poderia ser submetida a teste genético com painel de genes, mas seria mais adequado testar a sua irmã de 35 anos, ainda não diagnosticada com câncer, por ser mais jovem.
- () À paciente é indicada a realização de teste com painel de genes para verificar se há variantes germinativas em genes de predisposição ao câncer; e o material biológico ideal para realizar o teste é o tecido tumoral de mama (tumor embocado em parafina).

A sequência correta de preenchimento dos parênteses, de cima para baixo, é

- (A) V – V – F – V – F.
- (B) F – F – V – F – V.
- (C) V – F – V – F – V.
- (D) F – F – V – F – F.
- (E) F – V – F – V – V.

18. Considere as afirmações abaixo sobre testes moleculares em tumores sólidos.

- I - Alterações somáticas no gene *KRAS* estão associadas à sensibilidade ao tratamento com anticorpos monoclonais anti-*EGFR*.
- II - Investigação molecular do gene *BRAF* é requisito importante no diagnóstico do melanoma metastático, visto que inibidores do *BRAF* mutado já estão disponíveis clinicamente.
- III- *BRAF* mutado é preditivo de resposta ao tratamento do câncer de pulmão de não pequenas células.
- IV - Investigação molecular de regiões *hotspots* no gene *EGFR* é necessária no câncer colorretal metastático.

Quais estão corretas?

- (A) Apenas I e III.
- (B) Apenas II e III.
- (C) Apenas I, II e IV.
- (D) Apenas II, III e IV.
- (E) I, II, III e IV.

19. Em relação aos tumores relacionados a mutações germinativas nos genes *BRCA1* e *BRCA2*, assinale a alternativa **INCORRETA**.

- (A) Câncer de mama em portadores de mutações em *BRCA1* apresenta, mais frequentemente, fenótipo triplo negativo (ausência de expressão de receptores hormonais e HER2), enquanto que, em portadores de mutações em *BRCA2*, a distribuição fenotípica assemelha-se aos tumores esporádicos.
- (B) Por se tratar de genes supressores tumorais, mutações em *BRCA1* e *BRCA2* não seguem o modelo dos dois eventos mutacionais (*two-hit model*) proposto por Knudson. Dessa forma, tumores relacionados à *BRCA* não apresentam inativação do segundo alelo (alelo selvagem).
- (C) Por se tratar de genes supressores tumorais clássicos, portadores de mutações germinativas em *BRCA1* e *BRCA2* sofrem, frequentemente, perda de heterozigosidade no tumor.
- (D) Mutações secundárias somáticas que restauram a fase de leitura dos genes *BRCA1* e *BRCA2* já foram descritas como mecanismos de resistência ao tratamento com inibidores de PARP e platinas.
- (E) Pacientes portadores de mutações nos genes *BRCA1* e *BRCA2* também apresentam risco aumentado para o desenvolvimento de câncer de pâncreas.

20. A nomenclatura do HGVS (*Human Genome Variation Society*) é usada para reportar informações a respeito de variantes encontradas em sequências de DNA, RNA e proteínas e serve como um padrão internacional para fins de diagnóstico molecular. A respeito das diretrizes estabelecidas pela HGVS, é **INCORRETO** afirmar que:

- (A) todas as variantes devem ser descritas no nível mais básico, o nível de DNA. Descrições em nível de RNA e/ou proteínas podem ser fornecidas como complemento.
- (B) todas as variantes devem ser descritas em relação a uma sequência de referência válida, pública e definida (como, por exemplo: NC_000017.11, LRG_292, NM_007294.3).
- (C) prefixos tais como "g.", "m.", "c.", "n." e "p." devem ser utilizados para indicar o tipo de sequência de referência utilizada na descrição de alterações genéticas.
- (D) o prefixo "c." indica que a sequência de referência de DNA codificante foi utilizada.
- (E) para fins de diagnóstico, é obrigatório o uso do código de uma letra para variantes proteicas.

21. De acordo com a nomenclatura HGVS, considere as descrições abaixo, baseadas na sequência de referência de DNA codificante.

c.874inv, c.845T>A, c.142_144delinsTGG, c.T816A, c.1704+1dup

Quantas dessas descrições estão corretas?

- (A) 1.
- (B) 2.
- (C) 3.
- (D) 4.
- (E) 5.

22. Considere as afirmações abaixo, em relação às etapas críticas da carcinogênese.

- I - Células tumorais adquirem a capacidade de se proliferarem cronicamente. Essa proliferação exacerbada dá-se em decorrência de mutações em oncogenes e genes supressores de tumor.
- II - Devido ao fato do mecanismo apoptótico servir como uma barreira natural para o desenvolvimento de câncer, sabe-se que células tumorais são menos resistentes a apoptose.
- III - Não existem diferenças entre células normais e tumorais nos processos de regulação metabólica e produção de energia (ATP).
- IV - As células tumorais adquirem autossuficiência na sinalização de processos que estimulem divisão e crescimento celular. Além disso, estas células tornam-se insensíveis a sinais que inibam o crescimento.

Quais estão corretas?

- (A) Apenas II.
- (B) Apenas III.
- (C) Apenas I e IV.
- (D) Apenas I, III e IV.
- (E) I, II, III e IV.

23. Em relação à biópsia líquida, assinale a alternativa **INCORRETA**.

- (A) cfDNA está presente em indivíduos com e sem câncer.
- (B) ctDNA representa a maior parte do cfDNA de um paciente com câncer.
- (C) O uso da biópsia líquida ainda é restrito na prática clínica, em parte, devido ao conhecimento limitado em relação à variabilidade e complexidade do processo de liberação de DNA na circulação.
- (D) A mutação T790M no gene *EGFR* pode ser avaliada por biópsia líquida na impossibilidade de uma biópsia tecidual.
- (E) ctDNA representa uma pequena parcela do cfDNA de um paciente com câncer metastático.

24. Assinale com **V** (verdadeiro) ou **F** (falso) as afirmações abaixo relacionadas à biologia tumoral.

- () Mecanismos epigenéticos estão envolvidos no processo de carcinogênese e incluem a metilação do promotor de genes supressores de tumor.
- () O conceito de clonalidade, muito estudado em neoplasias hematológicas, não se aplica aos processos relacionados à carcinogênese de tumores sólidos.
- () A teoria de envolvimento de células-tronco tumorais nos processos de carcinogênese de tumores sólidos e de resistência a tratamentos não foi comprovada, tendo sido recentemente descartada.
- () Um dos principais mecanismos de estímulo à proliferação e à sobrevivência celular observado no desenvolvimento de tumores sólidos é a ativação de vias de sinalização celular por meio de mutações de ganho de função em genes supressores de tumor.
- () O microambiente tumoral tem influência sobre a disseminação de células tumorais no processo de metastatização de tumores sólidos.

A sequência correta de preenchimento dos parênteses, de cima para baixo, é

- (A) V – F – F – V – F.
- (B) F – V – V – F – V.
- (C) V – F – V – F – V.
- (D) F – F – V – F – F.
- (E) V – F – F – F – V.

25. Numere a segunda coluna de acordo com a primeira, associando os genes às suas respectivas síndromes de predisposição ao câncer.

- (1) *RET*
- (2) *EPCAM*
- (3) *VHL*
- (4) *APC*
- (5) *CDH1*

- () Câncer gástrico difuso hereditário
- () Polipose adenomatosa familiar
- () Von Hippel-Lindau
- () Neoplasia endócrina múltipla tipo IIB
- () Síndrome de Lynch

A sequência numérica correta de preenchimento dos parênteses da segunda coluna, de cima para baixo, é

- (A) 3 – 2 – 1 – 4 – 5.
- (B) 4 – 2 – 3 – 1 – 5.
- (C) 4 – 3 – 5 – 1 – 2.
- (D) 5 – 4 – 3 – 1 – 2.
- (E) 5 – 4 – 3 – 2 – 1.

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

EDITAL Nº 01/2020 DE PROCESSOS SELETIVOS

GABARITO APÓS RECURSOS

PROCESSO SELETIVO 08

BIÓLOGO I, BIOMÉDICO I ou FARMACÊUTICO-BIOQUÍMICO I (Diagnóstico Molecular em Neoplasias)

01.	D	11.	B	21.	C
02.	D	12.	C	22.	C
03.	C	13.	B	23.	ANULADA
04.	B	14.	E	24.	E
05.	C	15.	A	25.	D
06.	D	16.	D		
07.	D	17.	D		
08.	A	18.	B		
09.	E	19.	B		
10.	B	20.	E		