



Ministério da Educação
Universidade Federal do Amazonas
Comissão de Concurso de Magistério Superior - ICB

Processo nº: 23105.038627/2025-27

Interessado: @nome_interessado@

Assunto: Resposta ao recurso da prova escrita

PARECER

Esta Comissão de Concurso para o Magistério Superior (CCCMS) recebeu, por meio de correio eletrônico, em **05 de setembro, às 02h56**, o recurso do candidato **Roberto Alexandre Alves Barbosa Filho**, referente ao resultado da prova escrita. No documento, o candidato solicita a revisão de sua avaliação.

Por estar dentro do prazo estipulado no calendário e ter sido apresentado no formulário adequado, o recurso foi **devidamente acatado** por esta Comissão e encaminhado à Banca Examinadora para análise.

Considerando a autonomia e o conhecimento técnico da Banca Examinadora na área do concurso, esta Comissão acata integralmente o parecer emitido (em anexo), **mantendo a nota do candidato e, conseqüentemente, sua desclassificação.**

Salvo melhor juízo este é o parecer.

Manaus, 08 de setembro de 2025.



Documento assinado eletronicamente por **Maria do Carmo Queiroz Fialho, Presidente da Comissão**, em 08/09/2025, às 12:26, conforme horário oficial de Manaus, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Flávia Regina Almeida Campos Naief Moreira, Membro**, em 08/09/2025, às 12:27, conforme horário oficial de Manaus, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Quelly Christina França Alves Schiave, Membro**, em 08/09/2025, às 12:27, conforme horário oficial de Manaus, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufam.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **2784940** e o código CRC **DBA0E426**.

Avenida General Rodrigo Octávio, 6200 - Bairro Coroados I Campus Universitário Senador Arthur Virgílio Filho, Setor Sul, Bloco 1, ICB - Telefone: (92) 3305-1181 / Ramal 2380
CEP 69080-900, Manaus/AM, ccmsicb@ufam.edu.br

Referência: Processo nº 23105.038627/2025-27

SEI nº 2784940

Resposta ao recurso solicitados pelo candidato Roberto Alexandre Alves Barbosa Filho. Todos os membros da banca reavaliaram as respostas do candidato. Apesar que os membros da banca avaliaram as respostas originais individualmente, e assim atribuíram notas diferentes para cada uma das nove questões avaliadas, as notas atribuídas foram consistentes em relação à exposição do domínio da tema pelo candidato. Na reavaliação das respostas, a banca não detectou omissões ou inconsistências na avaliação original, e assim, a banca está mantendo a avaliação original. As respostas detalhadas para cada questões seguem abaixo.

Questão 2.1

Apresentação do tema:

A questão pedia explicitamente um pipeline para gerar uma lista de genes expressos sem genoma de referência. O candidato não destacou esse ponto central (ausência de genoma de referência) nem apresentou alternativas adequadas (montagem de novo, Trinity/rnaSPAdes, avaliação com BUSCO/TransRate). A resposta se restringe a uma sequência numerada de etapas, sem contextualização inicial do problema, nem indicando as limitações do cenário.

Conteúdo (domínio do tema):

O candidato descreve passos como limpeza, integração de metadados e anotação (via NCBI/BLAST, GO/KEGG), mas não aborda como lidar com sequências paired-end (PE150) nem como realizar a montagem do transcriptoma — etapa indispensável em estudos sem genoma de referência. Foi mencionada a linguagem computacional Python e o uso do pacote Pandas para trabalhar com dados tipo data frame, mas faltou descrever como serão processados os dados brutos para obter a lista dos genes expressos, e a frequência desses genes expressos.

O pseudocódigo solicitado não foi fornecido; em seu lugar, há apenas um texto numerado. Isso não atende integralmente ao enunciado, que pedia instruções programáticas ou ao menos estrutura lógica formalizada.

Além disso, notamos a ausência de softwares/pacotes específicos para cada etapa (ex.: fastp, Trinity, Salmon, tximport, DESeq2).

Qualidade e rigor na exposição:

A resposta carece de clareza metodológica, não distingue entre alinhamento, montagem e anotação.

O detalhamento é insuficiente para configurar um pipeline robusto ou reproduzível.

A organização em itens não supre a falta de pseudocódigo, e o nível de precisão técnica está aquém do exigido para a questão.

Questão 2.2

Apresentação do tema:

Da maneira geral, a apresentação foi boa.

Conteúdo (domínio do tema):

A resposta identifica três eixos importantes:

- (i) logística de coleta/preservação de RNA,
- (ii) escassez de dados anotados para espécies não-modelo,
- (iii) necessidade de alto poder computacional.

Esses pontos estão de acordo com a literatura, mas o texto não detalha estratégias técnicas específicas para superar os desafios, como uso de RNAlater, métricas de qualidade de montagem (BUSCO, TransRate) ou abordagens para depleção de rRNA.

O candidato cita bancos de dados (NCBI, GEO), mas sem aprofundar como seriam utilizados na prática no contexto amazônico.

Para o terceiro ponto, o candidato cita falta de recursos computacionais, e ao mesmo tempo cita o Instituto de Computação da UFAM com estrutura adequada.

Qualidade e rigor na exposição:

A redação é clara e demonstra entendimento geral do problema, mas não inclui ferramentas ou metodologias reconhecidas para avaliação da qualidade do transcriptoma ou para mitigação das limitações citadas.

Questão 2.3

Apresentação do tema:

O texto está organizado e demonstra compreensão de que a transcriptômica pode revelar genes diferencialmente expressos em interações bióticas.

Contudo, faltou contextualizar o cenário amazônico, conforme pedia o enunciado, relacionando explicitamente a técnica com exemplos regionais de interações ecológicas (ex.: simbiose entre plantas e micorrizas, interação peixe–parasita, ou relações planta–polinizador em ambientes de várzea e terra firme).

Conteúdo (domínio do tema):

O candidato menciona análises comparativas entre populações simpátricas e alopátricas e a possibilidade de integração com outras ômicas (proteômica, metabolômica), o que é conceitualmente correto.

Porém, faltou explorar como essas ferramentas se aplicam a casos amazônicos concretos. A questão solicitava explicitamente que o exemplo fosse situado em relações ecológicas locais, e a resposta permaneceu genérica.

Qualidade e rigor na exposição:

A redação é clara e a lógica está correta, mas a ausência de exemplos amazônicos diminui a adequação ao enunciado.

Questão 7.1

Apresentação do tema:

O candidato organizou um fluxograma de análise com etapas de pré-processamento, montagem, mapeamento, construção de dataframe e análise estatística.

Essa estrutura mostra clareza organizacional, mas veja que este fluxograma é adequado a dados de Illumina, o que não foi proposto na questão (1 GB de leituras do MinION/PromethION).

Não houve contextualização clara de como esses dados poderiam ser aplicados em espécies amazônicas, nem de como seriam integrados com variáveis fenotípicas.

Conteúdo (domínio do tema):

A resposta sugere uso de protocolos como BS-seq, ATAC-seq e ChIP-seq, que não são compatíveis com a tecnologia ONT. O MinION detecta nativamente metilação em citosinas e possui protocolos próprios em desenvolvimento (nanoNOMe, scNanoATAC), mas isso não foi mencionado.

Ao propor diferentes tipos de bibliotecas e corridas (Illumina-style), o candidato descreveu um pipeline tecnicamente incorreto para os dados solicitados.

BS-seq/ATAC-seq/ChIP-seq são protocolos e bibliotecas genômicas para Illumina. Oxford Nanopore não roda esses tipos de dados. MinIon consegue detectar bases metiladas de citosina nativamente (não implementa BS-seq), tem seus próprios protocolos para ver "chromatin accessibility" que estão atualmente em desenvolvimento (nanoNOMe, scNanoATAC, scNanoATAC-seq), e não tem protocolos tipo ChIP-seq. Então o pipeline exposto pelo candidato era para análises de dados de Illumina. Pela exposição que o candidato fez, seria necessário de construir diferentes tipos de bibliotecas genômicas, e cada uma dessas bibliotecas requer um pipeline analítica diferente.

Na corrida do MinIon, teríamos dentro da mesma corrida de sequenciamento do DNA "normal" a sequência do DNA (CTGA), e registros se C estão metilados ou não (Cmet), e a partir desses dados tem como responder à questão.

Finalmente o candidato não respondeu como seria avaliado se o fenótipo é resultado de mudanças adaptativas (mudanças - substituição de nucleotídeos - da sequência primária das regiões codificadoras ou de regiões regulatórias), ou se for aclimação (mudanças temporárias no padrão de metilação das regiões regulatórias). Assim, o candidato não respondeu à questão central: como avaliar se o fenótipo resulta de mudanças adaptativas (substituições fixadas na sequência) ou de respostas epigenéticas (ex: padrões de metilação temporários).

Qualidade e rigor na exposição:

A resposta apresenta sequência lógica, mas com ferramentas e protocolos incompatíveis com a tecnologia descrita no enunciado.

A falta de discussão sobre a diferenciação entre base genética e epigenética do fenótipo representa uma lacuna crítica de rigor científico.

Assim, ainda que bem estruturada, a resposta não resolve o problema proposto pela questão.

Questão 7.2

Apresentação do tema:

Faltou contextualização amazônica: a resposta não exemplifica como essas abordagens poderiam ser aplicadas a espécies ou ecossistemas locais (ex.: árvores de várzea submetidas a ciclos de cheia e seca, peixes expostos a hipóxia, etc.).

Conteúdo (domínio do tema):

O texto menciona corretamente modalidades de dados epigenômicos importantes (metilação, histonas, acessibilidade), mas não desenvolve a parte analítica de forma consistente.

Não foi mencionada a aplicação de modelos estatísticos multivariados ou de associação genoma-ambiente, que são ferramentas-chave para vincular marcadores epigenéticos a gradientes ambientais (seca vs. cheia, por exemplo).

Assim, a resposta se manteve em um nível descritivo de protocolos, sem entregar as técnicas computacionais pedidas no enunciado.

Qualidade e rigor na exposição:

Apesar de mencionar “uso de APIs integradas a scripts em Python”, a resposta não especifica pacotes ou frameworks reconhecidos para análise epigenômica, permanecendo genérica.

Questão 7.3

Apresentação do tema:

Faltou contextualização no cenário amazônico: a resposta não vinculou explicitamente os modelos às condições ambientais locais (ex.: seca, cheia, alagamento, gradientes de temperatura ou hipóxia em peixes).

Conteúdo (domínio do tema):

Novamente restringiu-se a protocolos típicos de Illumina, sem comentar alternativas aplicáveis a espécies amazônicas sem genoma de referência.

Faltou explorar exemplos de respostas epigenéticas ligadas à resiliência amazônica, como mecanismos de tolerância à seca em árvores, aclimação de peixes a ambientes hipóxicos ou respostas epigenéticas de plantas de várzea a ciclos de inundação.

Qualidade e rigor na exposição:

O texto demonstrou entendimento dos princípios de aprendizado de máquina aplicados a dados epigenômicos, mas manteve-se em nível introdutório, sem maior detalhamento técnico e ligação com a realidade amazônica.

Questão 10.1

Apresentação do tema:

Faltou uma estrutura da apresentação do tema.

Conteúdo (domínio do tema):

O conteúdo era genérico e superficial, sem providenciar exemplos. O candidato também mencionou outras técnicas da engenharia genética, sem ligação ao tema (CRISPR-Cas9) da questão.

Qualidade e rigor na exposição:

Ver acima.

Questão 10.2

Apresentação do tema:

No geral a apresentação foi boa, mas sem maior estrutura dos tópicos.

Conteúdo (domínio do tema):

O conteúdo foi genérico.

Qualidade e rigor na exposição:

Ver acima.

Questão 10.3

Apresentação do tema:

Apresentação foi na maneira geral boa, mas genérica.

Conteúdo (domínio do tema):

A resposta cita genericamente que o conhecimento tradicional pode guiar a conservação, mas faltaram exemplos amazônicos concretos (ex.: uso de óleos de sementes amazônicas, propriedades farmacológicas do açaí, manejo participativo do pirarucu).

Não foi discutido como esse conhecimento se integra a fluxos biotecnológicos modernos (etnobotânica → triagem → análises ômicas → biotecnologia → conservação).

Também não houve menção aos instrumentos legais que garantem repartição de benefícios e proteção do CTA (Lei 13.123/2015, SISGen, Protocolo de Nagoya).

O texto não diferenciou inovação (bioeconomia, prospecção farmacêutica) de conservação (identificação de espécies-chave para manejo adaptativo).

Qualidade e rigor na exposição:

A redação foi clara, mas faltou substância: sem exemplos, sem marcos legais, sem etapas metodológicas, a resposta se manteve muito genérica.

Documento assinado digitalmente



TOMAS HRBEK

Data: 08/09/2025 11:59:55-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente



JOSUE ANDERSON REGO AZEVEDO

Data: 08/09/2025 12:03:31-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente



CAMILA DUARTE RITTER

Data: 08/09/2025 12:16:10-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>