



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

**Processo nº: 23105.038627/2025-27**

**Interessado: Welma Sousa Silva Carneiro**

**Assunto: Resposta ao recurso da Errata do resultado da prova escrita**

PARECER

Trata do recurso recebido via e-mail da CCCMS às 07:16 do dia 10 de setembro de 2025, impetrado pela candidata **Welma Sousa Silva Carneiro**, inscrição 753 concorrente à vaga de docente na área de Bioinformática (Edital 04/2025), no qual solicita: revisão da avaliação de sua prova escrita. O recurso foi realizado dentro do prazo e utilizando o formulário de requerimento adequado e, desta forma, essa CCCMS o acatou para análise e enviou para a Banca Examinadora relatar, uma vez que a Banca que demanda conhecimento teórico/prático sobre o assunto.

Após análise do parecer (anexo) da Banca Examinadora, esta CCCMS acata o parecer e mantém a nota da candidata Welma Sousa Silva Carneiro, permanecendo a candidata desclassificada.

Salvo melhor juízo, este é o parecer.

Manaus, 11 de setembro de 2025.



Documento assinado eletronicamente por **Maria do Carmo Queiroz Fialho, Presidente da Comissão**, em 11/09/2025, às 12:13, 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 11/09/2025, às 12:14, 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 11/09/2025, às 12:14, 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](https://sei.ufam.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **2791026** e o código CRC **1F4D2840**.

---

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](mailto:ccmsicb@ufam.edu.br)

Referência: Processo nº 23105.038627/2025-27

SEI nº 2791026

**Resposta ao recurso solicitados pelo candidato Welma Sousa Silva Carneiro. Todos os membros da banca reavaliaram as respostas do candidato. O candidato escreveu o recurso na forma de uma autoavaliação, dizendo, por exemplo que na Questão 1 contemplou no mínimo 50% da resposta. O recurso não foi elaborado para mostrar que a banca errou na avaliação das respostas, por exemplo, que as ferramentas bioinformáticas citadas pelo candidato são apropriados mas a banca considerou as ferramentas citadas inapropriadas. Na reavaliação das respostas, a banca não detectou omissões ou inconsistências ou erros da avaliação original, e assim, a banca está mantendo a avaliação original. As respostas detalhadas para cada questões seguem abaixo.**

### **Questão 2.1**

A questão pedia explicitamente um pseudocódigo anotado com referência ao software/pacotes específicos que gerará a lista de genes expressos, e suas frequências, em cada grupo experimental. A resposta foi abordada de maneira superficial, com omissão de detalhes importantes necessários para se chegar das sequências brutas até uma tabela de genes. Por exemplo, não ficou claro como a normalização seria feita, e as métricas PRKM, TRKM e PTP (PTP não existe, deveria ser TPM) são métricas de quantidade de transcritos por unidade de genoma (não quantidade de cópia de genes). Essas métricas sumarizam quantidade de expressão genica, mas não informam nada sobre a expressão de genes específicos ou diferença na expressão entre genes específicos. Não detalhou os passos e não citou os software/pacotes e a função deles.

### **Questão 2.2**

Em relação a questão da discussão de desafios técnicos e computacionais associados com estudos de organismos não modelos amazônicos, a resposta abordou desafios técnicos que, em maioria, foram gerais e não específicos para pesquisas na Amazônia. Igualmente, os desafios computacionais não foram voltados às pesquisas na Amazônia.

### **Questão 2.3**

A resposta foi genérica sobre uso da transcriptômica no estudo de interações ecológicas, sem ser voltada para organismos amazônicos. 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.

### **Questão 7.1**

A resposta foi superficial, com somente quatro passos no fluxograma. Passos importantes, e necessários de serem executados numa sequência específica não foram abordados. Os softwares MEGAHITS e SPADES são softwares que montam contigs de novo, já que para esse caso foi necessário o uso do software que mapeia as leituras no genoma de referência. O uso do software BISMARK não é apropriado para os dados (1 GB de leituras do MinION/PromethION). O BISMARK mapeia leituras geradas a partir de bibliotecas tratadas com bissulfito (BS-seq), que não são compatíveis com a tecnologia ONT. O MinION detecta nativamente metilação em citosinas, mas isso não foi mencionado. Toda resposta foi baseada em dados gerados no Illumina, com a necessidade de preparar diferentes tipos de bibliotecas.

Finalmente o candidato respondeu de maneira superficial 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 era 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).

### Questão 7.2

A resposta não menciona técnicas computacionais que poderiam ser empregadas. A candidata somente mencionou dois softwares, BISMARCK (software para mapeamento de dados BS-seq), e HMMER (software para recortar/extrair sequências/domínios a partir de padrão da estrutura primária), entretanto a candidata atribuiu erroneamente o uso deles para “notação funcional destes genes e posterior avaliação do padrão epigenômico do mesmo”. 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). Ou seja, não respondeu à pergunta.

### Questão 7.3

A resposta não mostra o entendimento do uso da aprendizagem de máquinas (inteligência artificial) para gerar modelos preditivos. A ferramenta mencionada (HMMER) é um modelo de Markov oculto (Hidden Markov Model) que é um tipo de modelo probabilístico estatístico. O modelo de Random Forest não é SVM (support vector machine). Ambos são modelos de aprendizagem de máquinas treinados com dados marcados/categorizados e são usados para classificar itens (as probabilidades das classificações podem ser obtidas usando outros métodos computacionais). O RF é usado para prever níveis de expressão baseado nos padrões de metilação, entretanto a pergunta era sobre a previsão de respostas epigenéticas pelo modelos de AI em cenários das mudanças climáticas, e isso não foi respondido.

### Questão 10.1

Apesar da descrição do mecanismo do CRISPR-Cas9, não ficou claro como essa técnica poderia ser empregada para estudo e pesquisas com organismos amazônicos.

### Questão 10.2

No geral a apresentação foi boa e mostrou conhecimento do assunto. Entretanto, sem aprofundamento e sem exemplos específicos.

### Questão 10.3

No geral a apresentação ficou sem substância e superficial. 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).

Documento assinado digitalmente



TOMAS HRBEK

Data: 11/09/2025 12:34:07-0300

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

Documento assinado digitalmente



JOSUE ANDERSON REGO AZEVEDO

Data: 11/09/2025 12:39:27-0300

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

Documento assinado digitalmente



CAMILA DUARTE RITTER

Data: 11/09/2025 12:44:33-0300

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