**1 - Dissertativa**

**A)** Sim, elas podem ser consideradas *Open Reading Frames* (ORFs), ou seja, regiões abertas de leitura. Um ORF é definido como uma sequência contínua de códons que se inicia com um códon de início (geralmente ATG) e termina com um códon de parada (como TAA, TAG ou TGA), sem códons de parada internos. Ao traduzirmos essas sequências nos seis possíveis frames, estamos identificando regiões que **potencialmente** codificam proteínas. No entanto, para que uma sequência seja confirmada como um ORF funcional, seriam necessárias análises adicionais, como a presença de sinais regulatórios e evidências experimentais. Portanto, no estágio atual, estamos analisando **candidatos a ORFs**, o que é parte do processo de anotação genômica.

**B)** A leitura dos seis frames de uma sequência é fundamental porque o DNA é composto por duas fitas complementares, e cada fita pode ser lida em três diferentes quadros de leitura, dependendo do ponto inicial da tradução. Isso gera três frames na fita direta (sentido 5’ → 3’) e três na fita reversa complementar (sentido 3’ → 5’), totalizando seis frames possíveis. Como não sabemos a priori qual fita e qual frame contém a informação codificante correta, é necessário analisar todos eles para localizar todas as possíveis regiões codificantes (ORFs). Assim, garantimos uma análise abrangente e aumentamos a chance de identificar genes reais no genoma.