

DOMANDE DI ESEMPIO – UN'UNICA RISPOSTA E'CORRETTA, RISPOSTE ERRATE CONTANO 0 (NON SI ASSEGNANO PUNTEGGI NEGATIVI PER ERRORI)

Quale delle seguenti combinazioni query/database è corretta in un tBLASTx?

- a. sequenza amino acidica dell'eparina del salmone/genoma del salmone
- b. sequenza amino acidica della proteina ribosomale L13/database nucleotidico nr-nt
- c. mRNA della perossiredossina 4 umana/transcrittoma umano
- d. esone 5 della interleukina-21 di topo/UniprotKB

Quale tra i seguenti formati di file contiene informazioni relative alla topologia di un albero filogenico?

- a. FASTA
- b. Newick
- c. CLUSTALW
- d. pdb

Una ricerca con InterProScan mi ha dato come risultato due domini, IPR000322 ed IPR001103. Quale tra le seguenti affermazioni è errata?

- a. I due domini potrebbero essere parzialmente o interamente sovrapposti
- b. I due domini saranno collegati a delle schede di altri database, come Pfam, SMART e Prosite
- c. La presenza di due domini differenti in una stessa proteina non è compatibile
- d. Entrambi i domini potrebbero essere ritrovati più volte in una stessa proteina

Quale tra le seguenti è un corretto header di una sequenza in formato FASTA?

- a. >AF0100432.1
- b. >AF0100432.1 Alpha_hemoglobin [Homo sapiens]
- c. >pippo_paperino
- d. tutti i precedenti

Richiederà più tempo allineare:

- a. 10000 sequenze lunghe 100 amino acidi
- b. 100 sequenze lunghe 10000 amino acidi
- c. dipende dall'algoritmo di allineamento scelto
- d. il caso a ed il caso b richiederanno il medesimo tempo

Quale tra i seguenti tipi di analisi filogenetica è il più accurato ma allo stesso tempo il più dispendioso computazionalmente?

- a. UPGMA
- b. Maximum Likelihood
- c. Neighbour Joining
- d. Maximum Parsimony

Quale delle seguenti affermazione riguardo alle matrici di sostituzione è corretta?

- a. Matrici PAM e BLOSUM indicate con uno stesso numero (ad esempio PAM100 e BLOSUM100) sono equivalenti.
- b. Nel caso in cui volessi ricercare similarità con proteine molto divergenti dovrei utilizzare una matrice BLOSUM ad alto indice (ad esempio BLOSUM80) piuttosto che una a basso indice (ad esempio BLOSUM45)
- c. Le matrici PAM si applicano a sequenze nucleotidiche, le matrici BLOSUM a sequenze amino acidiche.
- d. Per il confronto di sequenze filogeneticamente vicine è opportuno utilizzare una matrice PAM a basso indice (ad esempio PAM10) piuttosto che ad alto indice (ad esempio PAM250)

1. L'immagine a fianco rappresenta:

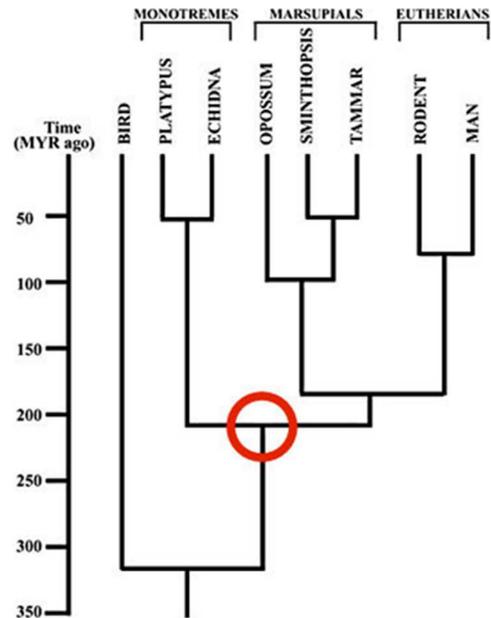
- a. Un cladogramma
- b. Un filogramma
- c. Un cronogramma
- d. Un albero a massima parsimonia

2. Sempre con riferimento all'immagine a fianco, il cerchio indica:

- a. Un nodo
- b. Un ramo
- c. Un outgroup
- d. Un taxa

3. Il gruppo echidna + uomo potrebbe essere considerato:

- a. un gruppo parafiletico
- b. un gruppo polifiletico
- c. un gruppo monofiletico
- d. un gruppo plurifiletico



4. Gli uccelli sono stati inseriti in questo caso come outgroup. Se volessimo aggiungere all'albero anche rettili e anfibi per generare un albero rappresentativo dell'evoluzione dei tetrapodi, quale diventerebbe un outgroup ragionevole?

- a. I pesci
- b. Un elefante
- c. Escherichia coli
- d. Il virus dell'HIV

Ho appena effettuato un tBLASTn di una proteina umana prodotta da un gene a singola copia e composto da una dozzina di esoni contro il genoma umano. Cosa mi devo aspettare come output?

- a. un messaggio di errore
- b. sempre e comunque una singola regione di hit
- c. diverse regioni di hit situate nell'arco di alcune Kb sullo stesso cromosoma
- d. svariate centinaia di hit significativi sparpagliati su diversi cromosomi

Il programma MEME potrebbe essere utile per:

- a. la scoperta di nuovi elementi di regolazione dei promotori in sequenze nucleotidiche
- b. l'individuazione di domini proteici conservati riconosciuti nel database Interpro
- c. l'individuazione di motivi conservati già noti nei promotori di sequenze nucleotidiche
- d. individuare introni ed esoni in una sequenza genomica

In un BLAST, l'aumento del parametro X porterà:

- a. all'aumento della sensibilità della ricerca
- b. all'allungamento degli HSP
- c. all'aumento del tempo di calcolo richiesto
- d. a tutte e tre le precedenti