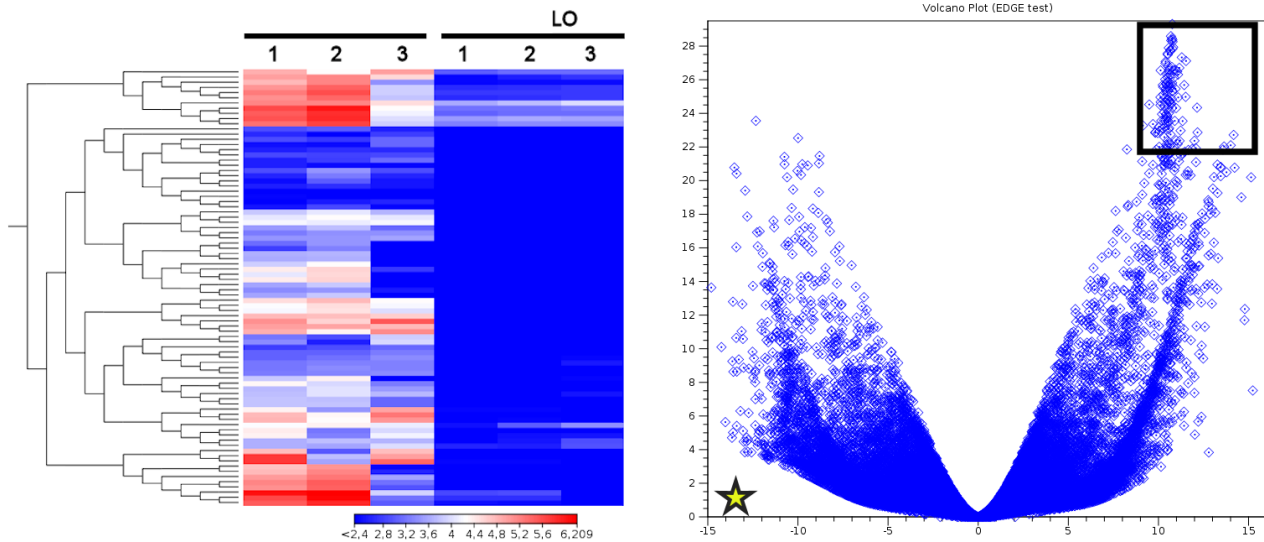


## DOMANDE DI ESEMPIO

**DOMANDE A RISPOSTA MULTIPLA: Ogni domanda ha un'unica risposta corretta possibile. Non verranno applicate penalità per risposte errate.**

**DOMANDE VERO FALSO O MUTUALMENTE ESCLUSIVE: verrà applicata una penalità di -0,5 punti in caso di risposta errata**

**DOMANDE A COMPLETAMENTO: nessuna penalità in caso di risposta errata**



1. Con riferimento al grafico riportato sopra a sinistra, esso è definibile come **HEAT MAP**
2. Sempre con riferimento al grafico di sinistra, il colore di ciascuna riga è determinato da:
  - a) **Il livello di espressione genica**
  - b) Il p-value dell'analisi statistica del confronto tra trattato e controllo
  - c) Il p-value corretto con FDR o Bonferroni del confronto tra trattato e controllo
  - d) Lo z-score dell'analisi
3. Nel Volcano Plot a destra, che mostra un confronto tra trattato e controllo invece il riquadro indica geni fortemente sottoespressi nel trattato  
Vero  **Falso**
4. Il gene contrassegnato da una stella nel Volcano Plot indica:
  - a) Un gene sottoespresso con p-value significativo
  - b) Un gene sottoespresso con p-value non significativo**
  - c) Un gene sovraespresso con p-value significativo
  - d) Un gene sovraespresso con p-value non significativo
5. Per creare il grafico mostrato a destra ho necessità di conoscere:
  - a) I livelli di espressione nei due campioni da confrontare. Vero  **Falso**
  - b) Fold change. **Vero**  Falso
  - c) P-value corretto. **Vero**  Falso

6. In un volcano plot il fold change è rappresentato sull' asse  $X/Y$  e convertito in scala **LOGARITMICA**
7. Per flow-cell si intende:
- La pipeline di analisi di dati di sequenziamento
  - Il supporto di vetro su cui i frammenti della libreria verranno sequenziati**
  - Le biglie magnetiche utilizzate nelle fasi di selezione di mRNA in librerie per RNA-seq
  - La pipeline di preparazione di una libreria per bisulfite sequencing
8. La zero-mode waveguide è una camera di visualizzazione nanofotonica utilizzata dai sequenziatori:
- SMRT PacBio**
  - Illumina
  - 454
  - Nanopore
9. Il termine Overlap Layout Consensus indica una metodica per mappare le reads su geni con molte varianti di splicing alternativo/**una classe di algoritmi di assemblaggio**
10. Quale tra i seguenti strumenti basa il proprio funzionamento sul rilevamento di piccolissime variazioni di pH?
- Covaris
  - Oxford Nanopore MinION
  - IonTorrent PGM**
  - 454 FLX Titanium
11. La metodica della ribo-depletion è tipicamente utilizzata nella preparazione di librerie per analisi di metabarcoding Vero  **Falso**
12. Sto pianificando un esperimento di RNA-seq per valutare la risposta di una linea cellulare ad un farmaco antitumorale. Naturalmente si tratta di un esperimento dispendioso, quindi devo scegliere attentamente a come ottimizzare i miei fondi per validare al meglio i miei risultati e garantire riproducibilità. Quale tra le seguenti strategie non sarebbe una buona scelta di spesa?
- Investire fondi nel sequenziamento di almeno tre repliche biologiche per condizione sperimentale**
  - Investire fondi nel sequenziamento di almeno tre repliche tecniche per condizione sperimentale
  - Investire molti fondi per svolgere esperimenti di conferma su specifici geni tramite real-time PCR
  - Investire fondi per ottenere una profondità di sequenziamento molto elevata per ogni campione
13. Due sequenze del 16S rDNA vengono generalmente considerate appartenere alla stessa OTU quando il loro livello di similarità è superiore al **97** %
14. Un'analisi di tipo test ipergeometrico/gene set enrichment può permettermi di determinare quali sono gli upstream regulators che determinano delle variazioni di espressione genica/individuare i processi biologici significativamente alterati in seguito ad un trattamento
15. Le analisi effettuate con l'Ingenuity Pathway Analysis solitamente restituiscono tra i parametri che ci possono aiutare nell'interpretazione dei risultati un valore detto z-score. Quali tra le seguenti affermazioni relative a questa misura sono vere o false?
- Indica la significatività statistica dell'alterazione di un pathway Vero  **Falso**
  - È uno score che indica se un pathway è attivato o represso **Vero**  Falso
  - Nel caso in cui gli effetti predetti siano contrastanti tra loro può assumere valore **Vero**  Falso
  - Può assumere uno score negativo quando il p-value si avvicina a 0 **Vero**  Falso

16. Ipotizziamo di aver risequenziato l'intero genoma di un particolare strain del batterio *Bacillus subtilis* con pirosequenziamento 454 allo scopo di individuare eventuali mutazioni di rilievo. Ai fini di questa analisi, quali tra i seguenti passaggi sarebbe un errore?
- Trimmare le reads ottenute dal sequenziamento per rimuovere regioni a bassa qualità ed adattatori prima di effettuare il mappaggio
  - Impostare i parametri di mappaggio di modo che soltanto le reads con match perfetti vengano prese in considerazione
  - Impostare una frequenza minima per la chiamata di una variante
  - Impostare un limite di copertura di sequenziamento minima per la chiamata di una variante
17. Quale tra le seguenti misure di espressione genica permette una efficace comparazione "within samples" ma non "between samples"?
- TPM
  - Conte normalizzate per numero totale
  - RPKM
  - Conte grezze trasformate in scala logaritmica
18. L'algoritmo Expectation-Maximization può essere utile per mappare in modo ottimale le reads che trovano un match su trascritti multipli in un esperimento di RNA-seq/adoperare una correzione sul p-value grezzo in un'analisi di gene expression
19. In un esperimento di RNA-sequencing deciso di settare le soglie per la determinazione dei geni differenzialmente espressi con FDR-corrected p-value a 0,05 e Fold Change  $> |2|$  (cioè 2 in valore assoluto). Quale tra i seguenti geni verrà ritrovato nella lista dei differenzialmente espressi?
- Il gene TNF: p-value  $1 \times 10^{-15}$ , FC -4,5
  - Il gene LTA: p-value 0,04, FC 2,1
  - Il gene LTB: p-value  $1 \times 10^{-82}$ , FC -55,1
  - tutti e tre
20. Più librerie possono essere sequenziate sulla stessa lane di un sequenziatore Illumina inserendo delle brevi stringhe di sequenza chiamate BARCODES
21. L'insieme di tutto il materiale genetico contenuto in un campione ambientale può essere definito METAGENOMA
22. È più espresso un trascritto lungo 1Kb con TPM=10 oppure un trascritto lungo 2Kb con TPM=10?
- Il trascritto da 1 Kb
  - Il trascritto da 2 Kb
  - Entrambi allo stesso livello
  - Non ho elementi sufficienti per stabilirlo
23. Per valutare il livello di eterozigotità di un genoma appena sequenziato potrei creare un plot particolare, per il quale ho necessità di utilizzare la frequenza dei k-meri Vero  Falso