

ESEMPIO DOMANDE DI ESAME

Tipologia di domande ed istruzioni generali

-Domande a risposta multipla: un'unica risposta possibile, nessuna penalizzazione in caso di errore (+1 per risposta corretta)

-Domande vero falso e domande con due possibili alternative: +1 in caso di risposta corretta, -0,5 in caso di risposta errata. Nel caso di due possibili alternative, CANCELLARE la risposta errata

-Domande a completamento: nessuna penalizzazione in caso di errore (+1 per risposta corretta)

- 1) Osservate il seguente allineamento risultante da un'analisi di BLAST e rispondete alle domande:

Sinanodonta woodiana theromacin mRNA, complete cds

Sequence ID: [KJ598604.1](#) Length: 870 Number of Matches: 1

Range 1: 114 to 365 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ [Next Match](#) ▲ [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
77.4 bits(189)	2e-16	Compositional matrix adjust.	34/84(40%)	48/84(57%)	0/84(0%)	+3
Query 1	MRSIVCFIFVSIFLVALMPSDQTQAGTLLGCWETWSRCTKWSQRGTGILWKNCNNRCKELG	60	++++ ++I + M T+ + CW TWSRCT WS TGILW++C +RCK G			
Sbjct 114	IKTMSILFGITILAILTMTPESTEGNPITDCWNTWSRCTGWSSGATGILWQSCEDRCKCQG	293				
Query 61	HGYGLCEKRRSKCRFSKNAWACIC	84	+ G C K SKC F+ AW C C			
Sbjct 294	YATGTCRKVPSKCPFTNEAWQCQC	365				

È il risultato di un'analisi condotta con:

- a) BLASTp
- b) BLASTn
- c) BLASTx
- d) tBLASTn

E' possibile rispondere con certezza alla risposta precedente guardando:

- a) i numeri presenti accanto alla sequenza query
- b) i numeri presenti accanto alla sequenza subject
- c) La presenza simultanea delle voci "identities" e "subject" nell'output
- d) L'assenza di gaps

Il database interrogato è stato tradotto in 3 frame di lettura VERO FALSO

Questo risultato suggerisce che la similarità osservata tra le due sequenze sia dovuta ad un caso di omoplasia VERO FALSO

Qualora la sequenza query e la sequenza subject derivassero dal medesimo organismo tramite un evento di duplicazione in tandem, esse potrebbero essere definite sequenze ortologhe/paraloghe.

Nel caso in cui invece le due sequenze derivassero da un evento di whole genome duplication, esse potrebbero essere definite _____

- 2) Un'analisi condotta con InterProscan può essere condotta solo su sequenze proteiche/sia su sequenze nucleotidiche che su sequenze proteiche.

Nella ricerca di domini conservati, InterProscan utilizza BLASTp VERO FALSO

Ogni dominio conservato è identificato da un HMM VERO FALSO

Oltre ai domini conservati, InterPro include una sezione dedicata alle repeats VERO FALSO

Riportate il nome di almeno due database integrati in InterPro:

- a) _____
- b) _____

- 3) Se dovessimo valutare l'importanza della rivista Italian Journal of Lichenology nello specifico contesto degli studi in ambito botanico, sarebbe più opportuno
- Considerare il suo Impact Factor
 - Verificare se la rivista è indicizzata in Pubmed
 - Verificare se la rivista adotta un modello di pubblicazione tradizionale o open access
 - Verificare a quale quartile appartiene
- 4) Il database che contiene informazioni relative alla correlazione tra mutazioni a carico di geni umani e malattie genetiche ereditarie a carattere mendeliano è:
- COSMIC
 - USCS Genome Browser
 - Human Protein Atlas
 - OMIM
- 5) Un autore con H-index = 3:
- Ricade nel terzo quartile del suo settore scientifico di riferimento secondo Scopus
 - Ha pubblicato articoli che sono stati citati in media 3 volte ciascuno nel corso dei due anni successivi alla loro pubblicazione
 - Ha pubblicato tre articoli che sono stati citati 3 o più volte dopo la loro pubblicazione
 - Ha pubblicato 3 articoli su riviste dotate di impact factor negli ultimi 3 anni

- 6) Collegare i seguenti termini alle parole chiave indicate sotto: CLUSTALW / Smith-Waterman / JASPAR / TMHMM / MobiDB / BLOSUM62 / PHI-BLAST

-allineamento locale: _____

-matrici di sostituzione: _____

-pattern recognition: _____

-allineamento multiplo progressivo: _____

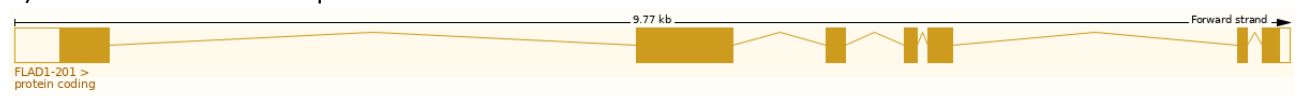
-predizione di regioni transmembrana : _____

-predizione di regioni disordinate : _____

-database di siti di legame per fattori di trascrizione: _____

- 7) Un aumento del parametro W in un'analisi condotta con BLASTp porterà:
- all'aumento del numero di allineamenti con e-value significativo VERO FALSO
 - alla riduzione dei tempi di calcolo VERO FALSO
 - ad una riduzione della sensibilità VERO FALSO
 - alla modifica della penalità attribuita all'inserzione dei gap VERO FALSO
 - alla modifica della penalità attribuita all'estensione dei gap VERO FALSO

- 8) Prendiamo in esame questo trascritto ricavato da ENSEMBL



Esso presenta _____ esoni e _____ introni

E' possibile/non è possibile rilevare eventi di splicing alternativo

Il trascritto presenta/non presenta una regione 5'UTR

Nell'immagine è visibile/non è visibile il promotore

Si tratta di un long non-coding RNA/di un trascritto codificante proteina

Se "9.77 Kb" indica la dimensione del gene, la dimensione del trascritto sarà uguale/inferiore a 9.77Kb.

- 9) Osservate le seguenti sequenze proteiche riportata in formato FASTA ed indicate quale tra queste è l'unica formattata correttamente
- >SeQuEnZa_EsEmPio_123
MISACHEVAMALEMALEMALE
 - AJ455601.2
MAMMACHESTRESSLESAME
 - <Homo_sapiens_myoglobin>
ATYDFIGTREDCVVHIKLP
 - #sesbaglioquestail18melosogno#
KKKKKKKKKKKKKKKKKKKK

10) Prendiamo ora in considerazione le due seguenti mutazioni

Variant ID	Chr: bp	Alleles	Global MAF	Class	Source	Evidence	Clin. Sig.	Conseq. Type
rs146796757	1:154989626	G/A	< 0.001 (A)	SNP	dbSNP			missense variant
rs537748007	1:154983391	C/T	0.006 (T)	SNP	dbSNP			5 prime UTR variant

Che tipo di mutazione è la prima?

- Una inserzione
- Una mutazione frameshift
- Una SNP non-sinonima
- Una SNP sinonima

La seconda mutazione determina una variazione della sequenza della proteina codificata?

VERO FALSO

La prima mutazione è implicata nello sviluppo di una malattia VERO FALSO

Posso dire che aa prima mutazione avviene all'interno di un esone VERO FALSO

Entrambe le mutazioni riguardano un gene localizzato nel cromosoma _____

- 11) Una analisi di sintenia riguarda lo studio dei geni _____ in due specie, valutando la conservazione delle loro posizioni reciproche sui cromosomi/del numero di esoni. Il livello di sintenia aumenta all'aumentare/al diminuire della distanza evolutiva tra le specie
Queste analisi possono essere utili per rilevare eventi di fusione tra cromosomi VERO FALSO

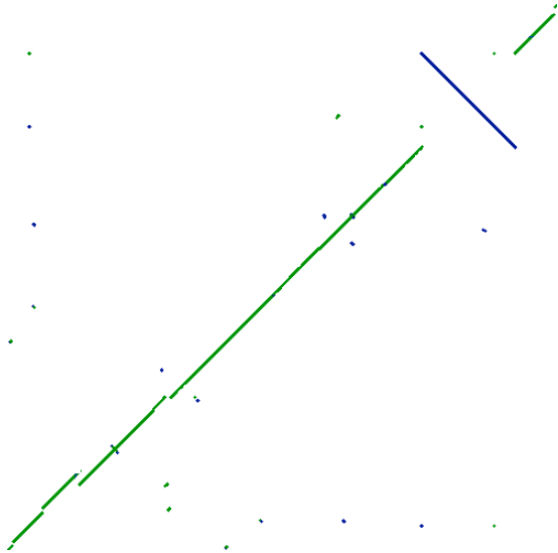
- 12) L'algoritmo Needleman-Wunsch è il più classico esempio di allineamento locale/globale ed è più dispendioso/meno dispendioso computazionalmente rispetto all'algoritmo Smith-Waterman. La maggior parte delle strategie di allineamento multiplo tra sequenze ne fanno ampio utilizzo, anche se alcuni, come ad esempio _____, utilizzano piuttosto una strategia di allineamento locale block-based

- 13) Quale tra le seguenti matrici di sostituzione vi sembrano le più appropriate per allineare sequenze tra loro scarsamente omologhe?
- PAM ad indice alto oppure BLOSUM ad indice basso
 - PAM ad indice basso oppure BLOSUM ad indice alto
 - PAM e BLOSUM entrambe ad indice basso
 - PAM e BLOSUM entrambe ad indice alto

14) Le matrici di sostituzione amino acidica contengono 20/32 righe e _____ colonne e possono/non possono essere mostrate anche sotto forma di semimatrici triangolari. Possono essere di due tipologie: _____, che deriva dal lavoro di Margareth Dayhoff e che può essere accompagnata da un indice compreso tra 1 e 100/250, e _____, ricavata dal database BLOCKS, che invece non può riportare indici superiori a _____.

Le penalità da attribuire alla inserzione ed estensione dei gap non sono presenti nella matrice VERO FALSO

15) Un grafico dot plot di questo tipo potrebbe indicare



- a) Una grossa inserzione
- b) Una grossa delezione
- c) Un'inversione
- d) Una sequenza palindroma

Un grafico di questo tipo potrebbe essere ottenuto esclusivamente da sequenze nucleotidiche/proteiche. Un'analisi condotta tramite BLASTn non potrebbe individuare/individuerebbe in ogni caso l'allineamento tra le due sequenze anche in questa regione

16) Indicate con degli esempi concreti e non generici, una sequenza input oppure un database di sequenza a piacimento che possano essere validi per le seguenti tipologie di BLAST (NOTA BENE: indicare un esempio specifico vuol dire, ad esempio, "sequenza proteica dell'actina umana" o "UniProt"; indicare genericamente "una sequenza nucleotidica" o "un database proteico" non sarà considerata come risposta valida):

BLASTn – query: _____

BLASTp – database: _____

tBLASTn – query: _____

tBLASTx – database: _____

BLASTx – query: _____

17) Una tabella di questo tipo potrebbe contenere dati relativi a:

	A	C	G	T
01	283.0	73.0	72.0	540.0
02	573.25	70.25	240.25	84.25
03	326.0	128.0	152.0	362.0
04	221.75	72.75	610.75	62.75
05	93.0	46.0	1.0	828.0
06	716.0	163.0	1.0	88.0
07	957.0	4.0	0.0	7.0
08	951.0	2.0	0.0	15.0
09	0.0	176.0	0.0	792.0
10	508.0	0.0	459.0	1.0
11	0.0	0.0	5.0	963.0
12	0.0	0.0	0.0	968.0
13	425.0	0.0	58.0	485.0
14	406.0	0.0	162.0	400.0
15	1.0	364.0	41.0	562.0
16	173.5	85.5	145.5	563.5
17	11.25	58.25	8.25	890.25
18	679.25	5.25	8.25	275.25
19	583.75	38.75	239.75	105.75

- a) Una matrice di sostituzione nucleotidica
- b) Un profilo relativo ad un motivo nucleotidico
- c) Un allineamento multiplo
- d) Un'analisi di selezione positiva

La tabella indica che in posizione 6 il nucleotide osservato più frequentemente è _____ e che in posizione 7 non è possibile osservare

Sulla base delle informazioni contenute nella tabella riportate dunque la sequenza consensus tra la posizione 11 e la posizione 15 compresa:

Questa tabella potrebbe rappresentare una entry del database Hocomoco VERO FALSO

Questa tabella potrebbe rappresentare una entry del database Interpro VERO FALSO

Questa tabella contiene dati utilizzabili per la costruzione di un Hidden Markov Model VERO FALSO

18) Indicate quale tra le seguenti affermazioni relative a PSI-BLAST è errata:

- a) Nella prima fase di analisi utilizza un normalissimo BLASTp
- b) Può essere reiterato N volte
- c) Cerca match solamente all'interno del database PDB
- d) Genera matrici PSSM

19) La localizzazione nucleare di una proteina potrebbe essere rilevata dall'analisi di una sequenza in formato FASTA tramite

- a) DeepLoc
- b) SecretomeP
- c) Phobius
- d) SignalP

20) Il metodo per la predizione di struttura secondaria Chou-Fasman può essere considerato un metodo _____, che raggiungeva un'accuratezza decisamente inferiore a quella dei suoi successori, i metodi iterativi/GOR. L'accuratezza dei metodi di predizione di struttura secondaria viene valutata tramite una misura detta _____, che nel caso di una predizione perfetta dovrebbe tendere dunque a 0/100.

In linea di massima la predizione di regioni ad alfa elica è più complessa rispetto alla predizione di regioni a beta foglietto VERO FALSO