

D biotecnologo DIP. DI MEDICINA CLINICA E MOLECOLARE (1/D BIOTECNOLOGO MEDICO) 13 Dicembre 2021

top/Busta A

Cosa rappresenta il database “gnomAD”

Cosa rappresenta il database “gnomAD”			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale			Sì
Numerazione delle alternative			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	è un database che contiene oltre 15.000 sequenze di interi genomi e oltre 125.000 sequenze di interi esomi		100
B.	è un database che contiene oltre 40.000 sequenze di interi genomi		0
C.	è un database che contiene sequenze di interi genomi e di interi esomi di soli individui affetti da patologie genetiche		0
D.	è un database di popolazione allineato solo su GRCh37		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

F.to La Commissione

Cosa rappresenta il tool bioinformatico CADD?

Cosa rappresenta il tool bioinformatico CADD?			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	tutte le affermazioni precedenti sono corrette		100
B.	CADD è uno strumento per valutare il ruolo delle varianti a singolo nucleotide e delle varianti di inserzione/delezione nel genoma umano		0
C.	un metodo per integrare oggettivamente molte annotazioni diverse in un'unica misura (C score) per ogni variante		0
D.	CADD è un tool bioinformatico che può essere utilizzato per dare priorità alle varianti causali sia in ambito di ricerca che clinico		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
<i>Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)</i>			

fra i principi che hanno ispirato la riforma

fra i principi che hanno ispirato la riforma Gelmini (L.240/2010) vi è :			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	autonomia regolamentare		0
B.	valorizzazione del merito		100
C.	maggiore autonomia amministrativa		0
D.	maggiore autonomia organizzativa		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
	Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):	No	
	Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):	No	
Tag:			
<i>Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)</i>			

F.to La Commissione

In quante classi è possibile classificare una

In quante classi è possibile classificare una SNV (single nucleotide variant)			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	5		100
B.	3		0
C.	2		0
D.	4		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

F.to La Commissione

le Università dispongono

le Università dispongono			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale			Sì
Numerazione delle alternative			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	della personalità giuridica		100
B.	della capacità giuridica		0
C.	della capacità di agire subordinata al controllo dello Stato		0
D.	della capacità di agire		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
	Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):	No	
	Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):	No	
Tag:			
<i>Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)</i>			

F.to La Commissione

Per malattie ad elevata eterogeneità non alle

Per malattie ad elevata eterogeneità non allelica quale risulta essere l'approccio analitico più vantaggioso?			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	pannello target in NGS		100
B.	whole genome sequencing		0
C.	sequenziamento di un singolo gene		0
D.	sequenziamento di un singolo esone		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

Per malattie con elevata eterogeneità alleli

Per malattie con elevata eterogeneità allelica quale risulta essere l'approccio analitico più vantaggioso?		MA	
Punteggio di default:		1	
Alternative in ordine casuale		Sì	
Numerazione delle alternative		a	
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:		No	
Penalità per ogni scelta sbagliata:		33.3	
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	sequenziamento di un singolo gene		100
B.	sequenziamento di un singolo esone		0
C.	pannello target in NGS		0
D.	esoma clinico		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

F.to La Commissione

Quale è la migliore definizione di un file BA

Quale è la migliore definizione di un file BAM?			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	equivalente binario del formato SAM		100
B.	file di varianti		0
C.	allineamento multiplo biallelico		0
D.	formato grezzo dei dati NGS		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
	Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):	No	
	Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):	No	
Tag:			
<i>Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)</i>			

Quale è la migliore definizione di un file VC

Quale è la migliore definizione di un file VCF?		MA	
Punteggio di default:		1	
Alternative in ordine casuale:		Sì	
Numerazione delle alternative:		a	
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:		No	
Penalità per ogni scelta sbagliata:		33.3	
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	file testuale usato in bioinformatica per raccogliere le varianti genomiche		100
B.	file codificante varianti		0
C.	file di allineamento al genoma di riferimento		0
D.	file con varianti descritte in letteratura		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

F.to La Commissione

Quali sono i tools bioinformatici per la pred

Quali sono i tools bioinformatici per la predizione di variazioni nel processo di splicing?			MA
Punteggio di default:			1
Alternative in ordine casuale:			Sì
Numerazione delle alternative:			a
Visualizza il numero delle risposte esatte dopo che la domanda è stata completata:			No
Penalità per ogni scelta sbagliata:			33.3
Codice identificativo:			
#	Risposte	Feedback	Valutazione
A.	Human Splicing Finder, GeneSplicer, NetGene2		100
B.	Human Splicing Finder, MutationTaster		0
C.	Human Splicing Finder, GeneSplicer, SIFT		0
D.	Human Splicing Finder, PolyPhen		0
Feedback generale:			
Per ogni risposta corretta:			
Per ogni risposta errata:			
Per risposte parzialmente esatte:			
Suggerimento 1:			
Visualizza il numero delle risposte esatte (Suggerimento 1):		No	
Pulisci le risposte errate (Suggerimento 1):		No	
Tag:			
Consente l'utilizzo di domande a risposta multipla con una o più risposte esatte. (MC/MA)			

F.to La Commissione