

Domanda 1 (punti 1). Qual è l'obiettivo principale della metagenomica?

- a. Analizzare il genoma di un singolo organismo.
- b. Studiare la diversità genetica di intere comunità microbiche in un ambiente specifico.
- c. Identificare unicamente i virus presenti in un campione ambientale.
- d. Sequenziare esclusivamente i geni responsabili della resistenza agli antibiotici.

Domanda 2 (punti 2). Come vengono conservate le informazioni nel floating gate di un MOS?

- a) Attraverso un campo magnetico generato dal substrato.
- b) Tramite la polarizzazione permanente del dielettrico.
- c) Conservando cariche elettriche intrappolate nel floating gate.
- d) Usando un meccanismo termico per memorizzare il calore.

Domanda 3 (punti 5). Applicare l'algoritmo Needleman-Wunsch (programmazione dinamica) alle stringhe (mostrare anche il 'percorso di risalita'):

Stringa 1: ACTT

Stringa 2: ACCT

Suggerimento: Match Score: +1; Mismatch Penalty: -1; Gap Penalty: -2

Domanda 4 (punti 5). Data la sequenza TATAATTA calcolare la BWT e le tabelle cumulativa dei caratteri FM e la tabella delle occorrenze FM

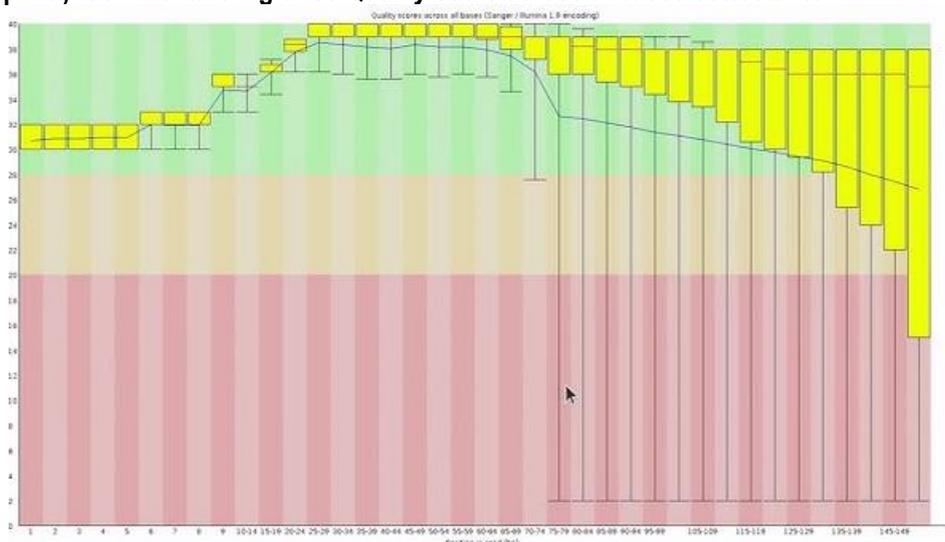
Usare il foglio allegato per riportare i passaggi

Domanda 5 (3 punti). Sia il Grafo Non Orientato (A,B),(A,C),(C,F),(,) ,(F,J),(N,J) ,(I,M),(D,I) ,(E,F),(N,M) ,(I,J) dire se è euleriano e/o hamiltoniano

Domanda 6 (6 punti). Data la reads già suddivise in k-mer=3 TGT, AAT, GGC, TAT, TGC, CTA ricostruire la sequenza costruendo il grafo di de Bruijn e trovando il percorso euleriano

Domanda 7 (5 punti). Date le reads AATT, TGTA, GTAG, TTAA, ATGT applicare l'algoritmo OLC con sovrapposizioni con almeno 1 base uguali e una base non uguale

Domanda 8 (3 punti). Commentare il grafico *Quality score across al bases sottostante* ¹



¹ Per la Pacifici: significa descrivere cosa indica il grafico, qual è il significato dei colori di sfondo, cosa indica la box e i 'baffi' nonché che livello qualitativo ha il campione