

Quesito n.1



Quesito n.2



Quesito n.3



Quesito n.4

Deficit da Mismatch repair (dMMR)

Quesito n.5

Funzione del Quality Trimming

Quesito n.6

Descrizione della stringa CIGAR: 8M2I4M1D3M.

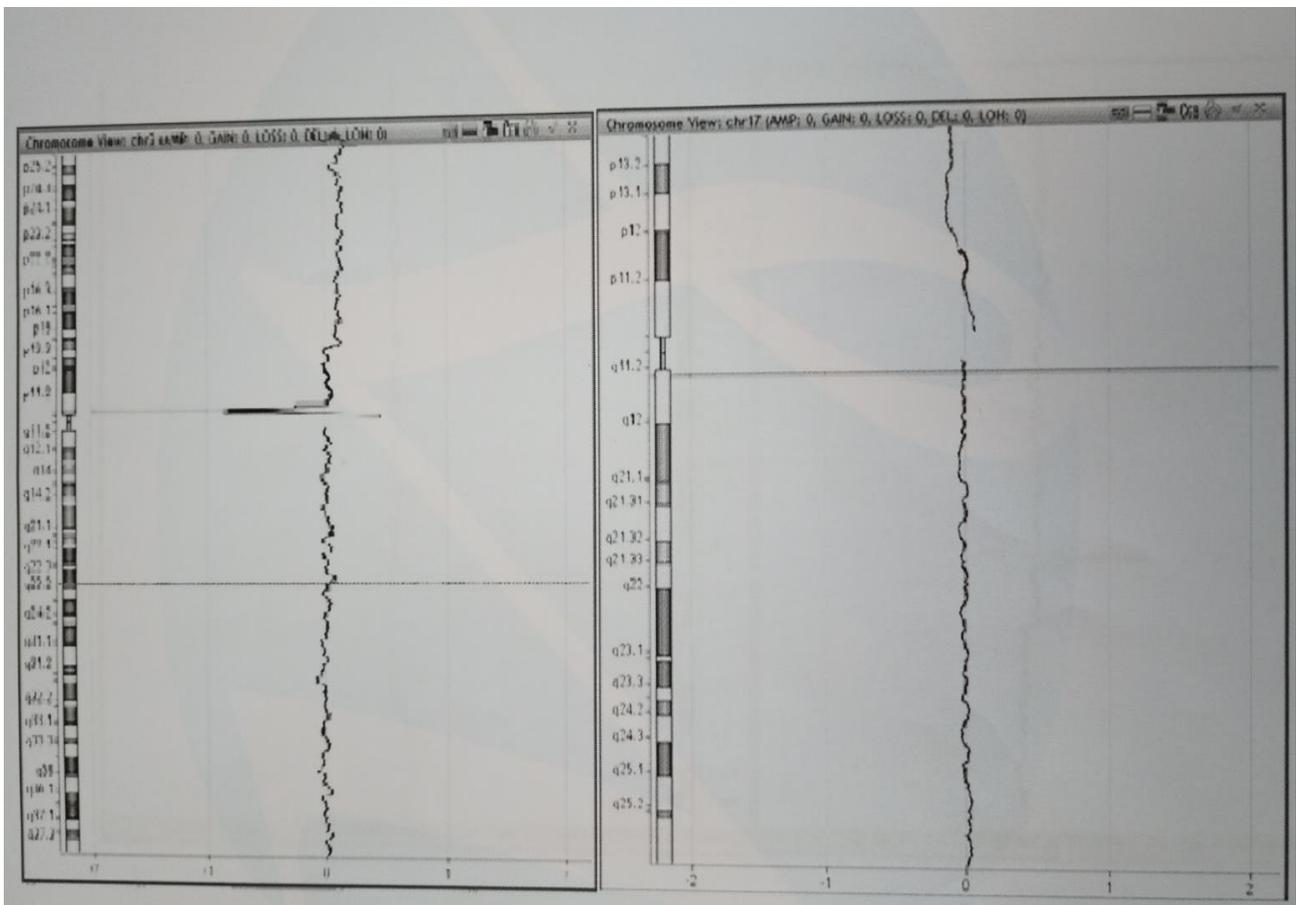
Quesito n.7



Quesito n. 8



Quesito n. 9



Quesito n. 10

Geni mandatori e tipologia di mutazioni nei tumori gastrointestinali (GIST).

Quesito n. 11



Quesito n. 12

Che informazioni ci fornisce e cosa rappresenta il parametro DLRS in un esperimento di Array CGH?

Quesito n. 13

Significato e ruolo del Database of Genomic Variant nella interpretazione di una alterazione riscontrata in un esperimento di Array.

Quesito n. 14

Algoritmo maggiormente utilizzato e suo significato nella analisi delle aberrazioni presenti in un paziente sottoposto ad array-CGH.

Quesito n. 15

Quali sono i limiti della tecnica Array-CGH?

Quesito n. 16

Quali possono essere alcuni dei meccanismi genomici alla base della formazione dei riarrangiamenti identificati mediante Array-CGH?

Quesito n. 17

Il risultato patologico ottenuto mediante esperimento array CGH va sempre confermato? E se sì quali sono le tecniche utilizzate per la conferma?

Quesito n. 18

La monosomia del braccio corto del cromosoma 17 è peculiare delle malattie mieloproliferative o linfoproliferative?

Quesito n. 19

Il gene chimerico BCR-ABL1 in quale patologia può essere presente?

Quesito n. 20

Nelle leucemie linfoblastiche acute il gene KMT2A (MLL) può riarrangiarsi e formare un gene chimerico. Il partner con cui crea tale gene è sempre lo stesso?

Quesito n. 21

Le cellule iperdiploidi sono peculiari solo del mieloma multiplo?

Quesito n. 22

Nella leucemia linfatica cronica qual è il marcatore più frequente se il cariotipo risulta normale?