

Azterketaren lehen zatia
100 galderak + 10 erreserbarako
150 minutu

Adierazi zein den erantzun zuzena:

- 1** Honela osatuta dago giza zelula baten proteoma:
 - a) Ehunka mila proteoforma desberdin, zelulak itzultako proteinen itzulpen ondoko aldaketatik eratorriak.
 - b) Genomatik transkribatutako mRNA guztietatik eratorritako proteinak, splicing alternatibo bidez sortutakoak barne.
 - c) Zelulan itzultako proteina guztiak
 - d) Proteina bat giza genomaren gene bakoitzeko.

- 2** Lagin biologiko bateko proteina-kontzentrazioan, tarte dinamikoa honelakoa izan daiteke:
 - a) 5 magnitude-ordenarainokoa
 - b) 7 magnitude-ordenarainokoa
 - c) 10 edo gehiago magnitude-ordenarainokoa
 - d) Tarte dinamikoa ez da ezagutzen.

- 3** Analisi proteomikoan erabiltzen diren peptido mailako bereizketa-tekniketan, honako hauek sartzen dira:
 - a) Elektroforesia poliakrilamida-SDSzko gelean
 - b) Afinitate-kromatografia
 - c) Ultrairagazketa bidezko kontzentrazioa
 - d) Masa-espektrometria

- 4** Masa-espektrometrian eta antigorputzen erabileran oinarritutako analisi proteomikoko tekniken arteko desberdintasun nagusiak hauek dira:
 - a) Antigorputzetan oinarritutako metodoek bakarrik ematen dute aukera analisi gidatuak egiteko
 - b) Antigorputzetan oinarritutako metodoak ez dira, oro har, MSan oinarritutakoak bezain sentikorrak
 - c) Masa-espektrometrian oinarritutako metodoek, kasu askotan, espezifikotasun handiagoa dute
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira

- 5** Analisi proteomikorako lagina prestatzeko protokolo batean, zein litzateke hurrenkera egokia etapa hauetan? A: tripsina bidezko digestioa; B: azido trikloroazetiko/azetona bidezko hauspeatzea; C: SDS-PAGE bidezko bereizketa; D: Urea/CHAPS bufferrean sonikatzea
- a) A, B, C, D
 - b) D, A, C, B
 - c) D, B, C, A
 - d) C, D, B, A
- 6** Analisi proteomikorako zelula-proteinen aterakinak prestatzeko, askotan, sonikazio-urrats bat behar izaten da. Urrats horren helburu nagusia hau da:
- a) Zelula-mintzak erabat hausten direla ziurtatzea
 - b) Nukleotido-kateak zati laburretan haustea
 - c) Osagai lipidikoen disolbagarritasuna ziurtatzea
 - d) Zelulan dauden konplexu proteikoak haustea
- 7** Esperimentu batean, proteina birkonbinatu bat His-tag batekin araztu da IMAC-Ni zutabe batean, zeina 50 mM Tris, 1 M imidazol buffer batekin eluitu baita. Tripsina bidezko digestioa egin aurretik, imidazolaren kontzentrazioa 10 mM-eraino murriztu nahi da, 3 kDa-eko cutoff ultrairagazketa-gailu bat erabiliz. Hori lortzeko, hau egin dezakegu:
- a) 100 mikrolitro lagin 1 mL-raino diluitu 50 mM Tris bufferrarekin, eta ultrairagazketa bidez berriz ere jatorrizko bolumeneraino kontzentratu
 - b) a) atalean azaldutako prozesua beste behin errepikatu.
 - c) a) atalean deskribatutako prozesua hiru aldiz egin.
 - d) Imidazola ezin da ezabatu prozedura horren bidez
- 8** Ehun-lagin batetik proteinak erazteko, urea 6 M-a eta % 1 SDS dituen buffer bat erabili da. Ondoren, ultrairagazketa-gailu bat erabili da proteina-aterakina 20 bat aldiz kontzentratzeko. Ondoren egingo den analisisan, 10 kDa-eko masa molekularreko intereseko proteina baten kontzentrazioa neurtu nahi da. Hala ere, ez da lortu proteina hori aurkitzea laginetan. Zerk eragin ote du emaitza negatibo hori?
- a) 3 kDa-eko cutoff ultrairagazketa-gailu bat erabili da
 - b) Urearen kontzentrazio handia zegoen ultrairagazketan
 - c) SDSaren kontzentrazio handia zegoen ultrairagazketan
 - d) Aurrekoetako bat ere ez da zuzena

- 9** Proteinen digestio entzimatikoa ohiko urrats bat da analisi proteomikorako lagina prestatzeko. Digeritu proteiko bat prestatzeko
- a) proteinek disoluzioan egon behar dute
 - b) kate polipepidikoen aminoazido jakin batzuetan espezifikoki ebakitzen duen proteasa bat erabili behar da
 - c) hasieran, disulfuro-zubiak murriztu ohi dira, eta, ondoren, zisteinak alkilatuz blokeatzen dira.
 - d) aurreko guztiak zuzenak dira
- 10** Aterakin proteiko baten digestio triptikoa egiteko, beharrezkoa da hau ziurtatzea:
- a) digestiorako gehitzen den tripsina kantitatea gutxienez 1:5 proportzian dagoela pisan, guztizko proteinaren kantitatearekiko.
 - b) digestio-ingurunearen pH-a 7-8 tartean dagoela
 - c) bufferrean urearen amaierako kontzentrazioak 0,1 M baino txikiagoa izan behar duela
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira
- 11** Proteina batek sekuentzia peptidiko C-terminal hau du:
HIPLEKKRSTRRAMVILEGGARKKSPAKGGVNEHIVFSAALDV. Proteina horren fosforilazioa aztertu nahi duzu. Nola egingo zenuke digestio entzimatikoa?
- a) Tripsina erabiliz
 - b) Arg-C eta Lys-C proteasen nahastura bat erabiliz
 - c) Glu-C proteasa erabiliz
 - d) Glu-C eta Lys-C proteasen nahastura bat erabiliz
- 12** Digeritu proteiko bat C18 (ZipTip) alderantzizko faseko mikrozutabe batean arazteko:
- a) Araztu beharreko digeritu kantitaterako edukiera egokia duen mikrozutabe bat aukeratu behar da.
 - b) laginak buffer batean disolbatuta egon behar du, non azenonitriloa gutxienez % 20 baita
 - c) lagina kargatu aurretik, mikrozutabea azetonitrilo-TFA fasearekin orekatu behar da.
 - d) aurreko guztiak zuzenak dira.
- 13** Elektroforesi bidimentsionaleko gel batean
- a) proteina ukigabeak bereizten dira
 - b) peptido triptikoak bereizten dira
 - c) orban bakoitza proteina bakar bati dagokio
 - d) proteina bakoitza orban bakarrean dago



- 14** Lagin bat masa-espektrometria bidez analizatzeko, zelula-aterakin bat digeritu dugu. Beraz, hau EZIN DUGU erabili:
- a) 2D elektroforesia eta zatiki peptidikoaren aztarna bidezko identifikazioa
 - b) kromatografia bidimentsionala eta SRM/MRM teknika
 - c) ioi-trukeko kromatografia eta LC-MS/MS metodoa
 - d) haietako bat ere ez
- 15** 2D elektroforesi bidezko analisi proteomikorako lagina prestatzeko, beharrezkoa da:
- a) Tris edo HEPES motako buffer kontzentratu bat gehitzea laginaren pH-a doitzeko
 - b) Lagineko polinukleotido molekulak ezabatzea
 - c) Proteinak detergente ioniko batekin disolbatzea
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira
- 16** Espresio diferentzialeko esperimendu bat egin nahi dugu DIGE bidez. Horretarako:
- a) gel bakoitza fluoroforo desberdin batekin markatuko dugu
 - b) lagin bakoitza fluoroforo desberdin batekin markatuko dugu
 - c) laginak elkartu eta, ondoren, hiru fluorofororekin markatuko ditugu
 - d) Elektroforesiaren ondoren, lagin bakoitza fluoroforo desberdin batekin markatuko dugu
- 17** Espresio diferentzialeko esperimendu bat egin nahi dugu DIGE bidez, 4 lagin-errepikari dagozkien 8 lagin konparatzeko bi baldintza desberdinetan, A eta B. Esperimendua egiteko, beharrezkoa da
- a) Elektroforesi bidimentsionaleko 8 gel egitea.
 - b) Baldintza bakoitzerako fluorokromo desberdina duen markaketa bat erabiltzea.
 - c) Lagin guztien pool bat egitea barne-patroi gisa erabiltzeko.
 - d) Bi baldintzetako bakoitzaren laginetarako elektroforesi bidimentsionaleko gel bat egitea.
- 18** Hauetako zein dira irudia aztertzeko tresnak 2D elektroforesiko esperimenduetarako?
- a) MaxQuant eta Mascot
 - b) Progenesis SameSpots eta Decyder
 - c) Peaks eta Xcalibur
 - d) Proteome Discoverer eta Progenesis SameSpots

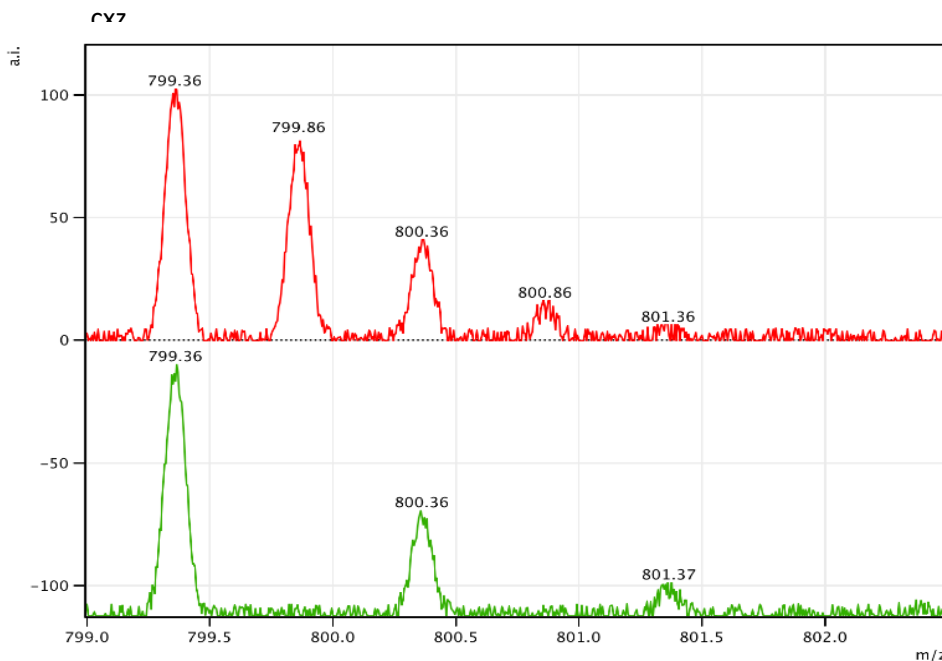
19 2D elektroforesiko esperimentu batetik ateratako irudietatik abiatuta proteomen konparazio kuantitatiboa egiteko

- Gelen proteina-orbanak lerrokatu behar dira, eta masa molekularren arabera mugikortasun elektroforetikoa dauden distorsioak zuzendu.
- Gelen proteina-orbanak lerrokatu behar dira, eta bereizketaren lehenengo dimentsioan mugikortasun elektroforetikoa dauden distorsioak zuzendu.
- Ziurtatu behar dugu erabilitako tindaketak ez dituela asetzen intentsitateak.
- Aurreko guztiak

20 Masa-espektrometro baten doitasuna honi dagokio:

- neurtutako balioaren eta balio errealaren arteko hurbiltasuna
- bata bestetik oso hurbil dauden bi masaren artean bereizteko gaitasuna
- oso kontzentrazio txikiko konposatuak detektatzeko gaitasuna
- zenbait neurketaren balioen arteko erreproduzigarritasuna

Irudian, bi peptidoren masa-espektro zabaldua ageri da: A (goikoa) eta B (behekoa). Erantzun galdera hau (20tik 25era):



21 Zergatik daude zenbait gailur espektroetan?

- peptidoek ezpurutasunak dituztelako
- peptidoek aldaketak dituztelako
- peptidoen elementuek isotopo desberdinak dituztelako
- peptido bakoitza zenbait kargarekin ionizatzen delako

22 Zergatik da desberdina gailurren arteko tartea bi espektroetan?

- a) 2 peptidoen karga desberdina delako
- b) A peptidoak kutsatzaile gehiago dituelako
- c) 2 peptidoen masa desberdina delako
- d) peptido bakoitzak gailur-patroi espezifiko bat duelako

23 A eta B peptidoen masari dagokionez

- a) A peptidoaren masa B-ren masa halako bi da, gutxi gorabehera.
- b) A peptidoaren masa B-ren masaren erdia da, gutxi gorabehera.
- c) bi peptidoek masa bera dute
- d) masa-erlazioa zehazteko informazioa falta da

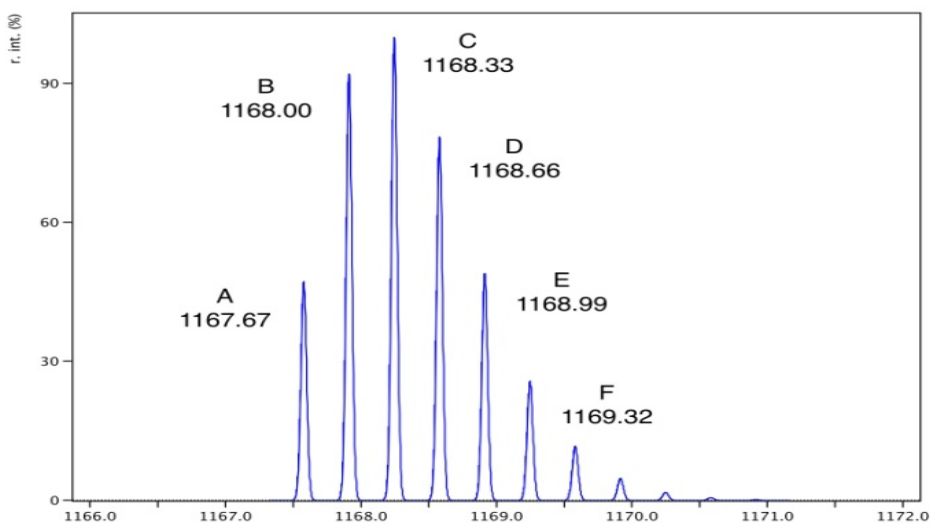
24 Zein da A peptidoaren karga?

- a) 1
- b) 2
- c) 3
- d) Ezin da zehaztu

25 Zein da B peptidoaren karga?

- a) 1
- b) 2
- c) 3
- d) Ezin da zehaztu

Beheko irudian, peptido bati dagokion espektro zabaldua ageri da. Erantzun galdera hauetara (26tik 30era)



- 26** Zer adierazten du gailur bakoitzak?
- a) peptidoaren aldaketak
 - b) peptido bera, baina karga desberdinekin
 - c) peptido bera, baina isotopo desberdinekin
 - d) peptido bera, baina protoi kopuru desberdinarekin
- 27** Zein da gailur monoisotopikoa?
- a) A
 - b) C
 - c) F
 - d) haietako bat ere ez
- 28** Zer gailur dagokio batez besteko masari?
- a) A
 - b) B
 - c) C
 - d) haietako bat ere ez
- 29** Zein da peptidoaren karga?
- a) 1
 - b) 2
 - c) 3
 - d) ezin da zehaztu
- 30** Zein da peptidoaren masa?
- a) 1167,67
 - b) 3500,01
 - c) 3503,01
 - d) ezin da zehaztu
- 31** A masa-espektrometro batean, $m/z = 1000$ Da-eko ioi bati dagokion seinaleak 0,1 Da-eko zabalera du. Bigarren B tresna batean, $m/z = 10000$ Da-eko ioi baten seinalearen zabalera 0,5 Da da. Datu horien arabera:
- a) A tresnak B tresnak baino bereizmen handiagoa du
 - b) B tresnak A tresnak baino bereizmen handiagoa du
 - c) Bi tresnek bereizmen bera dute
 - d) Bi tresnen bereizmena ezin da konparatu



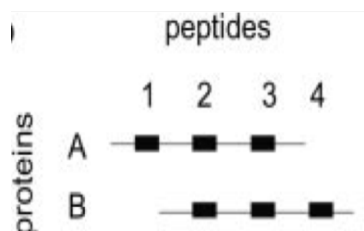
- 32** Hegaldi-denbora (TOF) hau da:
- a) masa-analizatzaile bat
 - b) ionizazio mota bat
 - c) pultsukako laser bat
 - d) analisi mota bat
- 33** Kuadrupolo motako analizatzaile bat
- a) 1 Da baino masa/karga maila txikiagoko ioientzako iragazki gisa erabil daiteke
 - b) Ezin da erabili MS espektro oso bat lortzeko
 - c) Ioiak bereizi ditzake gehienezko m/z mugarik gabe
 - d) MS3ko esperimentuak egiteko aukera ematen du
- 34** Masa/karga neurketan, masa-analizatzaile hauetatik zeinek lortzen du bereizmen handiena?
- a) Kuadrupoloa
 - b) Hegaldi-denbora (TOF)
 - c) Tranpa ioniko lineala
 - d) 3D tranpa ionikoa
- 35** MALDIri buruz hitz egiten dugunean, hau aipatzen ari gara:
- a) ionizazio-metodo bat
 - b) masa-analizatzaile bat
 - c) tresna bat
 - d) metodo kuantitatibo bat
- 36** 20 kDa-eko masa molekularreko proteina baten lagin bat MALDI-TOF MS bidez aztertzeko, zer matrize erabiliko zenuke lagina prestatzeko?
- a) azido alfa-ziano-hidroxi zinamikoa
 - b) azido dihidroxibentzoikoa
 - c) azido sinapinikoa
 - d) azido 3-hidroxi pikolinikoa
- 37** MALDI-TOF tresna batean peptido-nahastura baten masa-espektroa eskuratzeko
- a) Masa-neurketan zehaztasun handiagoa lortuko dugu espektroa erreflektore moduan eskuratuta
 - b) Bereizmen handiagoa lortuko dugu espektroa modu linealean eskuratuta
 - c) Hobe da espektroa polaritate negatiboan eskuratzea (karga negatiboko ioiak)
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira



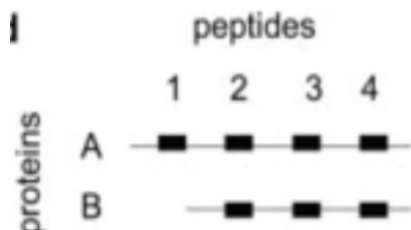
- 38** Zatiki peptidikoaren aztarna bidezko identifikazioaz ari garenean, zer esan nahi dugu?
- a) peptidoen sekuentzian oinarritutako identifikazio bat
 - b) peptidoen eluzio-denboran oinarritutako identifikazio bat
 - c) peptidoen zatikatzean oinarritutako identifikazio bat
 - d) peptidoen masan oinarritutako identifikazio bat
- 39** Giza lagin baten zatiki peptidikoaren aztarna bidezko identifikazioko esperimentu batean ez dugu emaitza positiborik lortu, nahiz eta kalitate oneko espektra izan. Segur aski, hau izango da arrazoia:
- a) hiru proteinaren nahastura bat da
 - b) ez dugu taxonomia finkatu bilaketa egitean
 - c) lagina ez dugu lortu 2D elektroforesi baten bidez
 - d) proteina ez dago datu-basean
- 40** Proteina bat zatiki peptidikoaren aztarnaren metodoaren bidez identifikatzeko, parametro hauetako zein da nahitaez zehaztu beharrekoa bilaketa-motorrean?
- a) Identifikatu nahi dugun proteinaren jatorria den organismoaren talde taxonomikoa
 - b) Proteinaren gutxi gorabeherako masa
 - c) Proteina digeritzeko erabili den entzima
 - d) Zisteinak blokeatzeko erabili den aldaketa
- 41** Peptido-nahastura baten alderantzizko faseko kromatografia batean
- a) peptidorik hidrofobikoenak eluitu egiten dira kromatografiaren amaieran
 - b) peptidorik laburrenak eluitu egiten dira kromatografiaren hasieran
 - c) bereizteko ahalmena zutabearen luzeraren araberakoa baino ez da
 - d) erantzun guztiak zuzenak dira
- Metodo kromatografiko orokor bat dugu peptido triptikoak alderantzizko faseko kromatografia bidez analizatzeko. Metodo horrek % 5etik 35era bitarteko gradientea egiten du, azetonitriloa ur-disoluzioan eta % 0,1 azido formikoa erabiliz, 90 minutuan, 300 nL/min-ko emariarekin. Nola aldatu beharko genuke metodo hori analisi mota hauetarako? (48., 49. eta 50. galderak).
- 42** Fosfopeptidotan aberastutako lagin baten analisisa TiO_2 -a erabiliz
- a) Gradiente-denbora 180 minutura handituta
 - b) Azetonitriloaren amaierako ehunekoa % 50era handituta
 - c) Gradiente azetonitriloaren % 0an hasita
 - d) Aurreko guztiak.

- 43** Asp-N proteasarekin digeritutako lagin baten analisia, zeinean tripsina bidezko digestioan sortutakoak baino peptido batez beste luzeagoak lortzen baitira.
- a) Gradiente-denbora 30 minutura gutxituta
 - b) Zutabearen tenperatura 40 °C-ra igota
 - c) Azetonitriloaren amaierako ehunekoa % 60ra handituta
 - d) Lagin kantitate lau aldiz txikiagoa injektatuta
- 44** Proteina birkonbinatu araztu baten digeritu triptiko baten analisia
- a) Gradientea aldatuta azetonitriloaren ehunekoa % 0tik % 80ra alda dadin
 - b) Gradiente-denbora 15 minutura gutxituta
 - c) Zutabearen kantitate 100 aldiz txikiago bat injektatuta
 - d) Emaria 100 mikrolitro/min-ra handituta
- 45** ESI terminoa honi dagokio:
- a) tresna bati
 - b) ionizazio mota bati
 - c) masa-analizatzaile bati
 - d) masa-detektatzaile bati
- 46** Elektrospray bidezko ionizazioan
- a) Ioiak disoluzioan sartzen dira masa-espektrometroan
 - b) 10 kDa baino masa handiagoko proteinak ezin dira ionizatu
 - c) Karga anizkoitzeko ioiak sortu ohi dira
 - d) Aurreko guztiak
- 47** Nano-elektrospray ionizazio-iturri bat duen LC-MS ekipamendu batean, MS seinalearen galera-arazoak ditugu. Zein izan liteke arazoaren zergatia?
- a) elektrosprayaren igorleari aplikatutako tentsioa baxuegia da
 - b) kromatografian erabilitako fase mugikorrek azido trifluoroazetikoa dute
 - c) konexio akastun batek aire-burbuilak sortzen ditu
 - d) aurreko guztiak
- 48** Tandem masa-espektrometriako esperimentuak (MS-MSko esperimentuak):
- a) bi isotopo desberdinekin markatutako proteinen kuantifikazioan oinarritzen dira
 - b) proteina gas noble baten bidez zatitzean dautza
 - c) peptidoak Edman-en teknologiaren bidez sekuentziaztean dautza
 - d) ioi aitzindari bat zatitzean oinarritzen dira haren aminoazido-sekuentziari buruzko informazioa lortzeko

- 49** Zer dira y serieko ioiak?
- a) peptido bat zatitu ondoren sortutako zati C-terminalak
 - b) peptido bat zatitu ondoren sortutako zati N-terminalak
 - c) peptido bat zatitu ondoren sortutako karga bikoitzeko zatiak
 - d) peptido bat zatitu ondoren sortutako karga hirukoitzeko zatiak
- 50** Zer da peptido baten zatitze-espektroa?
- a) masa-espektro bat zatitzea, xeheago aztertze
 - b) masa-espektro bat
 - c) talka-ganberan sortutako peptido zatien espektroa
 - d) tratamendu kimiko bidez sortutako peptido zati bakoitzaren espektroa
- 51** Zer dira b serieko ioiak?
- a) peptido bat zatitu ondoren sortutako zati C-terminalak
 - b) peptido bat zatitu ondoren sortutako zati N-terminalak
 - c) peptido bat zatitu ondoren sortutako karga bikoitzeko zatiak
 - d) peptido bat zatitu ondoren sortutako karga hirukoitzeko zatiak
- 52** *de novo* sekuentziazioan
- a) zatitze-espektro baten informazioa erabiltzen da datu-baseetan peptido baten sekuentzia bilatzeko
 - b) zatitze-espektro baten informazioa erabiltzen da peptido baten sekuentzia deduzitzeko
 - c) peptidoen masatik abiatuta lortzen da proteinaren sekuentzia
 - d) masa-espektro batetik abiatuta lortzen da proteinaren sekuentzia
- 53** Peptido triptiko baten CID motako MSMS zatitze-espektroan:
- a) Batez ere y eta b serieetako ioiak ikusten dira
 - b) Ez da behatzen bi lotura peptidiko baino gehiago haustearen ondorio den ioirik
 - c) intentsitate handieneko ioiak b seriekoak dira
 - d) ioirik ugariak c eta z seriekoak dira.
- 54** LC-MS/MS esperimendu batean, beheko eskemaren arabera bi proteinari esleidi dakizkiekeen 4 peptido identifikatu ditugu. Beraz:
- a) A proteinaren presentziaren ebidentzia besterik ez dugu
 - b) B proteinaren presentziaren ebidentzia besterik ez dugu
 - c) Bi proteinen presentziaren ebidentzia dugu
 - d) Ez dugu inongo proteinaren presentziaren ebidentziarik



- 55 Lagin bat prozesatzeko, akrilamida erabili dugu, iodoazetamidaren ordez, zisteinak blokeatzeko. Proteinak identifikatu ahal izango ditugu?
- ez, iodoazetamida baino ezin da erabili zisteinak aldatzeko
 - ez, masa desberdina dutelako
 - bai, baina soilik zatiki peptidikoaren aztarna bat bada
 - bai, bilaketa-motorrean adierazi besterik ez dugu
- 56 LC-MS/MS esperimantu batean, beheko eskemaren arabera bi proteinari esleia dakizkiekeen 4 peptido identifikatu ditugu. Beraz:
- A proteina bakarrik identifika daiteke ziurtasunez
 - B proteina bakarrik identifika daiteke ziurtasunez
 - bi proteinak ziurtasunez identifika daitezke
 - proteinetako bat ere ezin da ziurtasunez identifikatu



- 57 Zer da *decoy* datu-base bat?
- DNA sekuentzietatik abiatuta deskodetutako proteinen datu-base bat
 - organismo baten proteinak bakarrik utzi ditugun datu-base bat
 - fikziozko proteinen sekuentziak dituen datu-base bat
 - proteina kutsatzaile posibleen sekuentziak gehitu dizkiogun datu-base bat
- 58 Proteina araztu baten LC-MSMS analisia egin dugu itsas molusku jangarri baten alergeno posible gisa. Proteina hori identifikatzen saiatzeko, zein litzateke datu-baserik onena bilaketa egiteko?
- UniProt-SwissProt
 - UniProt-SwissProt, taxonomia "Other Metazoa" atalera murriztuta
 - NCBI
 - NCBI, taxonomia "Other Metazoa" atalera murriztuta



- 59** Datuen mendeko eskuratzea duten LC-MS/MS esperimentuetan:
- MSMS zatitze-espektroak baino ez dira eskuratzen
 - kromatografian bereizitako peptido guztiak zatitzen dira
 - MS espektroak eta MSMS zatitze-espektroak txandaka eskuratzen dira
 - 1 karga duten ioiak soilik hautatzen dira zatitzeko.
- 60** Datuen mendeko eskuratzea duen LC-MS/MS esperimentu batean:
- Beharrezkoa da laginaren espektro-liburutegi bat egitea, DDA analisiaren bidez, emaitzak interpretatu ahal izateko
 - Kromatografian bereizitako peptido guztien informazio kuantitatiboa lor daiteke
 - Proteina gehiago identifikatzen dira DDA analisi batean baino
 - Identifikatutako proteina bakoitzerako peptido kopuru bera kuantifikatzen da.
- 61** LC-MS/MS esperimentu batean peptido jakin baten profil kromatografikoa lor daiteke (Extracted Ion Chromatogram, XIC). Horretarako
- esperimentu bat egin behar dugu peptido bakoitzarentzat
 - kromatografian lortutako MS espektro bakoitzaren peptidoari dagokion masa-tartearen intentsitatea atera behar dugu
 - kromatografian lortutako MS/MS espektro bakoitzaren peptidoari dagokion masa-tartearen intentsitatea atera behar dugu
 - intereseko peptidoen m/z erlazioa zehaztu behar dugu esperimentuaren aurretik
- 62** LC-MS kromatograma batean lortutako MS seinaleak analisi kuantitatiborako erabiltzeko
- Gutxienez 10 masa-espektro inguru hartu behar dira peptido bakoitzaren eluzio-gailur kromatografikoan zehar.
 - Kuantifikatu nahi ditugun peptido guztiek atxikitze-denbora desberdinak izan behar dituzte.
 - Zenbait karga-egoera desberdinekin ionizatzen diren peptidoak ezin dira kuantifikatu.
 - Aurreko guztiak zuzenak dira

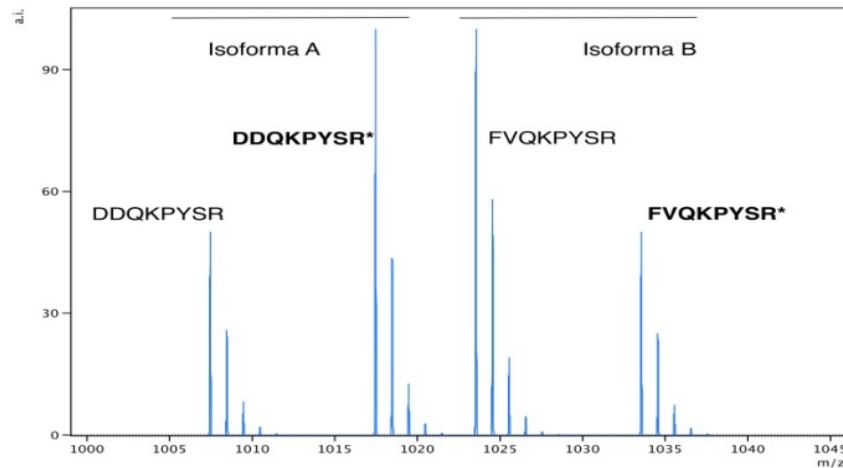
- 63** LCMS analisi batean, 456,3 Da-eko masa/karga bati EIC bat egitean, kromatograma bat lortzen da, non hiru gailur kromatografiko desberdin bereizten baitira, atxikitzenbora desberdinarekin. Nola jakin zenezake zer gailur dagokion kuantifikatu nahi duzun peptidoari?
- a) Hiru gailurretako bakoitzean lortutako MS espektroetan ikusitako banaketa isotopikoa konparatuta
 - b) Azalerarik handieneko gailurra izango da, ziur asko, intereseko peptidoarena.
 - c) LC-MS analisian eskuratutako MSMS espektroetatik peptidoa identifikatzeko datuetatik abiatuta
 - d) Ezinbestekoa litzateke erreferentziako peptido patroï baten analisiaren kromatograma bat izatea
- 64** Zenbaketa espektral bidezko analisi proteomiko kuantitatiboan:
- a) Proteina bati esleitutako MSMS espektroen kopurua erabiltzen da haren ugaritasunaren neurri gisa.
 - b) Neurri kuantitatibo gisa, proteina batentzat identifikatutako peptidoen kopuruaren eta proteina horren masa molekularren arteko zatidura erabiltzen da.
 - c) Proteina bakoitzarentzat identifikatutako peptidoen kopurua erabiltzen da laginean duen ugaritasunaren neurri gisa
 - d) Identifikatutako proteina guztiei buruzko informazio kuantitatibo fidagarria lor daiteke
- Kontaketa espektral bidezko kuantifikazio erlatiboko esperimentu batean, bi baldintza desberdinetan —kontrol-zelulak (3 lagin) eta farmako batekin tratatutako zelulak (3 lagin)— lortutako lagin-proteomak konparatzen dira. Erantzun galdera hauei (65-66).
- 65** Intereseko proteina batentzat (A), batez beste 4 spectral count neurtu dira kontrol-laginetan eta 8 lagin tratatuetan. Ondorio hauek atera ditzakegu:
- a) Proteina horren ugaritasuna bi aldiz handiagoa da lagin tratatuetan kontrolekoetan baino
 - b) Ezin da konparazio kuantitatiborik egin proteina horrentzat
 - c) Ziur asko, A proteinaren ugaritasuna handiagoa da lagin tratatuetan kontrolekoetan baino
 - d) Erantzunetako bat ere ez da zuzena
- 66** B bigarren proteina batentzat, behatutako spectral count-eko zenbakiak 20 eta 40 dira, hurrenez hurren. Beraz:
- a) B proteina ugariagoa da lagin tratatuetan kontrolekoetan baino
 - b) Lagin tratatuen eta kontrolekoen arteko ratioa 2 ingurukoa da ziurrenik
 - c) B proteina A proteina baino ugariagoa da bi lagin motetan
 - d) Erantzun guztiak zuzenak dira

- 67** Zenbaketa espektral izeneko konparazio proteomiko kuantitatiboaren metodoa honetan oinarritzen da:
- a) LCMS analisi batean, proteina bakoitzarentzat behatutako peptidoen kopurua haien ugaritasunarekiko proportzionala da.
 - b) LCMS analisi batean, proteina baten peptidoei esleia dakizkiekeen MSMS espektroen kopurua haren masa molekularrekiko proportzionala da
 - c) LCMS analisi batean, proteina baten peptidoei esleia dakizkiekeen MSMS espektroen kopurua nahasturan duen proportzio molarrekiko proportzionala da
 - d) LCMS analisi batean, proteina baten peptidoei esleia dakizkiekeen MSMS espektroen kopurua nahasturan duen pisu-proportzioarekiko proportzionala da
- 68** *label-free* kuantifikazio-esperimentu bat egiteko
- a) kuadupolo hirukoitz bat behar dugu
 - b) peptido guztiak isotopo egonkorrez markatuta eduki behar ditugu
 - c) lagin bakoitza modu independentean analizatu behar dugu
 - d) laginak elkartu behar ditugu analisia egin aurretik
- 69** Markaketa oinarriturik gabeko analisi proteomiko kuantitatiborako, kontuan hartu behar da hau:
- a) Komeni da peptidoek kromatogrametan dituzten atxikipen-denbora kromatografikoak oso erreproduzigarriak izatea.
 - b) Lagin bakoitzaren kantitate berdin-berdinak analizatu behar dira.
 - c) Ezinbestekoa da peptido bakoitza lagin bakoitzean identifikatuta egotea.
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira
- 70** Markaketa isotopiko ez-isobarikoan oinarritutako analisi proteomikoan:
- a) Kuantitatiboki konparatu nahi diren proteomak isotopo erradioaktiboekin markatzen dira.
 - b) Esperimentu batean bi lagin desberdin baino ezin dira konparatu.
 - c) Laginen peptido guztiek bereizteko balio duen markaketa isotopikoa dute.
 - d) Aurreko erantzunetako bat ere ez da zuzena
- 71** Markaketa isotopiko ez-isobarikoan oinarritutako analisi proteomikoko teknikan:
- a) Analisisian identifikatutako proteina guztien informazio kuantitatiboa lortzen da
 - b) Konparatu beharreko proteomen laginak nahasi eta batera analizatzen dira
 - c) 2tik beherako ugaritasun-ratioak ezin dira modu fidagarrian neurtu
 - d) Proteina bakoitza kuantifikatzeko, analisisian identifikatutako hiru peptidorik ugarienak erabiltzen dira.



- 72** Markaketa isotopiko ez-isobarikoan oinarritutako analisi proteomikoko teknikan:
- a) Analisi bakoitzean konpara daitekeen lagin-kopurua oso mugatua da
 - b) Lortzen den informazioa erdikuantitatiboa baino ez da
 - c) Erabilitako markaketa isotopiko desberdinak dituen peptido baten formek atxikitzen denbora desberdinak izan ohi dituzte kromatografian
 - d) Kuantifikazioaren oinarri diren peptido markatuen kopurua berdina da kuantifikatutako proteina guztientzat.
- 73** Ikerketa-proiektu batean, tratamenduari erantzuten dioten eta ez dioten pazienteen tumoreen proteoman dauden desberdintasunak aztertu nahi ditugu. Horretarako, zenbait pazienteren biopsia-laginak ditugu. Zer metodo kuantitatibo EZIN dugu erabili?
- a) iTRAQ
 - b) SILAC
 - c) DIGE
 - d) label-free
- 74** SILAC analisi proteomiko kuantitatiboaren metodoan
- a) Analizatutako proteomako lisina- eta arginina-hondakin guztiak isotopikoki markatu behar dira
 - b) LCMS analisi bakar batean gehienez hiru proteoma konpara daitezke kuantitatiboki
 - c) Konparatu nahi diren laginak LC-MS bidez analizatu aurretik soilik nahas daitezke
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira

- 75** SILAC kuantifikazio-esperimentu bat egin dugu, farmako baten efektua zehazteko. Horretarako, ^{13}C eta ^{15}N -ez markatutako arginina (R) duen ingurune batean hazitako zelulei gehitu diegu farmakoa. Farmakorik gabeko zelulak markatu gabeko ingurune batean hazi dira. Proteina baten bi isoformetako (A eta B) bakoitzaren peptido espezifikoa bat aurkitu dugu, espektroan adierazten den bezala. Zer ondorio da egiazkoa, espektrotik abiatuta?



- a) farmakoak bikoiztu egiten du A isoformaren ugartitasuna
 b) farmakoak bikoiztu egiten du B isoformaren ugartitasuna
 c) ezin dugu jakin isoformen ugartitasunean aldaketarik gertatzen den, peptido desberdinak direlako
 d) bi isoformak antzera aldatzen dira
- 76** Gainera, ondorio hau ere atera dezakegu:
- a) A isoforma B isoforma baino bi aldiz ugariagoa da tratamenduaren aurretik
 b) B isoforma A isoforma baino bi aldiz ugariagoa da tratamenduaren aurretik
 c) bi isoformen ugartitasuna berdina da tratamenduaren aurretik
 d) espektrotik abiatuta ezin dugu jakin isoformen ugartitasun erlatiboa
- 77** iTRAQ bidezko kuantifikazioari dagokionez:
- a) ez da beharrezkoa lagina markatzea
 b) proteina osoak kuantifikatzen ditu
 c) MS espektroen informazioarekin egiten da
 d) MS/MS espektroen informazioarekin egiten da



- 78** Proteomika kuantitatiboko ITRAQ esperimentu batean:
- Markaketa lagin bakoitzaren aterakin proteikoetan egiten da.
 - Konparatu nahi diren proteomak tripsina bidez digeritu ondoren egiten da markaketa
 - Pazienteen plasma-laginak ezin dira markatu.
 - Kuantifikazioa identifikatutako peptido bakoitzaren MSko seinalean oinarritzen da.
- 79** Analisi proteomiko kuantitatiboko esperimentu batean TMT erreaktiboak erabiltzen badira, zein izango litzateke hurrenkera zuzena prozesuaren etapa hauetan: A: LCMSMS analisia; B: TMT erreaktiboekin markatzea; C: digestio triptikoa; D: alderantzizko faseko kromatografia bidezko zatitzea, pH = 10 izanik
- D;C;B;A
 - C;D;B;A
 - B;C;D;A
 - C;B;D;A
- 80** Itzulpen ondoko aldaketak dituzten peptidoak analizatzeko:
- ETD bidez MSMS zatiketa egiteko gai den ekipamendua eduki behar da
 - Aldaketa posible guztiak sartu behar dira bilaketa-motorraren parametroetan
 - LCMSMS analisia egin aurretik, ezinbestekoa da peptido aldatuak aberastea
 - Beharrezkoa da proteinen digestio entzimatikoa egitea zenbait entzima erabiliz
- 81** Proteinen itzulpen ondoko aldaketen analisian:
- Itzulpen ondoko aldaketak dituzten peptidoak identifika daitezke, baina ezin da kuantitatiboki konparatu peptido horiek lagin batzuetan duten ugaritasuna.
 - Peptido aldatu guztien aldaketaren proportzio erlatiboari buruzko informazioa lortzen da
 - Ohikoa da peptido aldatuen afinitate bidezko aberaste-etapa bat izatea
 - Aurreko guztiak zuzenak dira
- 82** Zelula batzuen fosfoproteomaren analisia egin nahi dugu, Ser, Thr eta Tyr proteinen fosforilazioak barne hartuta. Horretarako:
- Laginaren % 10 Tyr proteinan fosforilatutako peptidoen analisirako erabili beharko dugu, eta gainerako % 90a Ser eta Thr proteinetan fosforilatutako peptidoen analisirako.
 - Laginaren % 10 Ser eta Thr proteinetan fosforilatutako peptidoen analisirako erabili beharko dugu, eta gainerako % 90a Tyr proteinan fosforilatutako peptidoen analisirako
 - Titanio dioxidoa erabiliko dugu lagina Tyr proteinan fosforilatutako peptidoz aberasteko
 - Anti fosfo-Thr antigorputzekiko afinitate-kromatografia erabiliko dugu Thr proteinan fosforilatutako peptidoak aberasteko



- 83** Fosfoproteomika-analisi batean, hiru fosforilazio-puntu posible dituen fosfopeptido bat, Ser proteinaren bi hondakin eta Thr proteinaren hondakin bat identifikatu ditugu sekuentzian. Peptidoaren ioirako behatutako masak +160 Da-eko diferentzia du aldatu gabeko peptidoaren masarekiko. Beraz:
- Peptidoa hiru hondakin posibleetako bitan fosforilatuta dago
 - MSMS espektrotik abiatuta, beti jakin ahal izango dugu zein diren hondakin aldatuak
 - Peptido difosforilatu posible guztiek atxikitze-denbora kromatografiko bera izango dute.
 - Aurreko erantzun guztiak zuzenak dira
- 84** Antikantzerigeno batek induzitutako proteinak identifikatu nahi ditugu, zelula-kultibo batekin espresio diferentzialaren analisi bat eginez. Zer prozedura kuantitatibo EZINGO genuke erabili?:
- SRM/MRM
 - iTRAQ
 - DIGE
 - SILAC
- 85** Sistemen biologiari buruzko azterlan bat egiten ari gara, eta gure laginean dauden proteinen kontzentrazio absolutua zehaztu behar dugu. Horretarako, hau egin genezake:
- SILAC kuantifikazio-esperimentu bat
 - iTRAQ kuantifikazio-esperimentu bat
 - seinale-intentsitatean oinarritutako markaketarik gabeko kuantifikazio-esperimentu bat
 - haietako batek ere ez du ematen behar den informazioa
- 86** SRM/MRM bidezko kuantifikazio-esperimentu bat:
- MS espektroen informazioarekin egiten da
 - MS/MS espektroen informazioarekin egiten da
 - loi erreportarien intentsitatea erabiltzen du
 - Zatien intentsitatea erabiltzen du
- 87** SRM/MRM bidezko kuantifikazio-esperimentu bat
- Biomarkatzaileen discovery esperimentu baterako erabil daiteke
 - Intereseko peptidoen alde aurreko MSMS datuak behar dira
 - LCMS analisi bakar batean zenbait peptido kuantifikatzeko aukera ematen du
 - Monitorizatu nahi den proteina bakoitzetik peptido batzuk hautatu behar dira.



- 88** PRM motako MSari akoplatutako kromatografia likidoaren bidezko analisisian
- Kuadrupolo hirukoitzeko espektrometro batean egiten da
 - Orbitrap motako tresna batean bakarrik egin daiteke.
 - Aurrez zehaztutako trantsizio-zerrenda bateko seinalea bakarrik eskuratzen da.
 - Zatitzeko hautatutako aitzindarien MS/MS espektro oso bat eskuratzen da
- 89** Zer abantaila ditu PRM analisiak SRM metodoen aldean?
- Eskuratze-metodoen garapena errazagoa da
 - Discovery esperimenduak egin diren tresna berean egin daiteke
 - Normalean, LCMSko kromatograma bakar batean proteina gehiago kuantifikatzeko aukera ematen du
 - Aurreko guztiak zuzenak dira
- 90** Zer da "scheduled" motako PRM eskuratze-metodoa?
- MS eta MSMS espektroak modu sekuentzialean eskuratzen dituen metodo bat
 - Metodo bat, zeinean zenbait ioi aitzindari denbora-segmentu batzuetan monitorizatzen baitira gradientean zehar
 - Metodo bat, zeinean aldi berean zatitzen baitira eluzio kromatografikoaren une bakoitzean ionizatutako peptido guztiak
 - Aurrekoetako bat ere ez
- 91** Discovery esperimenduetan, intereseko proteina baten lau peptido hauek identifikatu dituzu. Proteina horren kuantifikazio absoluturako metodo bat diseinatzeko, peptido hauetatik zein aukeratuko zenuke kuantifikatzeko aukerarik onena delako?
- KRFENHFQTR
 - HEFDILGVAK
 - EIAMAYETLMDANR
 - QNVTTYTDCSGR
- 92** LCMS analisi gidatu batean, Arg 13C6 15N4 markaketa isotopikoa duen peptido astun bat gehitu zaio laginari. Analisisian, zenbait gailur ageri dira; beharbada, peptido patroia astunari eta peptido endogenoari, arinari, dagozkie. Gailur horietarako:
- Peptido astunaren atxikitze-denbora peptido arinarena baino 20 bat segundo handiagoa da.
 - Intentsitaterik handieneko seinalea bi peptidoetarako trantsizio berari dagokio
 - Bi peptidoen arteko masa-diferentzia 3 Da ingurukoa da
 - Aurreko guztiak zuzenak dira



- 93** LCMS metodo bat garatu nahi dugu plasma-laginetan dagoen proteina baten kontzentrazio absolutua kuantitatiboki analizatzeko. Horretarako
- a) Patroi gisa peptido isotopikoki markatuak erabil ditzakegu, edo proteina osoa, isotopikoki markatua.
 - b) Patroien kontzentrazio zehatza ezagutu beharko dugu
 - c) Ziurtatu beharko dugu peptidoen seinaleak erantzun-tarte linealaren barruan daudela
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira
- 94** Topdown analisi proteomikoak ezaugarri hauek ditu:
- a) Proteinak masa-espektrometria bidez analizatzen dira, bereizketa kromatografikoa erabili gabe
 - b) Proteina aldatu baten itzulpen ondoko aldaketen kokapena zehaztu daiteke.
 - c) Proteinaren masa molekularra bakarrik zehazten da.
 - d) 50 kDa baino masa molekular handiagoko proteinak ezin dira ionizatu
- 95** Topdown analisi proteomikoan:
- a) Oso bereizmen handia lor dezakeen espektrometro bat erabili behar da
 - b) Hasieran, digestio entzimatikoa egiten zaio laginari
 - c) Kromatografia likidoa ez da erabilgarria proteoformak bereizteko
 - d) Aurreko guztiak zuzenak dira
- 96** Serum-laginen analisi proteomikorako, afinitate-kromatografiako teknikak erabil daitezke proteina ugariak ezabatuz. Giza serumaren 14 proteina ugariaren deplezioa eragiteko gai den sistema bat erabiltzen bada, laginen guztizko proteinaren zer ehuneko ezabatuko dugu?
- a) gutxi gorabehera % 50
 - b) gutxi gorabehera % 75-80
 - c) % 95 baino gehiago
 - d) Laginen jatorriaren arabera
- 97** Zein da plasma-laginen deplezio-prozesu bat egitearen eragozpen nagusia lagin horien analisi proteomikorako?
- a) Deplezio-prozesuak intereseko proteinaren bat galtzea eragin dezake
 - b) Azterlanaren lagin kopurua mugatu beharko dugu
 - c) Lagin bakoitzaren kantitate handiagoa beharko dugu
 - d) Deplezioak laginen artean aldakortasun handiagoa izatea ekarriko du

98 Analisi proteomikoko zer metodo litzateke egokiena serum-laginetan gaixotasun baten markatzaileak bilatzea helburu duen azterlan baterako?

- a) "label free" motako LCMS analisi bat
- b) LC-MS analisi bat, SILAC erabiliz
- c) PRM motako analisi proteomiko bat
- d) Analisi proteomiko bat, DIGE elektroforesi bidimentsionala erabiliz

99 MALDI masa-espektrometria bidezko imaging teknikaren bidez:

- a) Tumore-ehunaren laginak irudi-patroi bereizgarrien arabera sailkatu daitezke
- b) Farmako batek ehun batean duen biobanaketaren irudiak lor daitezke
- c) Lipidoek ehun batean duten banaketaren karakterizazioa egin daiteke
- d) Aurreko guztiak zuzenak dira

100 MALDI masa-espektrometria bidezko imaging teknikaren bidez:

- a) Organuluen irudiak eskala subzelularrean lor daitezke
- b) Intereseko proteina bat ehun batean duen banaketaren analisi gidatua egin daiteke
- c) 200 kDa-eko masa molekularreko proteina baten banaketaren irudiak lor daitezke
- d) Proteina baten zelularen barneko lokalizazioaren irudia lor daiteke

GALDERA GEHIGARRIAK (aurreko galderaren batean akatsen bat edo planteamenduarekin desadostasunen bat izanez gero bakarrik erantzun beharrekoak)

101 Analisi proteomikoan erabiltzen diren proteina mailako bereizketa-tekniketan, honako hauek sartzen dira:

- a) Isoelektrofokuratzea poliakrilamidazko gelean
- b) Alderantzizko faseko kromatografia
- c) Afinitate-kromatografia
- d) Aurreko guztiak

102 Analisi proteomikorako lagina prestatzeko protokolo batean, zein litzateke hurrenkera zuzena etapa hauetan? A: Arazketa C18 kartutxoan, azido formikoaren presentzian; B: Ultrairagazketa bidezko kontzentrazioa; C: Digestioa tripsina bidez; D: Zatikatzea alderantzizko fasean, pH altuan

- a) B, C, A, D
- b) C, B, A, D
- c) D, C, B, A
- d) B, C, D, A

- 103** Digeritu proteiko bat C18 alderantzizko faseko mikrozutabe batean arazteko, hauek erabil daitezke:
- a) Zentrifugagailurako mikrozutabeak
 - b) Huts bidezko eluzio-sistematarako mikrozutabeak
 - c) Presio bidezko eluzio-sistematarako mikrozutabeak
 - d) Aurreko guztiak
- 104** Kultibo-zelula batzuei aplikatutako tratamendu batek eragindako hasierako aldaketak analizatu nahi ditugu laborategian. Baldintza horietan ez dago astirik espresio-aldaketak gertatzeko, eta espero duguna da itzulpen ondoko aldaketa-patroian aldaketak gertatzea. Beraz, uste dugu proteina osoaren mailako analisi batek informazio gehiago eman diezagukeela. Zer estrategia kuantitatibo erabiliko zenuke?
- a) iTRAQ
 - b) SILAC
 - c) SRM/MRM
 - d) DIGE
- 105** Gure tresnaren masa-doitasuna 10 ppm bada, zein izango da 1000ko m/z erlazioa duen peptido baten errore maximoa?
- a) 0,0001 Da
 - b) 0,001 Da
 - c) 0,01 Da
 - d) 0,1 Da
- 106** MALDI-TOF motako espektrometroan:
- a) Proteinen MS espektroetan 1+ karga duten ioiak baino ez dira behatzen
 - b) Nagusiki peptidoetarako behatzen diren seinaleak 2+ edo 3+ karga duten ioiei dagozkie
 - c) Hegaldi-denborak masa ezaguneko patroihastura baten espektro batetik abiatuta kalibratu behar dira.
 - d) Masa berdineko ioi guztiak batera iristen dira detektagailura
- 107** Lagin bat elektrospray bidez analizatu nahi badugu:
- a) lagina matrizearekin nahastu behar dugu, ionizazioa errazteko
 - b) lagina lurrunkorra izatea behar dugu
 - c) ionizazioa errazteko, indar ioniko handiko ingurunean eduki behar dugu lagina
 - d) lagina disoluzioan eduki behar dugu



- 108** Zelula-aterakin bateko proteinak identifikatzeko esperimendu baten emaitzek ez dute erakusten zisteinadun peptidorik. Zein da hori falta izatearen kausarik probableena?
- a) laginean ez dago zisteinadun peptidorik
 - b) horrelako peptidoak ez dira inoiz behatzen esperimendu horietan
 - c) ez dugu aldaketarik adierazi bilaketa-motorrean
 - d) zisteinak oso erreaktiboak dira, eta haiek identifikatzea galarazten duten artefaktuak sortu ohi dituzte
- 109** Datuen mendeko eskuratzea duten LC-MS/MS esperimenduetan:
- a) detektatutako peptido guztien sekuentziari buruzko informazioa lortzen da
 - b) detektatutako peptido guztien masari buruzko informazioa lortzen da
 - c) peptido guztien luzerari buruzko informazioa lortzen da
 - d) Aukera guztiak zuzenak dira
- 110** MS seinaleen intentsitatean oinarritutako label-free analisiaren esperimendu batean:
- a) Itzulpen osteko aldaketak dituzten peptidoak ezin dira kuantifikatu
 - b) Kromatograma bakoitzaren guztizko intentsitateak berdina izan behar du
 - c) Peptido baten seinalea kuantifikatu ahal izateko, beharrezkoa da peptido hori MSMS espektro baten bidez identifikatzea esperimenduko kromatogrametako bakoitzean
 - d) Ugaritasun txikiagoko proteinen kuantifikazioa spectral count-etan oinarritutako kuantifikazioan baino sendoagoa da