

Primera parte del ejercicio

100 preguntas + 10 de reserva
150 minutos

Señalar la respuesta correcta:

- Los nucleótidos que forman el polímero de DNA son:
 - Adenina, Guanina, Citosina, Timina
 - dATP, dCTP, dGTP, dTTP
 - ATP, GTP, CTP, TTP
 - ddATP, ddCTP, ddGTP, ddTTP
- La doble hélix de DNA es estable gracias:
 - A la formación de puentes de hidrógeno entre bases de las dos hebras
 - Por las interacciones π - π entre bases adyacentes
 - Las dos respuestas anteriores a la vez
 - Watson y Crick
- En la replicación del DNA:
 - Una de las hebras actúa de molde
 - Sólo el DNA bacteriano puede replicarse
 - "G" nunca se aparea con "C"
 - "A" y "T" se repelen
- El DNA y el RNA se diferencian químicamente:
 - En el color
 - El RNA contiene Uracilo y el DNA Timina
 - El RNA contiene ribosa y el DNA desoxirribosa
 - Las dos opciones anteriores a la vez
- El RNA celular podemos clasificarlo como:
 - RNA codificante y RNA no codificante (funcional)
 - RNA mensajero (mRNA)
 - RNA ribosómico (rRNA)
 - RNA de transferencia (tRNA)
- La cola de poli A nos indica:
 - Que tenemos un RNA procariota
 - Que el RNA es eucariota
 - Que es un exón
 - Que es un intrón

7. El transcriptoma de una célula incluye:
 - A. Sólo los micro RNAs
 - B. Los mRNAs
 - C. Todos los RNAs de la célula
 - D. Los RNAs editables

8. El codón de iniciación es normalmente:
 - A. GGG (Gly)
 - B. AUU (Ile)
 - C. UUU (Phe)
 - D. AUG (Met)

9. Las extracciones de ácidos nucleicos se comprueban:
 - A. Por cuantificación
 - B. Electroforesis
 - C. Las dos respuestas anteriores son válidas
 - D. No se comprueban

10. Al realizar extracción de RNA celular el 80-90% es:
 - A. Ribosómico
 - B. Mensajero
 - C. Transferencia
 - D. Micro

11. El principal problema en la extracción de RNA es debido a:
 - A. A las mitocondrias
 - B. A trabajar con guantes
 - C. Al etanol usado en la preparación
 - D. A los enzimas que degradan el RNA (RNAsas)

12. Temperatura idónea para conservar los ácidos nucleicos
 - A. A -20º DNA y -80º RNA
 - B. A 4 grados Celsius
 - C. A -20º
 - D. Siempre a temperatura ambiente

13. La concentración del ácido nucleico, se calcula a través de la absorbancia a:
 - A. 230nm
 - B. 260nm
 - C. 280nm
 - D. 260nm/280nm

14. La pureza ideal de los ácidos nucleicos viene indicada por:
- A. ratio 230/280
 - B. ratio 260/280 1,8 DNA y 2,0 RNA
 - C. el color blanco
 - D. el color translúcido
15. Una OD a 260nm de DNA es igual a:
- A. 30ug/ml
 - B. 40ug/ml
 - C. 50ug/ml,
 - D. 60ug/ml
16. Las medidas fluorimétricas:
- A. no se utilizan para RNA
 - B. nos proporcionan un mejor ratio 260/280,
 - C. las dos anteriores
 - D. son mucho más sensibles que las espectrofotométricas
17. Que instrumentos indicarías como indispensables en un servicio de genómica para medir la concentración y la calidad de los ácidos nucleicos:
- A. Nanodrop
 - B. Qubit
 - C. Bionalyzer
 - D. Todos ellos
18. Cual es el Gold Standard para medir la integridad del RNA total:
- A. RIN
 - B. El fluorómetro
 - C. El espectrofotómetro
 - D. No existe Gold Standard
19. Podemos analizar la calidad de las preparaciones de las muestras de NGS con:
- A. Bioanalyzer,
 - B. Gel de agarosa
 - C. Por ambos
 - D. A simple vista
20. La PCR es una técnica de biología molecular:
- A. Que precisa nitrógeno líquido
 - B. Que le valió el premio nobel a su descubridor
 - C. Muy poco usada
 - D. Se realiza a temperatura constante

21. En una PCR, para que un primer pueda amplificar es imprescindible :
- A. Que todas sus bases sean complementarias a las del DNA que ha de amplificar
 - B. Puede tener mismatches siempre que la base 3' sea complementaria,
 - C. Puede tener mismatches siempre que la base 5' sea complementaria,
 - D. Todas las respuestas anteriores son falsas
22. Una nested PCR implica:
- A. Conseguir un fragmento más pequeño que el original
 - B. Conseguir un fragmento más largo que el original
 - C. No secuenciar la PCR
 - D. Secuenciar la PCR.
23. Los genes utilizados en la normalización de las RT-qPCR se les denomina:
- A. Genes diana
 - B. Genes silenciosos
 - C. Genes de referencia
 - D. Genes problema
24. Los resultados de los NTCs (No Template Control) de qPCR son:
- A. Opcionales en todos los experimentos
 - B. Valores de cálculo imposible
 - C. Esenciales en cualquier experimento
 - D. Valores neutros
25. El rango dinámico linear en una RT-qPCR:
- A. Es un valor automático
 - B. Es un valor innecesario
 - C. Cubre un orden de magnitud
 - D. Cubre al menos 3 órdenes de magnitud de concentración
26. Los enzimas de restricción cortan DNA dejando:
- A. Extremos romos
 - B. Extremos cohesivos
 - C. Los dos anteriores dependiendo del enzima
 - D. Sólo EcoRI corta
27. Como se comprueba si se ha conseguido el clonaje deseado:
- A. Por el tamaño del inserto y por secuenciación de DNA
 - B. No hace falta comprobarlo
 - C. Usando una ligasa adecuada
 - D. Esperando el tiempo necesario

28. Los vectores de clonaje más simples se basan:
- A. En BACs (Bacterial Artificial Chromosome)
 - B. En plásmidos de E. coli
 - C. En plantas acuáticas
 - D. En raíces aéreas
29. En la secuenciación de DNA capilar automatizada Sanger son imprescindibles:
- A. Los ddNTPs marcados con fluorescencias
 - B. Los dNTPs marcados con fluorescencias
 - C. El DNA molde marcado con FAM
 - D. El DNA molde marcado con ROX
30. En la preparación de las muestras de DNA para secuenciación Sanger:
- A. Se precisa un termómetro
 - B. Se precisa oscuridad total
 - C. Se precisa temperatura ambiente de 4°C
 - D. Se precisa un termociclador
31. En la secuenciación Sanger la tasa de error es:
- A. Un valor que no interesa
 - B. Muy alto
 - C. Muy bajo
 - D. No se puede calcular
32. La longitud de las secuencias obtenidas en un secuenciador capilar:
- A. Puede ser de varias megabases
 - B. Depende de la longitud del capilar pero no llega a 2 kb
 - C. Es siempre de 150 pb
 - D. Es siempre de 500pb
33. Los microsatélites o STRs tienen:
- A. Fragmentos aleatorios de DNA
 - B. Fragmentos aleatorios de RNA
 - C. Repeticiones de 13 bp o menos
 - D. Repeticiones de hasta 25 bp
34. Los secuenciadores automáticos pueden analizar microsatélites:
- A. Aplicando diferentes matrices según los fluorocromos usados
 - B. Sólo existe un tipo de matriz para todos los fluorocromos
 - C. Aplicando el filtro D y E
 - D. Aplicando el filtro G5

35. Las muestras de los análisis de microsatélites provienen:
- A. De una PCR
 - B. Del Qubit
 - C. Del Nanodrop
 - D. De un baño de arena
36. El mtDNA (DNA mitocondrial) nos permite:
- A. Buscar el cromosoma X
 - B. Diferenciar por el tamaño del cromosoma Y
 - C. Estudiar la herencia paterna en un pedigree
 - D. Estudiar la herencia materna en un pedigree
37. En las pruebas de paternidad se usan como marcadores de DNA los SNPs (Single Nucleotide Polymorfism):
- A. SNPs del cromosoma Y
 - B. SNPs del mtDNA
 - C. SNPs de autosomas
 - D. De todos los anteriores
38. Las muestras analizadas en genética forense:
- A. Han de ser almacenadas en recipientes de piedra
 - B. Han de acreditar trazabilidad y custodia
 - C. No pueden ser humanas
 - D. No se pueden guardar
39. Existen tres tipos de plataformas de genotipado: Plataformas de alta capacidad, de media capacidad y de baja capacidad
- A. Todas ellas funcionan sólo para paneles de genotipado prediseñados
 - B. No se pueden utilizar para genotipado humano
 - C. El iScan System de Illumina se situaría dentro de las de alta y media capacidad
 - D. El MiSeq de Illumina no sirve para genotipar
40. Los Open Array de Applied Biosystems
- A. Están basados en genotipado con sondas Taqman
 - B. Solo se usa en genotipado de planta
 - C. No sirven para trabajar con pipetas multicanal
 - D. No precisan NTCs
41. La hibridación de microarrays y la detección fluorescente
- A. Es el método perfecto cuando se han de analizar pocos SNPs
 - B. Los fragmentos de PCR han de ser de unos 600 bp para poder ser analizados con esta plataforma
 - C. Es la base de GeneChip system (Affymetrix)
 - D. Permite su análisis con un microscopio

42. En la preparación de las bibliotecas para un análisis de NGS
- A. Es imprescindible sonicar el DNA
 - B. Podemos usar métodos enzimáticos o métodos físicos
 - C. Hay que tener unas condiciones óptimas de oscuridad
 - D. Siempre usamos streptavidina
43. En la secuenciación NGS se obtienen
- A. Menos bases que en la secuenciación Sanger
 - B. Pocas Kb
 - C. Como mínimo algunas Tb
 - D. Mb, Gb, Tb, dependiendo del secuenciador
44. En una misma carrera de NGS podemos mezclar diversas muestras
- A. Si son del mismo individuo
 - B. Si están indexadas
 - C. Si las bibliotecas se han preparado a la vez
 - D. Todas las respuestas son erróneas
45. Una posible clasificación de las plataformas de NGS es por la longitud de las secuencias obtenidas
- A. PacBio y Oxford Nanopore ofrecen secuencias largas (Kb) y Illumina y IonTorrent cortas
 - B. La plataforma de Oxford Nanopore es la única que ofrece secuencias largas
 - C. La plataforma de PacBio es la única que ofrece secuencias largas
 - D. Los secuenciadores de Illumina ofrecen siempre secuencias de 150 pb
46. Otra posible clasificación de las plataformas de NGS es por si detectan fluorescencia (luz) en el proceso de secuenciación o si utilizan otros sistemas (post-luz)
- A. PacBio y OxfordNanopore no detectan luz, son plataformas post-luz
 - B. IonTorrent fué la primera plataforma en detectar fluorescencia
 - C. Illumina fue la primera plataforma en detectar protones
 - D. PacBio y Illumina detectan fluorescencia, IonTorrent detecta protones y Oxford Nanopore detecta cambios eléctricos
47. El MinION es un dispositivo de secuenciación
- A. Más pequeño que un teléfono móvil
 - B. Precisa nitrógeno líquido para su funcionamiento
 - C. Sólo se puede usar en laboratorios muy especializados
 - D. Fue el primer secuenciador NGS del mercado

48. El análisis de metagenómica a partir del gen 16S rRNA
- A. Se parte siempre de DNA de heces
 - B. Se inicia con DNA extraído del suelo
 - C. Se amplifican regiones variables del gen 16S
 - D. Se amplifican regiones no variables del gen 16S
49. Usando el método shoutgun en metagenómica
- A. El DNA sólo puede proceder de humanos
 - B. Podemos conseguir mejor resolución taxonómica y funcional que con el 16S
 - C. Nos ahorramos costes computacionales
 - D. No se detecta el DNA del huésped
50. Actualmente los análisis de metagenómica
- A. Son exclusivos de estudios agroalimentarios
 - B. Son exclusivos de estudios espaciales
 - C. Se utilizan en cualquier disciplina de la biología
 - D. Se utilizan en cualquier laboratorio filológico
51. Puntos críticos en todos los tipos de análisis metagenómicos son
- A. Empezar los protocolos el día adecuado
 - B. Que sea siempre el mismo técnico el que manipule las muestras
 - C. No rotular los tubos o placas con rotulador rojo
 - D. La correcta extracción del DNA y la comparación con las bases de datos
52. En los análisis de la microbiota el valor del índice de Shannon
- A. Indica la diversidad Alfa
 - B. Indica la diversidad Beta
 - C. Indica ambos tipos de diversidad
 - D. Indica la no existencia de diversidad
53. Una tabla OTU contiene
- A. El número de secuencias observadas para cada unidad taxonómica en cada muestra
 - B. El número de muestras obtenidas en cada recuento
 - C. Un excel con datos decimales de las secuencias
 - D. Un excel con las secuencias escritas en código ASCII
54. En los análisis transcriptómicos de expresión génica diferencial por RNAseq
- A. Los fragmentos secuenciados han de tener al menos 500 pb
 - B. Contamos número de secuencias y suelen ser fragmentos cortos
 - C. Contamos número de fragmentos muy largos
 - D. Las secuencias de RNA seq no se utilizan para análisis de transcriptómica

55. En la preparación de las librerías de RNA seq la depleción del rRNA evita
- A. Secuenciar RNA total
 - B. Secuenciar RNA exógeno
 - C. Secuenciar mayoritariamente RNA ribosómico
 - D. Secuenciar mayoritariamente RNA mensajero
56. La secuenciación directa del RNA (dRNA)
- A. No requiere transcripción reversa
 - B. Puede conseguir mRNAs enteros
 - C. No modifica el RNA
 - D. Todas las opciones anteriores son ciertas
57. La cobertura requerida en una secuenciación de genoma completa (WGS)
- A. Siempre es de 30x
 - B. Siempre es de 50x
 - C. Siempre es de 100x
 - D. Depende del tipo de problema que vayamos a resolver
58. Para la preparación de las librerías de WGS es necesario que
- A. El DNA no esté fragmentado
 - B. El DNA tenga un tamaño determinado según la tecnología que se empleará
 - C. El DNA bacteriano no contenga plásmidos
 - D. El DNA vírico esté mezclado con el DNA del huésped
59. Una medida de la calidad de un ensamblaje de los contigs es el valor N50 que significa
- A. La longitud en número de bases que tienen los contigs que se encuentra en la mitad de todos los obtenidos, ordenados por tamaño
 - B. La longitud en número de bases que tiene el contig más grande
 - C. La longitud en número de bases que tiene el contig más pequeño
 - D. El número de copias que tenemos de una muestra
60. La secuenciación de exomas por NGS (WES) se utiliza ampliamente
- A. En el análisis molecular de bacterias
 - B. En el diagnóstico de virus
 - C. En el diagnóstico clínico humano de multitud de patologías
 - D. En la investigación nuclear
61. Se pueden analizar alteraciones somáticas en cfDNA (DNA de células libres) por WES para buscar posibles biomarcadores
- A. La técnica tiene una gran sensibilidad (90%)
 - B. La técnica presenta todavía mucha controversia para poder tener potencial clínico
 - C. La técnica está bien estandarizada
 - D. La técnica tiene una gran fiabilidad (90%)

62. Para la generación de librerías para el estudio de WES
- A. Cada laboratorio genera su propio sistema casero
 - B. Existen diversos kits comerciales
 - C. Sólo se puede utilizar un protocolo determinado
 - D. Es importante trabajar a temperatura constante
63. ¿Cómo son los archivos fastq?
- A. Son los mismos archivos fasta
 - B. Guardan sólo las secuencias
 - C. Guardan sólo la calidad
 - D. Tienen la secuencia y la calidad de la misma con código ASCII
64. Que significa tener una “quality score” de 30 en NGS
- A. Probabilidad de bases incorrectas 1 en 1000
 - B. Probabilidad de bases incorrectas 1 en 100
 - C. Probabilidad de bases incorrectas 1 en 500
 - D. Probabilidad de bases incorrectas 1 en 10000
65. ¿Fastq y Fastqc tienen el mismo significado?
- A. Si, sólo varían en una C
 - B. Si, son archivos de secuencias
 - C. No, Fastqc es una aplicación para mirar la calidad de las secuencias
 - D. Depende del resultado esperado
66. El análisis primario en NGS
- A. Es el *basecalling* o paso de imágenes o señales a secuencias
 - B. Es la reacción de secuenciación propiamente dicha
 - C. Es la primera vez que se analiza una secuencia
 - D. Es la primera vez que se realiza un protocolo
67. Un *scaffold* significa lo mismo que un *conting*
- A. Si ambos sirven para contar secuencias
 - B. Si ambos vienen definidos por los mismos números
 - C. Depende de que tipo de información sean originarios
 - D. No, un *scaffold* son un conjunto de *contings* ordenados y orientados según la información obtenida de los *reads*
68. En un Servicio de Genómica la trazabilidad de las muestras
- A. Resulta innecesaria desde todos los puntos de vista
 - B. Es imprescindible y obligatorio para poder trabajar con un mínimo de garantía de calidad
 - C. Sólo debe aplicarse a muestras peligrosas
 - D. Sólo debe aplicarse a muestras humanas

69. ¿Qué es la Gestión de la Información de un laboratorio?
- A. Conjunto de archivos de un laboratorio
 - B. Conjunto de documentos de un laboratorio
 - C. Conjunto de procesos por los cuales se controla el ciclo de la vida de la información, desde su obtención hasta su archivo o eliminación.
 - D. Conjunto de procesos que nunca involucra la tecnología de la información y la comunicación (TIC)
70. Que debería contener una base de datos de gestión en un servicio de genómica
- A. Recursos (personal y equipos), Gestión comercial (ofertas, peticiones), Compras y proveedores, Gestión de proyectos, Incidencias, Documentos y software
 - B. Sólo gestión de secuencias y proyectos
 - C. Sólo gestión de las actas de reuniones con los usuarios
 - D. Sólo gestión de los resultados de los proyectos
71. Las pruebas estadísticas que se basan en la distribución normal de los elementos de la muestra
- A. Son pruebas paramétricas
 - B. Son pruebas no paramétricas
 - C. Son pruebas para muestras pequeñas
 - D. Son pruebas con gran probabilidad de errores
72. En las medidas de dispersión podemos usar los cuartiles así
- A. El segundo cuartil es el más usado en todo tipo de estudios
 - B. El primer cuartil (percentil 25) deja el 25% de los datos por debajo de él y el tercer cuartil (percentil 75) deja el 75%
 - C. El primer cuartil (percentil 75) deja el 75% de los datos por debajo de él y el tercer cuartil (percentil 25) deja el 25%
 - D. El último cuartil se deshecha siempre
73. A la hora de suministrar los p-valores significativos, debemos utilizar
- A. Al menos una cifra decimal
 - B. Al menos dos cifras decimales
 - C. Al menos tres cifras decimales
 - D. Al menos cuatro cifras decimales
74. Las principales bases de datos de secuencias de nucleótidos son:
- A. Pubmed y OMIM
 - B. Uniprot y SGD
 - C. Flybase y KEGG
 - D. NCBI, EMBL, DDBJ

75. El número de acceso al GenBank para secuencias de WGS contiene:
- A. La ID del proyecto, dos dígitos para la versión y 6 dígitos para la ID del contig
 - B. Ocho letras mayúsculas consecutivas
 - C. Tantos dígitos como contigs se presenten
 - D. Se asigna un número aleatorio
76. La base de datos "Reference Sequence"(RefSeq) es una colección curada
- A. De secuencias de RNA
 - B. De secuencias de proteínas
 - C. De secuencias de DNA, RNA y proteínas creada por NCBI
 - D. No es una colección curada de NCBI
77. Cuando usamos el programa BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)
- A. Podemos comparar sólo ácidos nucleicos
 - B. Podemos comparar sólo proteínas
 - C. Introducimos la secuencia (*Query*) y podemos seleccionar la base de datos contra la que queremos comparar
 - D. Comparamos siempre con la base de datos de rRNA/ITS
78. El valor de *E-value* que nos asigna BLAST estima la significación estadística de la comparación
- A. Cuanto mayor sea este valor mejor significación estadística
 - B. Cuanto menor sea este valor mejor significación estadística
 - C. Nunca depende del tamaño de la secuencia problema
 - D. Nunca depende del tamaño de la base de datos
79. En el resultado gráfico de BLAST
- A. Las secuencias muy cortas no aparecen
 - B. Los resultados más significativos aparecen al final del gráfico
 - C. Se puede ver en negro las diferentes barras de semejanza
 - D. Existe un código de colores que indica el grado de similitud de cada secuencia
80. Cuando realizamos alineamientos con secuencias NGS el formato usado es
- A. SAM/BAM
 - B. CSV
 - C. ABI
 - D. FASTA
81. En bacterias la transferencia de DNA entre ellas puede darse por
- A. Por conjugación, es decir por contacto directo, entre una bacteria donadora y una receptora
 - B. Por trasducción via un bacteriófago
 - C. Por transformación
 - D. Todos ellos son métodos naturales posibles

82. El primer genoma entero secuenciado por NGS shoutgun fue el del panda gigante siguiendo la estrategia
- A. Ensamblaje de lecturas cortas de menos de 500 pb en contigs
 - B. Ensamblaje de los contigs en scaffolds por lecturas *paired-end*
 - C. Relleno de los *gaps* por lecturas *paired-end* ancladas parcialmente
 - D. Siguiendo los tres pasos indicados anteriormente
83. En la búsqueda de ORFs (Open reading frames) en eucariotas los softwares escanean
- A. Las secuencias reguladoras *upstream*, las fronteras exon-íntron y el sesgo de los codones
 - B. Las islas ApT y el codón CTG
 - C. Los dos posibles marcos de lectura del DNA
 - D. Todas las respuestas son ciertas
84. *Saccharomyces cerevisiae* es una especie modelo y en la anotación de su genoma se emplea la genómica comparativa basada
- A. Plásmidos presentes en las células
 - B. Especies relacionadas tienen genomas similares con un antepasado común
 - C. No existen genes homólogos ni secuencias homólogas
 - D. No se conocen las secuencias ancestrales
85. UGENE es una plataforma bioinformática de uso libre que integra gran cantidad de herramientas y algoritmos para el análisis y visualización de secuencias
- A. De DNA de secuenciación Sanger cuyos datos estén en una nube
 - B. De DNA de secuenciación con instrumentos Illumina solamente
 - C. De DNA de secuenciación Sanger y de secuenciación masiva
 - D. De DNA de bacterias aeróbicas pero no anaeróbicas
86. Los gráficos del paquete ggplot2 de R
- A. Ofrecen una visualización de datos más flexible que D3.js
 - B. Ofrecen la visualización de datos exploratorios
 - C. No ofrecen la visualización de datos exploratorios
 - D. No ofrecen ventajas respecto a Excel
87. Los componentes principales de un gráfico ggplot2 son
- A. Data, geometría y mapeo estético
 - B. Gramática de gráficos gg
 - C. Diagrama de cajas y histograms
 - D. Densidades suaves y gráfico Q-Q

88. La función gplot de R
- A. Es una función que no genera diagramas de dispersión de los valores en dos vectores
 - B. Es una función para generar gráficos rápidos con el estilo ggplot
 - C. Es una función para generar gráficos complicados de ggplot
 - D. Es una función que no genera diagramas de caja usando vectores categóricos y numéricos.
89. Galaxy es una plataforma libre de análisis de datos genómicos
- A. Precisa una instalación muy delicada
 - B. No permite compartir los *scripts* generados
 - C. Sólo utiliza *pipelines* de metagenómica
 - D. Basada en web que puede instalarse localmente o usarse online
90. Para los análisis de RNAseq es imprescindible tener un genoma de referencia
- A. Sin un genoma de referencia no sirve para nada el análisis de RNAseq
 - B. Sólo se pueden analizar los RNAs menos abundantes
 - C. Podemos realizar una reconstrucción *de novo* de los transcriptos con softwares específicos
 - D. Ni las secuencias muy largas pueden servir para estos análisis
91. Los análisis de secuenciación de miRNA pueden verse afectados
- A. Por sesgos introducidos durante los pasos preanalíticos y analíticos
 - B. Por el tipo de miRNA que se está buscando
 - C. Por el técnico que recepciona las muestras
 - D. Por ninguno de los anteriores
92. Se consideran RNA pequeños a
- A. miRNAs y tRNAs
 - B. snRNA y snoRNA
 - C. Mt-tRNA y YRNA
 - D. Todos ellos
93. En los análisis de ChIP seq son necesarios
- A. Anticuerpos no específicos
 - B. El mapeo de las lecturas y el "peak calling"
 - C. Tener lecturas muy largas
 - D. Ninguno de ellos
94. En los análisis de ChIP seq las islas GpC
- A. Pueden generar falsos negativos
 - B. Pueden generar falsos positivos
 - C. Hay que restarlas del ruido de fondo
 - D. Hay que sumarlas al ruido de fondo

95. WashU Epigenome Browser es un servidor web
- A. Que permite analizar resultados de ChIPseq sólo de Humanos
 - B. Que permite analizar resultados de ChIPeq sólo de levaduras
 - C. Que puede integrar los resultados de ChIPseq con datos de expresión génica en varios tejidos
 - D. Que no puede relacionarse con datos de conservación evolutiva
96. La mayor base de datos de citas y resúmenes de literatura revisada por pares: revistas científicas, libros y actas de congresos es
- A. Scopus
 - B. Pubmed
 - C. WoS
 - D. PSICODOC
97. La base datos de bibliografía médica más utilizada y más importante en el mundo es
- A. Scopus
 - B. Pubmed
 - C. WoS
 - D. PSICODOC
98. La anotación de variantes SNVs procedentes de la secuenciación masiva de análisis dirigidos se pueden realizar usando
- A. ANNOVAR
 - B. Phred
 - C. Familia de genes UGT
 - D. Casete de unión de ATP
99. Las mutaciones nucleotídicas se clasifican en
- A. Sinónimas y no sinónimas
 - B. Deleciones o inserciones que varían el marco de lectura
 - C. De Splicing y variantes de los intrones y del promotor
 - D. Todas las anteriores
100. Cuando hablamos de la medida de una Gigabase nos referimos a
- A. 1000 pb
 - B. 1000 Kb
 - C. 1000 Mb
 - D. Ninguna de las anteriores es cierta

CUESTIONES ADICIONALES (a resolver sólo en caso de error en alguna de las anteriores o discrepancia con su planteamiento)

101. Los DNAs ricos en Guanina (G) y Citosina (C) son
- A. Más estables a altas temperaturas
 - B. Menos estables a altas temperaturas
 - C. No se puede calcular el contenido en G y C
 - D. El contenido de G y C es siempre el mismo en cualquier DNA
102. Las regiones codificantes de un genoma son más ricas en G y C
- A. No es cierto
 - B. Si es cierto
 - C. Depende del tipo de genoma
 - D. Sólo en los genomas de plantas
103. Al comparar dos secuencias a partir de un alineamiento podemos extraer
- A. Un significado biológico
 - B. Un significado estadístico
 - C. Ningún significado
 - D. Significado biológico y estadístico
104. Cada posición dentro de un alineamiento tiene una puntuación individual
- A. Alta
 - B. Baja
 - C. Negativa
 - D. Cualquiera de las anteriores
105. Una transición es el cambio de
- A. Una base púrica a una base pirimídica
 - B. Una base pirimídica a una púrica
 - C. Una base púrica a otra púrica y simultáneamente una pirimídica a otra pirimídica
 - D. Un doblete de bases
106. Las matrices Dot-Plot son matrices de puntos que en un alineamiento de secuencias nos permiten identificar
- A. Duplicaciones, inversiones, indels
 - B. Mutaciones puntuales
 - C. Transversiones
 - D. Ninguna de las anteriores

107. Un alineamiento de multiples secuencias nos permite
- A. Encontrar motivos o fragmentos muy conservados
 - B. Mejorar predicciones sobre la estructura
 - C. Entender la evolución de los genomas y los genes
 - D. Todas las anteriores
108. En una matriz de distancias entre secuencias que se quieren comparar
- A. Las distancias indican las diferencias que existen entre las secuencias
 - B. Las distancias son negativas
 - C. No tiene sentido realizar matrices de distancias
 - D. Las diferencias se pueden ajustar a la matriz
109. Clustal Omega es uno de los programas libres más utilizado para alinear secuencias siempre que
- A. Sean mínimo 2 secuencias en formato FASTA con nombres diferentes
 - B. Sean mínimo 3 secuencias en formato FASTA con nombres diferentes
 - C. Sean secuencias en formato FASTQ
 - D. Sean secuencias en formato FASTQC
110. En la representación filogenética mediante filogramas
- A. La longitud de las ramas es siempre la misma
 - B. La longitud de las ramas no tiene ningún significado
 - C. La longitud de las ramas indica la divergencia, la distancia genética entre las especies
 - D. La longitud de las ramas nos indica el tiempo, no la distancia genética