

PROVA A -Non estratta

1. Metodi sperimentali per l'identificazione di complessi tra acidi nucleici e proteine.
2. Descrivi l'algoritmo di programmazione dinamica per l'allineamento di due sequenze proteiche.

PROVA B -Non estratta

1. I mitocondri: organizzazione del genoma, funzioni e trasporto.
2. Cosa sono i modelli nascosti di Markov e come possono essere utilizzati per la costruzione di un allineamento.

PROVA C -**Estratta**

1. Meccanismi di riparo del danno al DNA in procarioti o eucarioti.
2. Descrivi un metodo di calcolo di una matrice di sostituzione per l'allineamento di sequenze proteiche.