

## APPELLO IPDF 20-01-2021

#	Matricola	Anno Freq.	CFU	AD COD.	ESERC.	Q1 26%	Q2 26%	Q3 26%	Media matem.	Voto Finale	
					Modelling 22%						
1	842874	2020/2021	8	MFN1226	30	25	33	33	30,3	<b>30</b>	
2	935176	2020/2021	8	MFN1226	26	27	28	28	27,3	<b>27</b>	
3	819107	2020/2021	8	MFN1226	28	29	30	28	28,8	<b>29</b>	
4	845106	2020/2021	8	MFN1226	30	33	30	29	30,5	<b>30 LODE</b>	
5	850282	2020/2021	8	MFN1226	30	29	33	26	29,5	<b>30</b>	
6	849508	2020/2021	8	MFN1227	30	23	28	30	27,7	<b>28</b>	
7	847905	2020/2021	8	MFN1226	30	22	27	29	26,9	<b>27</b>	

8	932239	2020/2021	8	MFN1226	30	29	28	24	27,7	<b>28</b>	
9	919503	2020/2021	8	MFN1226	30	29	18	33	27,4	<b>27</b>	
10	939797	2020/2021	8	MFN1226	29	22	30	28	27,2	<b>27</b>	
11	918898	2020/2021	8	MFN1226	30	33	30	30	30,8	<b>30 LODE</b>	
12	825565	2020/2021	8	MFN1226	30	30	25	20	26,1	<b>26</b>	
13	840659	2020/2021	8	MFN1226	30	30	33	33	31,6	<b>30 LODE</b>	
14	841370	2020/2021	8	MFN1226	30	30	30	25	28,7	<b>29</b>	
15	841410	2020/2021	8	MFN1226	30	<b>INS</b>	25	28	<b>INS</b>	<b>INS</b>	

16	843894	2020/2021	8	MFN1226	29	33	33	33	32,1	<b>30 LODE</b>	
17	850497	2020/2021	8	MFN1226	30	30	30	30	30,0	<b>30</b>	

#	Matricola	Anno Freq.	CFU	AD COD.	ESERCITAZIONI		Q1 26%	Q2 26%	Q3 26%	Media matem.	Voto Finale
					Seminar 11%	Modelling 11%					
19	822740	2019/2020	8	MFN1226	28	29	27	25	30	27,6	<b>28</b>

COGNOME	NOME	Q1	Q2	Q3
ALLASIA	Nicolò	Manca un'adeguata discussione sulla differenza di spettri far e near-uv che era l'oggetto principale di esame della domanda. In questo senso si evince una confusione tra la presenza di strutture secondarie e terziarie quando ad esempio si fa riferimento alle	Completo nella risposta, forse va un pò fuori tema a tratti, ma il ciclo funziona.	Molto bene.
ALTAMURA	Valentina	il substrato di partenza della ERROR PRONE PCR non necessariamente è un gene inserito in un plasmide. Può essere anche un prodotto di PCR o cDNA il primer della ERROR PRONE PCR non necessariamente è mutagenico in quanto il processo di mutagenesi avviene all'interno della sequenza	Generica la discussione sullo studio delle 3 amide.	manca una contestualizzazione rispetto all'utilità specifica di questa tecnica rispetto ad altre vantaggi e svantaggi vengono descritti senza un confronto con altre tecniche proteina ramificata ricorda un albero
BENECH	Valentina	Molto bene sulla parte analitica. Sulla parte teorica alcune imprecisioni e mancanze tra cui gli altri parametri che possono essere ricavati dalla curva di DSC e la differenza che viene citata è	Leggera imprecisione su x-ray dove si confonde aggregazione con denaturazione.	Bene fase I con alcune imprecisioni: in questa fase si hanno anche reazioni di riduzione e idrolisi Fase II molto sintetica
BORDIGNON	Nicolò	Eccellente	Leggera imprecisione: il Ramachandran Plot non si fa solo per i modelli per omologia.	La discussione dei pro e i contro è un pò debole.
CALATI	Erika	Bene sulla parte teorica, ma non ci cita ad esempio lo stopped-flow per il folding e si guarda a tutto il processo solo dal punto di vista	Molto bene	Manca del tutto la descrizione dell'eventuale strumentazione utilizzata.
DI BENEDETTO	Corinna	Molta confusione sui concetti di: assorbimento, assorbanza, stopped-flow. L'esperimento del pannello A è un CO binding guidato dalla riduzione dovuta all'incontro tra i due partner proteici: la descrizione fornita non è corretta. La descrizione del	I concetti ci sono, ma il lessico e la terminologia è riconducibile a quello di una ricetta di giallozafferano.	Manca adeguata discussione delle specie reattive. Il resto è lineare e pulito.
GARBERO	Valentina	I raggi x dove sono?	Bene la parte analitica. C'è qualcosa che non torna sulla parte teorica come "l'ATP del carbosile"	Ha individuato i due HOT SPOT e chiarito i gli amminoacidi chiave per il legame La risposta B è imprecisa in quanto il discorso sulla treonina andava riportato nella risposta A. Tuttavia vengono riportati sinteticamente i meccanismi principali di adattamento che hanno
GROSSO	Sofia	Non si fa mai riferimento ai picchi di ossidazione o riduzione.	Manca il processo che porta dalla mutazione alla produzione della proteina.	La reverse vaccinology è descritta in quadro molto generale e manca del tutto una spiegazione esaustiva del processo che porta dall'individuazione dei potenziali antigeni al loro utilizzo nei vaccini. Ad esempio: fase iniziale di screening bioinformatico delle proteine esposte, clonaggio seriale, espressione high throughput, etc... Anche in questo caso si va poco nel dettaglio e mancano gli step del
LATTE	Andrea	Generico sulle potenzialità di utilizzo dello strumento e le combinazioni enzima/substrato.	Appena sufficiente, risposta in larga parte fuori tema.	Eccellente!
LUPO	Oriana	Lifetime totalmente ignorato	Toccati tutti i punti principali.	Risposta esaustiva. Manca una discussione sui pitfall della produzione delle proteine. Commento che non influisce sul voto: la risposta non è perfetta in quanto la sequenza dell'adenovirus è double-strand DNA che codifica per l'mRNA, il quale a sua volta codifica per la proteina, ma il vettore di per sè è a DNA. L'errore non è grave perchè il tema non
MAGGI	Marina	Eccellente	Manca qualcosina sul dettaglio dell'utilizzo degli elementi di struttura secondaria.	Non raggiunge la lode perchè dimentica di citare il fatto che le curve presenti nei grafici C sono di fatto dei controlli positivi volti a dimostrare la bontà del setup sperimentale.
PESCAROLO	Simone	Risposta esaustiva	I contenuti ci sono, ma c'è disordine nel presentare gli argomenti. Si parla in maniera spot del fagosoma senza andare nel dettaglio così come dei megaprimer ad esempio.	Risposta vaga ed incompleta in ogni parte. Sarebbe stato sufficiente partire dall'immagine descrivendola per ottenere un risultato migliore. Vengono riportate informazioni corrette, ma imprecise. Manca del tutto uno sforzo analitico nell'analisi delle sequenze primarie. Esempio: PangolinCoV? Cosa vuol dire la zona gialla? Perchè le sequenze sulle prime righe non hanno amminoacidi
PONSETTO	Paola	Bravissima, peccato che manca una parolina magica: $k_d$ .	Eccellente!	sintetica ma efficace e puntuale!

<b>SANDRI</b>	<b>Walther</b>	Riporta le informazioni principali.	Riporta le informazioni principali.	Di base la risposta è corretta. Tuttavia ci sono alcune mancanze e/o imprecisioni: Non è detto che debba essere applicato solo agli Ab Non si cita l'antibiotico Non si illustra la metodologia nel dettaglio, ad esempio il ruolo dell'mRNA
<b>SOLARO</b>	<b>Sara</b>	Insufficiente	Carente la parte sulle proteine. Non si capisce perchè si lancia su	Irrilevante il secondo paragrafo.
<b>TRAINA</b>	<b>Luca</b>	Risposta esaustiva e molto accurata.	Molto bene sia la parte teorica sia la parte analitica.	Ottimo!
<b>VILLANTI</b>	<b>Christian</b>	Risposta esaustiva	Risposta esaustiva	Riporta le informazioni principali.
<b>GALLO</b>	<b>Carla</b>	In generale la risposta è corretta	Mancano almeno 2 classi.	sintetica, ma efficace.