UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

SELEZIONE PUBBLICA, PER TITOLI ED ESAMI, A N. 1 POSTO DI TECNOLOGO DI SECONDO LIVELLO, CON RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO A TEMPO DETERMINATO PRESSO L'UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - DIPARTIMENTO DI MEDICINA VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI - CODICE 22322

La Commissione giudicatrice della selezione, nominata con Determina Direttoriale n. 11388 del 7/07/2023, composta da:

Prof. Alessandro Bagnato	Presidente
Prof.ssa Anna Alfea Sandrucci	Componente
Prof. Luca Rapetti	Componente
Dott. Carlo Rinaldi	Segretario

comunica i quesiti relativi alla prova orale:

GRUPPO DI QUESITI N. 1

1 La gestione della banca dati del DNA
2 Le tecniche per la valutazione della qualità del DNA estratto dai campioni
3 I chip SNP ed il loro utilizzo in campo animale

Brano in inglese: Genomic selection (GS) is based on the principle that information from a large number of markers distributed across the genome can be used to capture diversity in that genome, sufficient to estimate breeding values without having a precise knowledge of where specific genes are located. It was first described in 2001 by Meuwissen and colleagues2 and hinges on developing a breeding equation using a training population with known favorable (and unfavorable) traits. Breeders have been using molecular markers for decades, but working on unknown genomes has been challenging.3 Genetic information consisted of linkage maps with a few hundred markers, at most, which did not fully represent the desirable traits. Furthermore, a priori knowledge about a species' genome and markers' loci was necessary in order to use them.

GRUPPO DI QUESITI N. 2

1 I kit di estrazione del DNA da tessuti biologici
2 Le informazioni delle banche dati genomici online
3 La gestione dei campioni raccolti in azienda

Brano in inglese: Advances in genetics, bioinformatics, and biotechnology present breeders with powerful tools to advance agriculture beyond the early days of these limited marker sets.4 Databases characterizing diversity within species are essential for driving breeding decisions. Sequence data and well-characterized marker sets can now be used to study phenotypes of interest. These data allow us to sequence new species, perform meta-analyses among large datasets, unravel complex traits, and empower our abilities in both marker-assisted selection (MAS) and GS. In the last few years, these technologies have revolutionized breeding of both livestock and crops in a field known as agrigenomics, the science of accelerating breeding decisions using whole genome information. Agrigenomics is enabling and revolutionizing how breeding decisions are made.

Milano, 21 luglio 2023

La Commissione

Prof. Alessandro Bagnato - Presidente

Prof.ssa Anna Alfea Sandrucci - Componente

Prof. Luca Rapetti - Componente

Dott. Carlo Rinaldi - Segretario