



**CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, PER IL RECLUTAMENTO DI N. 1 UNITÀ DI PERSONALE AFFERENTE ALL'AREA DELLE ELEVATE PROFESSIONALITÀ - SETTORE SCIENTIFICO-TECNOLOGICO, CON RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO A TEMPO INDETERMINATO PRESSO L'UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - DIPARTIMENTO DI BIOSCIENZE, NELL'AMBITO DEL PROGETTO DIPARTIMENTI DI ECCELLENZA 2023-2027 - CODICE 22479**

La Commissione giudicatrice della selezione, nominata con Determina Direttoriale n. 13077 del 01/08/2024, composta da:

Prof. Paolo Landini	Presidente
Prof. Federico Zambelli	Componente
Dott.ssa Clarissa Consolandi	Componente
Dott.ssa Desiree Paolina Celeste Forcolini	Segretaria

comunica le tracce relative alla prima prova.

## **TRACCIA n. 1**

*Il candidato dovrà utilizzare il font Arial 12 e giustificare il testo*

Il candidato descriva i principali impieghi in ambito scientifico delle tecniche di sequenziamento genomico WGS (Whole Genome Sequencing) e WES (Whole Exome Sequencing), illustrando in cosa differiscono dal punto di vista concettuale e applicativo, e delineando i passaggi principali delle pipeline bioinformatiche per l'analisi dei dati da queste prodotti.

## **TRACCIA n. 2**

*Il candidato dovrà utilizzare il font Arial 12 e giustificare il testo*

Il candidato descriva i principali impieghi in ambito scientifico delle tecniche di sequenziamento del trascrittoma a livello bulk (RNA-Seq) e di singola cellula (scRNA-Seq), illustrando in cosa differiscono dal punto di vista concettuale e applicativo, e delineando i passaggi principali delle pipeline bioinformatiche per l'analisi dei dati da queste prodotti.

## **TRACCIA n. 3**

*Il candidato dovrà utilizzare il font Arial 12 e giustificare il testo*

Il candidato descriva i principali impieghi in ambito scientifico delle tecniche per la caratterizzazione della regolazione dell'espressione genica (ad es. ChIP-Seq, ATAC-Seq, CUT&RUN, CUT&Tag), illustrando in cosa differiscono dal punto di vista concettuale e applicativo, e delineando i passaggi principali delle pipeline bioinformatiche per l'analisi dei dati da queste prodotti.

La Commissione comunica le tracce relative alla seconda prova.

## **TRACCIA n. 1**

1. Il candidato illustri gli approcci alla normalizzazione dimensionale e composizionale delle librerie RNA-Seq per la caratterizzazione di espressione differenziale dei geni, il loro scopo, e riporti un esempio di funzioni e/o pacchetti software che le implementino.
2. Il candidato spieghi come configurerebbe un sistema di backup automatico per proteggere dati bioinformatici critici in un ambiente UNIX/Linux.

## **TRACCIA n. 2**

1. Il candidato illustri le procedure di analisi bioinformatica che utilizzerebbe per analizzare i dati e caratterizzare i risultati di un esperimento ChIP-Seq eseguito su una linea cellulare umana (ad es.



- GM12878) e avente come bersaglio un fattore di trascrizione, includendo esempi di funzioni e/o pacchetti software che li implementino.
2. Il candidato spieghi come gestirebbe le risorse su un server UNIX/Linux multiutente per supportare l'analisi di grandi volumi di dati bioinformatici da parte di più gruppi di ricerca.

### TRACCIA n. 3

1. Il candidato illustri gli approcci bioinformatici che utilizzerebbe per analizzare i dati e caratterizzare i risultati di un esperimento RNA-Seq per l'analisi differenziale dell'espressione genica che includa campioni relativi a due condizioni, ciascuna con cinque replicati biologici, discutendo anche la funzione e l'utilità di tali replicati e facendo esempi di funzioni e/o pacchetti software che implementino gli approcci descritti.
2. Il candidato descriva i comandi principali necessari per gestire utenti, permessi e processi su un sistema UNIX/Linux.

Milano, 26 settembre 2024

La Commissione

Prof. Paolo Landini Presidente

Prof. Federico Zambelli Componente

Dott.ssa Clarissa Consolandi Componente

Dott.ssa Desiree Paolina Celeste Forcolini Segretaria