

CONCORSO PUBBLICO PER TITOLI ED ESAMI PER LA COPERTURA A TEMPO DETERMINATO DI N. 5 UNITA DI PERSONALE NEL PROFILO PROFESSIONALE DI RICERCATORE SANITARIO CAT. DS CON LAUREA IN BIOLOGIA/BIOTECNOLOGIE E COMPETENZE IN BIOINFORMATICA

PROVA TEORICO - PRATICA N° 1

DOMANDA N° 1: Resistoma batterico: definizione e tecniche per il suo studio

DOMANDA N° 2: Modelli evolutivi per la definizione/inferenza della distanza genetica nella produzione di alberi filogenetici: cosa sono, come funzionano, esempi e modelli

DOMANDA N° 3: filtrazione del dato primario di NGS: cos'è e come si fa

DOMANDA N° 4: Come progetteresti lo studio delle relazioni evolutive tra un insieme di ceppi batterici a scopo epidemiologico a partire dai loro dati WGS? Indicare il/i tipo/i di studio/i proposto/i e i loro elementi critici

DOMANDA N° 5: Studio per l'identificazione della funzione di una proteina a funzione sconosciuta a partire dai dati grezzi WGS

DOMANDA N° 6: Milestones di un progetto di ricerca: cosa sono e come si progettano

PROVA TEORICO - PRATICA N° 2

DOMANDA N° 1: Metagenoma: definizione e tecniche di studio

DOMANDA N° 2: Metodi basati sulle distanze genetiche nella produzione di alberi filogenetici: cosa sono, come funzionano, esempi di metodi, vantaggi e svantaggi rispetto ad altri metodi

DOMANDA N° 3: Formato FastQ: cos'è, come è fatto e a cosa serve

DOMANDA N° 4: Come progetteresti, mediante dati NGS, uno studio per l'identificazione dei geni coinvolti in uno specifico fenotipo batterico che si manifesta solo in una definita condizione in cui vi è il batterio in questione? Indicare il tipo di studio proposto e i suoi elementi critici.

DOMANDA N° 5: Predizione di complessi molecolari in ambito proteico: come si fa e campi di applicazione

DOMANDA N° 6: Criteri di valutazione di un progetto di ricerca: quali sono e come si verificano

PROVA TEORICO - PRATICA N° 3

DOMANDA N° 1: Trascrittoma: tecniche di studio e applicazioni

DOMANDA N° 2: Metodi basati su caratteri discreti (diverse basi nelle singole posizioni dell' allineamento) nella produzione di alberi filogenetici: cosa sono, come funzionano, esempi di metodi, vantaggi e svantaggi rispetto ad altri metodi

DOMANDA N° 3: Valutazione di un assemblato batterico: come la esegui, parametri da considerare

DOMANDA N° 4: Come progetteresti, partendo da dati NGS, lo studio del mobiloma di un insieme di ceppi batterici, per rilevare in modo accurato le eventuali differenze di elementi mobili tra i ceppi stessi? Indicare le modalità e gli elementi critici dello studio.

DOMANDA N° 5: Simulazione della dinamica d' interazione di macromolecole in ambito proteico: definizione esempi e campi di applicazione

DOMANDA N° 6: Elementi principali per la stesura di un progetto di ricerca

PROVA ORALE

prova n. 1:

Metriche di supporto dei nodi di un albero filogenetico: quali sono, cosa significano

Formato dei dati grezzi in NGS e criteri di filtrazione del dato grezzo

Cosa significa formattare un'unità di memoria?

Food and viruses: the key issues

Foodborne viral infections rank among the top 5 causes of disease, as estimated in the recent study published by the World Health Organization [1]. Most common causes are noroviruses and hepatitis A, while in some parts of the world hepatitis E is considered to be an emerging food borne disease.

prova n. 2:

Tipi di dati genomici utilizzabili in epidemiologia genomica

Possibili errori e difetti dell'assemblaggio di genomi batterici e loro risoluzione

Cos'è la scheda grafica?

What is the current state of genomic epidemiology in foodborne viruses?

The use of viral genomes in surveillance has been established since the 90s. Due to the often-low copy numbers in foods, sensitive Polymerase Chain Reaction (PCR)-based assays have been developed that target specific regions in the genome that can be used for typing [7, 8].

prova n. 3:

Cos'è un albero filogenetico: definizione ed elementi caratterizzanti

Studio dell'allelismo multiplo di geni noti in una popolazione: approcci NGS e loro criticità

Come si tiene traccia delle revisioni in un documento Word?

The benefits of such surveillance systems above the public repositories for sequence data, like GenBank, the European Nucleotide Archive (ENA) and the DNA Data Bank of Japan (DDJB), is that the typing of the sequences is curated, and meta data, such as potential transmission routes, outbreak location and the size of the outbreak can be submitted along with the sequences [7, 10-13].

prova n. 4:

In filogenesi, cosa si intende per topologia di un albero? Cosa rappresentano nodi e bracci di un albero?

Validazione di un metodo di sequenziamento NGS

Come si inserisce una formula nel programma Excel?

Therefore, since the sequencing of the complete genome of the prototype norovirus in 1990, molecular biology methods became mainstay in food virology, providing for the first-time tools applicable in this field [24]. Indeed, considering the low infectious dose of some human enteric viruses, only highly sensitive methods can be used.

prova n. 5:

In filogenesi, cosa si intende per radice di un albero? Differenze tra alberi con o senza radice.

Genoma condiviso (core genome) e genoma accessorio: ruolo nel confronto tra genomi (esempio analisi filogenetica)

Cosa sono le animazioni nel programma PowerPoint?

Given the wide genetic diversity of viruses, such an approach is limited to closely related viruses or viral families. It was applied to analyze the diversity of norovirus GI and GII genotypes in naturally contaminated oysters from Japan [26], using PCR primers targeting the N-terminal region of the VP1 protein commonly used to determine the norovirus genotype.

prova n. 6:

Tipologie di alberi per rappresentazione delle relazioni evolutive tra OTU

Evoluzione dei virus a DNA e RNA: differenze nei genomi e relative implicazioni in epidemiologia genomica

Tipi di grafici creati dal programma Excel.

Due to the high genetic diversity of the norovirus genus, it is difficult to design primers that are both sensitive and work for a broad range of strains. Therefore, a third strategy is agnostic NGS which uses random primers to circumvent this problem. With these techniques, the list of novel noroviruses has expanded especially for animals [32, 33].

prova n. 7:

Distanza genetica tra sequenze: cos'è e che uso se ne fa

Amplicon-sequencing in NGS: tipologie, utilizzi, vantaggi e difficoltà tecniche

Come si crea un grafico in Excel.

Sample processing

Minimal sample processing is preferred if the type of pathogen is unknown, but it sometimes fails to yield viral sequences due to the overwhelming amount of matrix and bacterial reads [42] (our own observations). The carefully validated and ISO accredited method for sample preparation for virus testing showed some limits when using this in combination with NGS [47].

prova n. 8:

Metodi filogenetici basati sulle distanze: di cosa si tratta

Analisi degli SNPs in epidemiologia genomica: in cosa consiste, come si fa

Cosa si intende per "cloud" in informatica?

Library preparation and sequencing Agnostic metagenomics is less sensitive compared to methods that specifically target viruses, and are potentially costlier as it can reduce the number of samples that can be multiplexed. Several techniques have been used to increase the amount of norovirus specific reads to allow for full genome sequencing.

prova n. 9:

Studi di correlazione genotipo-fenotipo sulla base di dati NGS: cos'è e come si attua

Analisi del dato di RNA sequencing in trascrittomico

Cos'è un Browser?

Data analysis

Following high throughput sequencing, several hundred thousand to several million reads are produced for each sample. Processing and analyzing such large amounts of data pose computational demands and requires knowledge of bioinformatics in order to select the most performing and adapted tool while reducing the analysis time.

prova n. 10:

Epigenoma: definizione e come si analizza

Analisi gene-per-gene in epidemiologia genomica: in cosa consiste, come si fa

Come si cambia la risoluzione dello schermo in windows?

The abundance of starting data and the variability of viral genomes make the assembly step a real computational challenge. One strategy to reduce computing efforts includes in silico normalization (BBnorm) by filtering excess coverage to eliminate redundant information and to reduce the complexity of the sample before starting de novo assembly [58].

prova n. 11:

Tecniche di laboratorio per la definizione della struttura delle proteine

Allineamento di proteine: principi, generalità e strumenti

Cosa sono e a cosa servono le porte USB?

However, full genome or long sequence characterization and/or agnostic approach will be essential either to trace the contaminating event or to identify emerging variants or viruses. In the case of food-related outbreaks, identification of all viral strains present in the sample may help to prevent further disease in humans (for example in a case of a sample with co-contamination of norovirus and hepatitis A virus).