

## TRACCE DELLE PROVE D'ESAME ESTRATTE

### Bando 367.111 DSB IBBE CTER

CONCORSO PUBBLICO PER TITOLI ED ESAMI PER L'ASSUNZIONE CON CONTRATTO DI LAVORO A TEMPO PIENO E INDETERMINATO DI UNA UNITA' DI PERSONALE PROFILO COLLABORATORE TECNICO ENTI DI RICERCA, VI LIVELLO PROFESSIONALE PRESSO L'ISTITUTO DI BIOMEMBRANE E BIOENERGETICA DI BARI (ORA ISTITUTO DI BIOMEMBRANE, BIOENERGETICA E BIOTECNOLOGIE MOLECOLARI – IBIOM) AFFERENTE AL DIPARTIMENTO DI SCIENZE BIOMEDICHE DEL CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE

#### Prova scritta: serie n. 1:

Prima traccia:

Il candidato descriva le principali procedure tecniche e le piattaforme tecnologiche che possono essere utilizzate per il sequenziamento dell'Esoma o di regioni di interesse clinico e i principali ambiti di applicazione.

Seconda traccia:

Il candidato descriva le principali caratteristiche della tecnologia di sequenziamento di seconda generazione(NGS) mettendo in evidenza vantaggi e limiti rispetto alla tecnologia sequenziamento di prima generazione (Sanger) e riporti un esempio di applicazione di interesse clinico, ambientale o agroalimentare.

Terza traccia:

Il candidato descriva le principali procedure tecniche, le piattaforme tecnologiche e gli strumenti per l'analisi bioinformatica che possono essere utilizzati per effettuare analisi metagenomiche e ne contestualizzi l'applicazione in ambito clinico, ambientale o agroalimentare.

#### Prova teorico-pratica: serie n. 2:

Prima serie di tre domande:

- 1) Descrivere il protocollo per il sequenziamento del gene ribosomale 16S batterico per effettuare analisi di microbioma in ambito clinico, ambientale o agroalimentare.
- 2) Descrivere i principali passaggi tecnici-sperimentali previsti per la preparazione di una libreria per il sequenziamento di DNA genomico con piattaforma Illumina.
- 3) Elencare i principali passaggi bioinformatici e gli strumenti necessari per la ricostruzione de novo di un genoma a partire da reads Illumina.

Seconda serie di tre domande:

- 1) Descrivere il protocollo sperimentale per la preparazione di librerie con "dual o single index" per il sequenziamento multiplex
- 2) Descrivere i principali sequenziatori Illumina indicando le applicazioni in cui la resa di ciascuno è più efficiente.
- 3) Descrivere a linee generali l'analisi bioinformatica necessaria per lo studio dell'espressione differenziale genica da dati di sequenziamento Illumina.

Terza Serie di tre domande:

- 1) Descrivere le diverse tipologie di protocolli per la preparazione di librerie RNAseq per il sequenziamento Illumina
- 2) Discutere i principali limiti tecnici legati alla preparazione di librerie RNAseq e miRNAseq
- 3) Descrivere le diversità esistenti nei protocolli di preparazione di librerie per exome-seq e target resequencing.