



**SELEZIONE PUBBLICA N. 2023T41, PER ESAMI, AL FINE DI REPERIRE N. 1 TECNOLOGO DI RICERCA, DI PRIMO LIVELLO (CATEGORIA STIPENDIALE “EP1”), DA ASSUMERE MEDIANTE CONTRATTO DI LAVORO A TERMINE, A TEMPO PIENO, PER N. 60 MESI, IN APPLICAZIONE DELL’ART. 24-B/S DELLA LEGGE 30.12.2010, N. 240, E DEL C.C.N.L. DEL 19.04.2018, IN QUANTO COMPATIBILE, PRESSO IL DIPARTIMENTO DI SCIENZE CHIRURGICHE, ONCOLOGICHE E GASTROENTEROLOGICHE - DISCOG.**

### QUESITI PROVA SCRITTA

#### Elenco n. 1

- 1) I sistemi di “containerizzazione” (containerization, in Inglese) sono spesso usati nello sviluppo di pipelines bioinformatiche di dati omici. Cosa sono? Quali benefici offrono? Conosce almeno un sistema che può brevemente descrivere?
- 2) I metodi di sequenziamento massivo di seconda (ad es. Illumina) e terza generazione (ad es. Oxford Nanopore) hanno numerose applicazioni trascrittomiche. Può spiegare vantaggi e svantaggi di queste tecnologie in relazione a studi trascrittomici, facendo riferimento ad una o due applicazioni specifiche, anche con degli esempi, e con un minimo dettaglio alle analisi bioinformatiche (approcci, metodi, programmi) che riterrebbe adeguato utilizzare?
- 3) Conosce il problema dei test multipli? Si presenta spesso nelle analisi di dati omici? Quali soluzioni possono essere contemplate?

#### Elenco n. 2

- 1) Lo sviluppo di pipeline computazionali ad alta intensità di dati può essere facilitato dall’utilizzo di “workflow systems”. Cosa sono e a cosa servono?
- 2) I metodi di mappaggio delle reads alle sequenze di riferimento (ad es. genoma) sono largamente utilizzati nelle analisi di dati omici ottenuti mediante sequenziamento massivo. In cosa consistono? Quali sono le principali differenze tra gli approcci di allineamento di dati di DNA-seq e RNA-seq?
- 3) I metodi per la riduzione della dimensionalità sono molto utilizzati nel contesto delle analisi di dati omici. A cosa servono? Può citarne alcuni e spiegarne uno brevemente, facendo riferimento almeno ad una delle possibili applicazioni?

#### Elenco n. 3

- 1) I metodi di sequenziamento massivo di seconda (ad es. Illumina) e terza generazione (ad es. Oxford Nanopore) hanno numerose applicazioni genomiche, nel campo della ricerca sul cancro. Può spiegare vantaggi e svantaggi di queste tecnologie in relazione a studi genomici, facendo riferimento ad una o due applicazioni specifiche per la caratterizzazione delle cellule tumorali, con un minimo dettaglio alle analisi bioinformatiche (approcci, metodi, programmi) che riterrebbe adeguato utilizzare?

- 2) Con algoritmi sempre più sofisticati, l'analisi dei dati ad alte prestazioni applica le risorse dell'HPC ai big data. Se ha esperienza di ambienti HPC, spieghi brevemente quali sono i principali "problemi" da gestire e con quali strumenti è possibile operare.
- 3) Qual è l'obiettivo principale quando si calcola il fit di un modello lineare ad una serie di dati, e perché è importante per effettuare previsioni?