

SELEZIONE PUBBLICA N. 2022N52, PER TITOLI ED ESAMI, PER L'ASSUNZIONE A TEMPO INDETERMINATO DI N. 1 PERSONA DI CATEGORIA D, POSIZIONE ECONOMICA D1, AREA TECNICA, TECNICO-SCIENTIFICA ED ELABORAZIONE DATI, A TEMPO PIENO, PRESSO L'UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA. TECNICO DI LABORATORIO DI ANALISI GENETICO-MOLECOLARI BASATE SU METODOLOGIE GENOMICHE E TRASCRITTOMICHE.

QUESITI COLLOQUIO

Busta Colloquio n. 1

1. La Candidata / il Candidato descriva come possano essere valutate la resa e la purezza di acidi nucleici estratti da campioni ambientali.
2. La Candidata / il Candidato commenti le procedure per quantificare, caratterizzare ed isolare microrganismi endofiti adatti per applicazioni volte alla promozione della crescita delle piante.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli Studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Il RDRL vi convoca per comunicare che fra 4 settimane arriverà uno studente di una Università straniera (Cornell University - USA) e frequenterà il laboratorio, di cui siete Coordinatore, per 6 mesi al fine di collaborare alle attività di ricerca del Gruppo di ricerca X. Come da regolamento interno siete quindi incaricati di curare tutta la parte burocratica e organizzare le attività per il corretto inserimento dello studente.

La Candidata / il Candidato descriva quali sono le operazioni che intende effettuare, la documentazione che ritiene necessaria e gli Uffici del Dipartimento e/o Ateneo con cui interagire.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

The development and continuous improvement of high-throughput sequencing platforms has stimulated interest in the study of complex microbial communities. Currently, the most popular sequencing approach to study microbial community composition and dynamics is targeted 16S rRNA gene metabarcoding. To prepare samples for sequencing, there are a variety of processing steps, each with the potential to introduce bias at the data analysis stage. In this short review, key information from the literature pertaining to each processing step is described and consequently, general recommendations for future 16S rRNA gene metabarcoding experiments are made.

Busta Colloquio n. 2

1. La Candidata / il Candidato descriva quale tipo di informazione venga fornita da un sequenziamento nucleotidico multi-amplicone e come possa essere interpretata, anche in riferimento alle procedure informatiche che possono assistere tale elaborazione.
2. La Candidata / il Candidato commenti quali differenze di risultato si attenderebbe nell'isolamento di microrganismi utili alla crescita di una pianta a partire da habitat non endofitici, comparando un isolamento diretto con uno mediato da ospite vegetale.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli Studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Il Direttore vi chiede di presentare un progetto a medio termine in cui illustrate quali sono le modalità per procedere alla innovazione strumentale e metodologica del laboratorio, ovvero quali sono le azioni che intende intraprendere per mantenere il laboratorio aggiornato in termini di strumentazione e metodologie. La Candidata / il Candidato descriva quali azioni, strategie, modalità intende seguire.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

CRISPR-Cas are self-/nonself-discriminating system found in prokaryotic cells. They represent a remarkable example of molecular memory that is hereditarily transmitted. Their discovery can be considered as one of the first fruits of the systematic exploration of prokaryotic genomes. Although this genomic feature was serendipitously discovered in molecular biology studies, it was the availability of multiple complete genomes that shed light about thier role as a genetic immune system. Here we tell the story of how this discorvery originated and was slowly and painstakingly advanced to the point of understating the biological role of what initially was just an odd genomic feature.

Busta Colloquio n. 3

1. La Candidata / il Candidato indichi le modalità pratiche che sceglierebbe per isolare DNA da tralci legnosi ai fini di un metabarcoding 16S.
2. La Candidata / il Candidato illustri come effettuerebbe l'interpretazione di curve di amplificazione nella PCR quantitativa.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Il Gruppo di ricerca Y, afferente al vostro stesso Dipartimento, chiede di acquisire una apparecchiatura scientifica di media complessità da installare successivamente presso il laboratorio di cui siete Coordinatore. Prima di autorizzare le procedure di acquisto, il Direttore ha bisogno di tutte le informazioni necessarie e a tale scopo vi convoca per la settimana prossima per avere da voi tali informazioni. La Candidata / il Candidato descriva quali informazioni intendete recuperare prima della riunione con il Direttore.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

The tree of life is one of the most important organizing principles in biology. Gene surveys suggest the existence of an enormous number of branches, but even an approximation of the full scale of the tree has remained exclusive. Recent depictions of the tree of life have focused either on the nature of deep evolutionary relationships or on the known, well-classified diversity of life with an emphasis on eukaryotes. These approaches overlook the dramatic change in our undestanding of life's diversity resulting from genomic sampling of previously unexamined environments.

Busta Colloquio n. 4

1. La Candidata / il Candidato commenti le motivazioni della scelta nell'utilizzo di kit ad operatività manuale rispetto a stazioni automatizzate per la estrazione e purificazione del DNA totale in relazione al materiale di origine.
2. La Candidata / il Candidato commenti i rischi interpretativi e l'attendibilità del risultato stesso di una PCR RealTime in relazione al rispettivo posizionamento dei primers sul template del gene bersaglio.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli Studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Il gruppo di ricerca W, afferente al vostro stesso Dipartimento, è stato autorizzato dalla Direzione all'acquisto di una strumentazione scientifica del valore indicativo di euro 100000 (centomila) al netto di IVA. Siete incaricati dal Direttore di procedere con le azioni e operazioni necessarie per completare l'acquisto secondo la normativa vigente. La Candidata / il Candidato descriva quali azioni intraprende, che documentazione prepara / richiede per completare, in modo completo, l'acquisto di tale strumentazione.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

The microbial diversity is, among soil key factors, responsible for soil fertility and nutrient biogeochemical cycles, and can be modified upon changes in main soil physicochemical properties and soil pollution. Over the years, many restoration techniques have been applied to restore degraded soils. However, the effect of these approaches on soil microbial diversity profile is less understood and thus requires more investigation. In this study, we investigated the impact of patented novel technology, used to restore degraded soils, on the soil microbial diversity.

Busta Colloquio n. 5

1. La Candidata / il Candidato commenti gli errori interpretativi che un metabarcoding batterico possa generare circa la stima della reale biodiversità di un ambiente.
2. La Candidata / il Candidato indichi le procedure informatiche per depositare sequenze nucleotidiche singole o dati grezzi di metabarcoding presso database pubbliche.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli Studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Il laboratorio è dotato di un sistema LIMS che voi avete richiesto e state attualmente utilizzando. La Candidata / il Candidato descriva le caratteristiche del sistema LIMS che sta usando.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

Nitrification, the oxidation of ammonia via nitrite to nitrate, has always been considered to be a two-step process catalyzed by chemolithoautotrophic microorganisms oxidizing either ammonia or nitrite. No known nitrifier carries out both steps, although complete nitrification should be energetically advantageous. This functional separation has puzzled microbiologists for a century. Here we report on the discovery and cultivation of a completely nitrifying bacterium from the genus *Nitrospira*, a globally distributed group of nitrite oxidizers. The genome of this chemolithoautotrophic organism encodes the pathways both for ammonia and nitrite oxidation.

Busta Colloquio n. 6

1. La Candidata / il candidato discuta le problematiche relative allo studio di microrganismi endofiti in specie legnose, in relazione allo stato fisiologico della pianta e dalle porzioni di tessuti in esame, alla rilevabilità mediante analisi molecolari qualitative e quantitative e alla coltivabilità ex planta.
2. La Candidata / il candidato descriva il significato e l'interpretazione dei cicli soglia Ct in funzione della abbondanza dei batteri target in una qPCR.
3. La Candidata / il Candidato supponga di essere Coordinatore di un laboratorio dell'Università degli Studi di Padova dove si svolgono sia attività di ricerca scientifica sia sono offerti servizi analitici all'utenza interna. Al fine di ottimizzare le operazioni, si ritiene opportuno automatizzare sia la strumentazione sia i protocolli. La Candidata / il Candidato descriva quali tipi di autocampionatore conosce incluse le stazioni di preparativa e la relativa manutenzione necessaria.

Brano per verifica comprensione lingua inglese

In the past few years, many studies investigated the anaerobic digestion microbiome by means of 16S rRNA amplicon sequencing. Results obtained from these studies were compared to each other without taking into consideration the followed procedure for amplicons preparation and data analysis. This negligence was mainly due to the lack of knowledge regarding the biases influencing specific steps of the microbiome investigation process. In the present study, the main technical aspects of the 16S rRNA analysis were checked giving special attention to the approach used for high throughput sequencing.