

QUESITI PROVA SCRITTA - SELEZIONE N. 2025N14

Prova 1

1. Quali sono le sfide principali nella gestione di dati provenienti da esperimenti multi-omics (genomica, proteomica, metabolomica)? Discuta l'importanza della standardizzazione dei formati e della documentazione per garantire l'interoperabilità.
2. Descriva i principi fondamentali alla base della creazione di pipeline di analisi bioinformatiche riproducibili e scalabili. Quali linguaggi di programmazione o strumenti software sono particolarmente adatti a questo scopo?
3. Quali sono le conseguenze di un'allocazione inefficiente delle risorse di calcolo in un ambiente HPC? Descriva gli strumenti comunemente utilizzati per monitorare e ottimizzare l'utilizzo delle risorse.

Prova 2

1. Descriva le considerazioni chiave nella progettazione di un esperimento RNA-seq, dalla scelta del numero di repliche alla profondità di sequenziamento. Come queste scelte influenzano le analisi successive?
2. Spieghi il ruolo dei sistemi di gestione delle versioni nella collaborazione tra gruppi di lavoro bioinformatici.
3. Illustri l'importanza della validazione e della verifica dei risultati ottenuti da analisi bioinformatiche. Quali approcci statistici o strumenti software possono essere utilizzati per garantire l'accuratezza e l'affidabilità delle conclusioni?

Prova 3

1. Illustri l'evoluzione degli strumenti di analisi genomici per il sequenziamento a singola cellula. Quali innovazioni hanno permesso di investigare il comportamento di diverse sottopopolazioni cellulari?
2. Quali sono gli aspetti critici nella configurazione di un ambiente containerizzato per analisi bioinformatiche? Fornisca un esempio di scenario in cui l'isolamento delle dipendenze è essenziale.
3. Quali sono le caratteristiche essenziali che deve avere un sistema di storage per supportare efficacemente la gestione di grandi volumi di dati, come quelli tipici di esperimenti biologici high-throughput?