



SELEZIONE PUBBLICA N. 2025S62, PER TITOLI ED ESAMI, AL FINE DI REPERIRE N. 1 TECNOLOGO DI RICERCA DI I LIVELLO (CATEGORIA STIPENDIALE PARI A EP1), DA ASSUMERE MEDIANTE CONTRATTO DI LAVORO A TERMINE, TEMPO PIENO, PER N. 24 MESI, AI SENSI DELL'ART. 24-B/S DELLA LEGGE 30.12.2010, N. 240, E DEL C.C.N.L. 19.04.2018, IN QUANTO COMPATIBILE, PRESSO IL DIPARTIMENTO DI MEDICINA MOLECOLARE – DMM.

QUESITI PROVA SCRITTA

ELENCO N. 1

- 1) Descriva come progetterebbe e implementerebbe una pipeline di analisi per dati di sequenziamento a partire dai file grezzi fino alla produzione dei risultati finali. Indichi le principali fasi operative, le scelte tecnologiche e come gestirebbe errori e aggiornamenti nel tempo.
- 2) Nel contesto del whole-genome sequencing, descriva le principali fasi sperimentali dell'analisi delle mutazioni in campioni patologici. Indichi inoltre come le scelte iniziali di disegno sperimentale possano influenzare la qualità dei dati e l'interpretabilità delle varianti identificate.
- 3) Spieghi come pianificherebbe l'esecuzione di una pipeline di analisi su un cluster HPC o su un'infrastruttura cloud, indicando le principali differenze operative.

ELENCO N. 2

- 1) Descriva alcune delle infrastrutture computazionali e dei software comunemente utilizzati per l'analisi dei dati di sequenziamento da piattaforme per il next-generation sequencing nell'ambito della medicina molecolare.
- 2) In un contesto di servizio che gestisce analisi di dati di sequenziamento per più progetti e utenti, descriva come progetterebbe una pipeline flessibile e riutilizzabile, in grado di adattarsi a differenti protocolli sperimentali e requisiti analitici.
- 3) Descriva come organizzerebbe ed eseguirebbe analisi bioinformatiche complesse su un sistema operativo Linux, illustrando le principali attività operative e gli strumenti utilizzati per il controllo dell'esecuzione.

ELENCO N. 3

- 1) Descriva come gestirebbe l'integrazione di nuovi dataset di sequenziamento all'interno di una pipeline esistente, assicurando coerenza con le analisi precedenti e qualità dei risultati.
- 2) Descriva criteri e modalità operative per l'utilizzo del cloud computing nell'analisi di dati biomedici, evidenziando vantaggi, limiti e aspetti organizzativi.
- 3) L'utilizzo di sistemi operativi e configurazioni diverse per sviluppare ed eseguire pipeline di analisi bioinformatica spesso sono causa di problemi di compatibilità e riproducibilità. Descriva come utilizzerebbe tecniche di virtualizzazione o containerizzazione per risolvere queste criticità.