La Commissione inizierà la correzione dalla *Parte 1- Domande con risposta sintetica*.
La Commissione procederà alla correzione della *Parte 2- elaborato* solo nei prodotti che abbiano raggiunto la soglia minima nella Parte 1- Domande con risposta sintetica necessaria per arrivare all'idoneità sul totale.

TRACCIA 1

Parte 1 – domande con risposta sintetica

1. Come è strutturato un file PED di genotyping?
2. Quale è il significato e come si calcola l'alfa diversità di una comunità microbica?
3. Che indicazioni fornisce l'analisi discriminante di dati genomici di comunità microbiche?
4. Nel NovaSeq6000 system, quanti tipi di flow cells sono disponibili?
5. Per caricare i dati di un RNAseq sul portale SRA e quindi renderli disponibili al pubblico, quali tipologie di metadati sono richiesti?
6. Quali sono le differenze tra un approccio di target enrichment e target amplification?
7. Il Bisulfite sequencing per quali tipologie di analisi viene impiegato?
8. Calcola il numero di reads richiesto per il sequenziamento di un genoma umano con copertura 100X con un sequenziamento Illumina 2x100.

Parte 2 – elaborato

Descrivere il protocollo di laboratorio, i file generati e il processamento dei dati per analizzare i risultati di un sequenziamento di metagenoma 16S rDNA di 60 campioni, suddivisi in due gruppi di 30 campioni ciascuno.

Limite massimo per le risposte:

Parte 1- domande con risposta sintetica **indicativamente tra tre e cinque righe**

***Parte 2- elaborato* – massimo tre facciate.**

La Commissione inizierà la correzione dalla *Parte 1- Domande con risposta sintetica*.
La Commissione procederà alla correzione della *Parte 2- elaborato* solo nei prodotti che abbiano raggiunto la soglia minima nella Parte 1- Domande con risposta sintetica necessaria per arrivare all'idoneità sul totale.

TRACCIA 2

Parte 1 – domande con risposta sintetica

1. Come è strutturato un file MAP di genotyping?
2. Cosa si intende per alfa e beta diversità di una comunità microbica?
3. Che indicazioni fornisce il multidimensional scale di dati genomici di comunità microbica?
4. Nel NovaSeq6000 system, quante lanes ci sono rispettivamente per le flow cells SP, S1, S2, e S4?
5. Come è organizzato un file metadata per QIIME2?
6. Cosa si intende per processo di tagmentazione nella preparazione di librerie per sequenziamento parallelo?
7. Due sequenze del 16S rDNA vengono generalmente considerate appartenere alla stessa OTU a livello tassonomico di specie quando il loro livello di similarità è superiore a quale percentuale?
8. Quanti k-meri di lunghezza 9 ci sono in una stringa di una sequenza nucleotidica composta da 18 nucleotidi?

Parte 2 – elaborato

Per realizzare un sequenziamento del genoma di un battere descrivere il protocollo di laboratorio, il tipo di file generati e il sistema di processamento dei dati.

Limite massimo per le risposte:

Parte 1- domande con risposta sintetica **indicativamente tra tre e cinque righe**

***Parte 2- elaborato* – massimo tre facciate.**

La Commissione inizierà la correzione dalla *Parte 1- Domande con risposta sintetica*.
La Commissione procederà alla correzione della *Parte 2- elaborato* solo nei prodotti che abbiano raggiunto la soglia minima nella Parte 1- Domande con risposta sintetica necessaria per arrivare all'idoneità sul totale.

TRACCIA 3

Parte 1 – domande con risposta sintetica

1. Cosa sono i file PED e MAP genotyping?
2. Come si calcola la beta diversità di una comunità microbica
3. Che indicazioni fornisce la Principal Componente Analysis di dati genomici di comunità microbica?
4. Nel NovaSeq6000 system, con reads 2 x 150 bp, quante Gb si possono generare con le flow cells SP, S1, S2 e S4?
5. Quali elementi costituiscono un file artifact in QIIME2?
6. Quando è opportuno procedere con una operazione di demultiplexing?
7. Cosa si intende per librerie pair-end e mate-pair?
8. Cosa rappresenta un volcano plot relativo ad un'analisi di espressione genica? Che valori si utilizzano per la rappresentazione?

Parte 2 – elaborato

Per realizzare la genotipizzazione di 1000 suini con PorcineSNP60 DNA Analysis Kit v2 Illumina, suddivisi in due gruppi di 500 campioni ciascuno divergenti per genetica, descrivere il protocollo di laboratorio, i file generati e il processamento dei dati per utilizzare le varianti per tracciare il tipo genetico.

Limite massimo per le risposte:

Parte 1- domande con risposta sintetica **indicativamente tra tre e cinque righe**

***Parte 2- elaborato* – massimo tre facciate.**