SELEZIONE PUBBLICA, PER TITOLI ED ESAME - COLLOQUIO, PER L'ASSUNZIONE, CON CONTRATTO A TEMPO PIENO E DETERMINATO DI 1 PRIMO RICERCATORE C.C.N.L. ISTRUZIONE E RICERCA A VALERE SUL PROGETTO PNRR – PRP@CERIC CUP J97G22000400006. SEDE DI LAVORO: SEDE DI AREA SCIENCE PARK PRESSO L'UNIVERSITÀ DI SALERNO - CAMPUS DI BARONISSI - VIA SALVATORE ALLENDE – BARONISSI (SA). PROFILO GENOMIC RESEARCHER

RIFERIMENTO BANDO TD6/2023.

Domande cartella n. 1

1. Descriva le classi biologiche e le funzioni degli smallRNA, i metodi di isolamento di queste molecole e la preparazione del materiale genetico per il sequenziamento massivo e parallelo.
2. Descriva i passaggi principali di una pipeline bioinformatica per l'identificazione di varianti somatiche a partire da dati di bulk sequencing.
3. Descriva i possibili utilizzi del laboratorio di preparazione dedicato alle scienze omiche come infrastruttura aperta agli utenti e presenti la propria esperienza nel campo, se del caso.

Domande cartella n. 2

1. Descriva le metodiche per le analisi epigenetiche, dalle modificazioni istoniche alla metilazione del DNA con protocolli basati sull'ibridazione e sul sequenziamento.
2. Descriva i principali tipi di design sperimentale, analisi bioinformatica e test statistici applicati nel contesto del sequenziamento del trascrittoma a singola cellula.
3. Descriva i possibili utilizzi del laboratorio di integrazione tra genomica/epigenomica e scienze omiche nell'ambito dello studio dei patogeni e delle infezioni correlate.

Domande cartella n. 3

1. Descriva le principali metodiche di indagine proteomica e come possono integrare/complementare i dati genomici e/o trascrittomici.
2. Descriva le caratteristiche statistiche (sparsità, rumore, eterogeneità, dropout) del dato tipicamente disponibile da piattaforme per l'analisi di singola cellula, sia nel caso della singola omica che della multi-omica.
3. Descriva un case study affrontabile nel laboratorio di integrazione tra genomica/epigenomica e scienze omiche a scelta in ambito virale o batterico, o nell'AMR.

Domande cartella n. 4

1. Descriva come analizzare i dati di varianti genomiche umane e le conseguenti ipotesi sugli impatti funzionali di tali varianti.
2. Descriva il setup di lavoro ottimale per rendere un'analisi bioinformatica riproducibile, scalabile e trasferibile su altre piattaforme di calcolo ad alte prestazioni.
3. Partendo da un case study di un focolaio recentemente registrato di origine batterica o virale, descriva il supporto che l'infrastruttura di integrazione tra genomica/epigenomica e scienze omiche potrebbe garantire al sistema sanitario locale o nazionale.

Trieste, 14/12/2023