

CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, PER LA COPERTURA DI UN POSTO DI RICERCATORE SANITARIO, CAT. D, LIVELLO ECONOMICO SUPER), A TEMPO DETERMINATO, AREA BIOINFORMATICA ED ANALISI DI DATI -OMICI IN AMBITO ONCOLOGICO.

(B.U.R. F.V.G. N. 26 DEL 29.06.2022; G.U. N. 78 DEL 30.09.2022)

Come stabilito dall'art. 19 del D.Lgs. 14 marzo 2013, n. 33, così come modificato dal D.Lgs. 25 maggio 2016, n. 97, si pubblicano di seguito i criteri di valutazione e le tracce della prova teorico-pratica stabiliti dalla Commissione esaminatrice, come risulta dal verbale del concorso in oggetto:

• **PROVA TEORICO-PRATICA**

Criteri di valutazione:

“... La Commissione, sempre al completo, stabilisce ora i **criteri e le modalità di valutazione delle prove concorsuali** al fine di assegnare i punteggi da attribuire successivamente alle singole prove: decide di evidenziare nei seguenti criteri ciò che sarà oggetto di valutazione nella **prova teorico-pratica**, che consisterà nella soluzione di **tre quesiti a risposta sintetica**, di cui uno finalizzato ad evincere la conoscenza applicativa in merito all'area di riferimento, sorteggiati tra una terna proposta:

- *attinenza ed esaustività della trattazione nell'ambito della sinteticità richiesta;*
 - *chiarezza e correttezza espositiva, anche dal punto di vista grammaticale, leggibilità;*
 - *capacità applicativa del caso pratico*
- ...”

Tracce:

Prova teorico-pratica n. 1

- 1) Dal file .fastq alla produzione di una lista di geni differenzialmente espressi tra due condizioni: elencare le fasi essenziali in un'analisi di espressione differenziale partendo da dati di RNA sequencing ottenuti da campioni tumorali.
- 2) CPM and TPM: cosa rappresentano e loro possibile utilizzo nell'analisi di campioni tumorali.
- 3) Calcolo dell'errore nel rapporto del valore medio di espressione di un gene di interesse rispetto al valore medio di espressione del gene housekeeping

Prova teorico-pratica n. 2

- 1) Strumenti bioinformatici per l'analisi di espressione differenziale da dati di RNA sequencing di campioni tumorali.
- 2) Normalizzazione delle conte nel workflow di analisi di dati di RNA sequencing di campioni tumorali: scopo e misure più comunemente utilizzate.
- 3) Calcolo dell'errore nel rapporto dei livelli di sopravvivenza medi di una linea cellulare trattata con un farmaco rispetto ai valori di sopravvivenza medi della linea cellulare non trattata.

Prova teorico-pratica n. 3

- 1) Approcci per l'identificazione di trascritti di fusione a partire da dati di RNA sequencing in campioni tumorali.

- 2) Gene Set Enrichment Analysis e Over-representation analysis nell'annotazione funzionale di geni differenzialmente espressi in campioni tumorali: principali caratteristiche e differenze.
- 3) Propagazione dell'errore: esempi di applicazione in un laboratorio di biologia molecolare del cancro.

- **PROVA ORALE**

Criteri di valutazione:

“...La Commissione decide che nella **prova orale**, costituiranno elemento di valutazione, al fine di attribuire il relativo punteggio

- *esaustività e capacità di inquadramento ed analisi dell'argomento oggetto del quesito;*
 - *chiarezza e correttezza espositiva.*
-”

Quesiti:

- **quesito n. 1**
 - Principali problematiche legate all'analisi NGS di campioni tumorali FFPE
- **quesito n. 2**
 - Cosa sono i trascritti di fusione e come possono essere identificati
- **quesito n.3**
 - Z-score: come si calcola, cosa rappresenta ed esempi di applicazione
- **quesito n.4**
 - PCA e tSNE nell'analisi trascrittomiche di campioni tumorali: cosa sono e differenze essenziali