40_CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, PER LA COPERTURA A TEMPO DETERMINATO, DELLA DURATA DI CINQUE ANNI PER N. 1 POSTO DI RICERCATORE SANITARIO DA ASSEGNARE ALLA DIREZIONE SCIENTIFICA

PROVA 1

1. Definire il concetto di "read" in un esperimento di next generation sequencing

2. Descrivere cosa si intende per polygenic risk score e quali dati servono per calcolarlo

3. Elencare le principali fasi dell'analisi bioinformatica in un esperimento di RNAseq bulk

4. Quali informazioni contiene il file FASTQ?

5. Cosa rappresenta un volcano plot?

6. Descrivere brevemente il concetto di "batch effect" e una tecnica statistica per correggerlo

7. Similitudini e differenze tra il test del chi-quadrato e la regressione logistica

FONDAZIONE I.R.C.C.S. ISTITUTO NEUROLOGICO
C. BESTA
Via Celoria N. 11
MILANO

LP ES

Linda Maldera 23/02/1992 27/10/2025

PROVA NON ESTRATTA

Linda M

40_CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, PER LA COPERTURA A TEMPO DETERMINATO, DELLA DURATA DI CINQUE ANNI PER N. 1 POSTO DI RICERCATORE SANITARIO DA ASSEGNARE ALLA DIREZIONE SCIENTIFICA

PROVA 2

1. Elencare le principali fasi dell'analisi bioinformatica in un esperimento di Exome Sequencing

2. Spiegare che cosa si intende per imputazione di varianti genetiche e quale ruolo svolge il linkage disequilibrium in questo processo

3. Cosa si intende per coverage?

4. Che tipo di dati contiene un file BED e quali sono gli utilizzi principali?

5. Elencare gli output attesi da un esperimento di bulk RNA-seq

6. Qual è la differenza tra test parametrici e non parametrici? Citare un esempio di ciascuno

7. Cosa è una variabile confondente e come si può gestire analiticamente?

FONDAZIONE I.R.C.C.S. ISTITUTO NEUROLOGICO
C. BESTA
Via Celoria N. 11
MILANO

RP ES

Linda Maldera 23/02/1992 27/10/2025

PROVA NON ESTRATTA

Linda Maldera

40_CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, PER LA COPERTURA A TEMPO DETERMINATO, DELLA DURATA DI CINQUE ANNI PER N. 1 POSTO DI RICERCATORE SANITARIO DA ASSEGNARE ALLA DIREZIONE SCIENTIFICA

PROVA 3

1. Cosa contiene un file VCF e come viene utilizzato nell'analisi genomica?

2. Quali tecniche di dimensionality reduction sono più usate per visualizzare dati trascrittomici complessi? Descriverne due

3. Che cos'è uno studio di associazione Genome-Wide (GWAS) e quali tipi di varianti genetiche analizza?

4. Elencare le principali fasi dell'analisi bioinformatica in un esperimento di Exome Sequencing

5. Cosa si intende per coverage?

6. Che cos'è la potenza statistica e da cosa dipende?

7. Quali sono i requisiti principali per applicare correttamente una regressione lineare?

FONDAZIONE I.R.C.C.S. ISTITUTO NEUROLOGICO
C. BESTA
Via Celoria N. 11
MILANO

1P 8M ES

Linda Moldera 23/02/1992 27/10/2025

PROVA ESTRATTA

Linda M