



Art. 19 del d. lgs. 33/2013 e ss.mm.ii. - Obblighi di pubblicazione concernenti i bandi di concorso per il reclutamento, a qualsiasi titolo, di personale.

Bando: d.d. n. 3850 del 18.09.2024 - pubblicato nella G.U.R.I., 4^a serie speciale «concorsi ed esami» n. 79 del 01.10.2024

Oggetto del bando: Selezione pubblica, per titoli ed esami, per il reclutamento di un tecnologo di secondo livello, con rapporto di lavoro subordinato a tempo *determinato* e orario di lavoro a tempo pieno, per un impegno pari a 36 ore medie settimanali nel trimestre, per attività di supporto tecnico e amministrativo nell'ambito del progetto PNRR "Health Extended Alliance for Innovative Therapies, Advanced Lab-research, and Integrated Approaches of Precision Medicine - Acronimo HEAL ITALIA" - Sub Project "Prediction models: Advanced prediction models for prognosis and therapeutic response based on comprehensive data treatment; Validation at single-cell level" - Dipartimento di Scienze Biomediche e Biotecnologiche dell'Università degli Studi di Catania - d.d. n. 3850 del 18.09.2024 - pubblicato nella G.U.R.I., 4^a serie speciale «concorsi ed esami» n. 79 del 01.10.2024

Commissione d'esami nominata con Decreto direttoriale n 5495 del 13.12.2024

Presidente: Prof. Marco Fichera

Segretaria: Dott.ssa Claudia Santina Rocco

Componente: Prof. Corrado Romano

Componente: Prof. Luca Falzone

A. Prova scritta: prevista non prevista

Elenco tracce prova scritta se prevista (da pubblicare al termine della procedura).

- 1.
- 2.
- 3.

B. Prova orale: prevista non prevista

Elenco tracce prova orale se prevista (da pubblicare al termine della procedura).

Quesiti estratti dalla Candidata:

1. Quali strategie sperimentali in vitro potrebbero essere implementate per testare l'effetto di specifiche varianti genetiche identificate tramite NGS sul comportamento delle cellule tumorali?
2. Come si possono distinguere le varianti genetiche causali da quelle neutrali utilizzando una combinazione di RNA-seq, NGS e analisi bioinformatiche?
3. Quali sono le principali sfide nella correlazione dei dati di RNA-seq con le varianti genetiche individuate tramite NGS, e come si potrebbero affrontare per ottenere risultati più accurati nella valutazione del ruolo del genoma tumorale?

Quesiti NON estratti dalla Candidata:

1. Come può l'integrazione dei dati di RNA-seq con quelli di NGS genomico migliorare la comprensione dei meccanismi molecolari alla base delle alterazioni del genoma tumorale?
2. Quali approcci bioinformatici sono più efficaci per analizzare le varianti genetiche rilevate tramite NGS in relazione all'espressione genica osservata tramite RNA-seq?



3. In che modo i dati RNA-seq possono essere utilizzati per identificare cambiamenti nell'espressione di geni associati a varianti genetiche nel genoma tumorale?

Articolo scientifico selezionato per valutare la conoscenza della lingua inglese

Tassano E, Ronchetto P, Calcagno A, Fiorio P, Gimelli G, Capra V, Scala M. 'Distal 16p12.2 microdeletion' in a patient with autosomal recessive deafness-22. J Genet. 2019 Jun;98(2):56. PMID: 31204719.

C. Altre prove: prevista non prevista X

Tipo di prova:

Elenco tracce altre prove (da pubblicare al termine della procedura).

- 1.
- 2.
- 3.

Il presente documento è parte integrante del verbale n. 5 del 30.01.2025

Il presidente della Commissione.