CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, A N. 1 POSTO DI CATEGORIA D, POSIZIONE ECONOMICA D1, AREA TECNICA, TECNICO-SCIENTIFICA ED ELABORAZIONE DATI, CON RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO A TEMPO INDETERMINATO E PIENO PRESSO IL DIPARTIMENTO DI BIOTECNOLOGIE E BIOSCIENZE. (COD. 21PTA009)

Criteri valutazione prova scritta e prova orale

Criteri per la prova scritta.
La prova scritta dovrà servire a mettere in evidenza le competenze del candidato inerenti le metodologie di analisi della biodiversità mediante approcci molecolari e tecniche di sequenziamento del DNA.

I criteri di valutazione saranno: grado di conoscenza della materia.

Criteri per la prova orale
La prova orale dovrà servire a mettere in evidenza le competenze del candidato riguardanti il processamento di campioni biologici per analisi di identificazione molecolare.
Durante la prova orale verrà accertata la conoscenza della lingua inglese e delle apparecchiature e applicazioni informatiche più diffuse.

I criteri di valutazione saranno: grado di conoscenza della materia.

Criteri per la valutazione dei titoli (totale massimo 20 punti).

a) **anzianità di servizio, calcolata alla data di scadenza del bando, fino ad un massimo di 8 punti:**

- anzianità di servizio prestata a tempo indeterminato o determinato presso le Università per un periodo continuativo almeno pari ad un anno: **2 punti per ogni anno.** Il punteggio è dimezzato se il servizio è stato prestato nelle categorie inferiori rispetto alla categoria dei posti messi a concorso. **Fino ad un massimo di 6 punti;**

- anzianità di servizio prestata sotto forma di co.co.co. presso le Università, per un periodo continuativo almeno pari ad un anno: **1 punto per ogni anno. Fino ad un massimo di 3 punti;**

- anzianità di servizio prestata a tempo indeterminato o determinato o co.co.co. presso altre Pubbliche Amministrazioni, per un periodo continuativo almeno pari ad un anno: **0,5 punti per ogni anno. Fino ad un massimo di 4 punti;**

b) **incarichi professionali, fino ad un massimo di 3 punti:**

vi rientrano gli incarichi di responsabilità o funzione specialistica, formalmente attribuiti, di durata continuativa almeno pari ad un anno.
.1 Punto per ogni anno di incarico, continuativo.

c) **altri titoli, fino ad un massimo di 3 punti:**

vi rientrano i titoli di studio, i titoli scientifici quali pubblicazioni e lavori originali, altri titoli quali attività didattiche, partecipazione a convegni in qualità di relatore o correlatore.
.1 punto per ogni master
.1 punto per Dottorato di Ricerca
.0.5 punti per ogni pubblicazione su rivista indicizzata
.0.5 punti per ogni incarico di insegnamento universitario
.0.5 punti per ogni partecipazione a convegno in qualità di relatore/correlatore.

d) precedenti esperienze professionali, fino ad un massimo di 3 punti:

vi rientrano le precedenti attività lavorative, svolte a qualsiasi titolo di durata continuativa almeno pari ad un anno.
.1 punto per ogni anno di attività, continuativa

e) formazione, fino ad un massimo di 3 punti:

vi rientrano gli attestati di qualificazione e/o specializzazione a seguito di corsi di qualificazione e/o specializzazione organizzati da pubbliche amministrazioni o enti privati e gli attestati di partecipazione a convegni o seminari di studio o corsi di formazione.
.0.5 punti per ogni attestato di qualificazione e/o specializzazione
.0.5 punti per ogni partecipazione a convegni/seminari

Prove scritte

PROVA N. 1
Descrivere l'approccio DNA metabarcoding applicato alla caratterizzazione della biodiversità nell'ambito dei metazoi, discutendo anche vantaggi e criticità dell'utilizzo del marcatore molecolare mtDNA *COI*

PROVA N. 2
Nel contesto delle analisi molecolari DNA-based della biodiversità di matrici complesse (ad es. *novel* foods, cibi fermentati, ecc), descrivere applicazioni, aspetti innovativi e prospettive future.

PROVA N. 3
Descrivere le analisi molecolari DNA-based che possono essere applicate per lo studio della biodiversità microbica di ecosistemi naturali (ad es. suolo, acqua, ecc.), specificando la rilevanza ed il ruolo delle principali banche dati di riferimento.

Prove orali

GRUPPO 1
- DNA ambientale: definizione
- Cosa misura la statistica Bray-Curtis applicata ai dati di sequenziamento di DNA HTS?
- Cosa si intende per ESVs (Exact Sequence Variants) anche dette ASVs (Amplicon Sequence Variants)?
- Come si calcola la media con Excel.

Fermentation is an ancient method of preserving food that depends on the reproducible formation of multiple species of microbial communities (1). It has been applied to food processing for thousands of years to extend shelf life and enhance nutritional properties (2). It remains a major technology for essential food production and can be used to produce healthy foods with a wide diversity of flavors, aromas, and textures, including alcoholic beverages, vinegar, pickled vegetables, sausage, cheese, yogurt, sauces and pastes, and bread (3). Fermented foods play important roles in diets worldwide and account for approximately one-third of all food and beverage consumption (4).

GRUPPO 2
- Nell'ambito del DNA metabarcoding, cosa si intende per universalità dei primer?
- Definizione di weigheted Unifrac e unweighted Unifrac applicata ai dati di sequenziamento di DNA HTS nella stima della beta-diversity
- Qual è il range di lunghezza di una read sequenziata con la tecnologia Illumina?
- Come tagliare una immagine inserita in un file di Word.

To date, the traditional fermentation of foods such as cider, cereal-based beverages, kefir, and kombucha has used spontaneous fermentation (5). Complex and dynamic microbial ecosystems, in which bacteria, yeast, and filamentous fungi cohabit, interact, and communicate, are fundamental to the quality and safety of these fermented foods. The microbiome also contributes to the preservation of traditional methods (1, 6). In addition, food fermentation is an excellent model to investigate the microbial ecology of natural environments, owing to its simplicity, reproducibility, and accessibility and the cultivability and ease of manipulation of its associated microbial communities (1, 7).

GRUPPO 3

- Cosa si intende per metagenomica?
- Il DNA metabarcoding permette sempre l'assegnazione tassonomica a livello di specie? Commentare.
- Cosa si intende per sequenze di DNA chimera (nell'ambito del sequenziamento HTS) e quando si generano?
- Descrivere come fare una immagine animata con Power Point.

The field of microbiome biology (microbial community and functional analysis) has expanded enormously in the era of high-throughput functional genomics (8) and is beginning to incorporate multiple meta-omics approaches, including metagenomics, metatranscriptomics, metaproteomics, and metabolomics (9). Integration of these meta-omics approaches allows for the systematic study of microbial species, genes, metabolites, and activities; it contributes to our understanding of the organization, function, and interactions of organisms within communities (10, 11). Meta-omics approaches have shed light onto complex microbial communities that were once unknown (12), for example, microbiota in acid mine drainage (13), gastrointestinal microbiota (14), and microbiota in fermentation processes (15).

GRUPPO 4

- Cosa si intende per microbioma?
- Descrivere il principio su cui si basa il sequenziamento Nanopore (Oxford Nanopore Technologies. Per es. la tecnologia Minlon)
- Cosa si intende per paired-end sequencing?
- Illustrare come utilizzare le formule di Excel per effettuare una somma.

Unlike the fermentation of the most widely consumed black tea, which is actually the oxidation of catechins, pu-erh tea is produced by a spontaneous microbial fermentation. As a well-known traditional Chinese fermented food with multiple health benefits, such as hypolipidemic, antimutagenic, antioxidative, antitumor, antiobesity, and toxicity-suppressing activities (16), it is popular in Southeast Asia and is becoming increasingly popular in the Western world. Microbial communities in the fermentation of pu-erh tea have previously been studied using culture methods and culture-independent approaches, including denaturing gradient gel electrophoresis, 16S rRNA gene clonal library, and next-generation sequencing (17).

GRUPPO 5

- Cos'è il DNA metabarcoding?
- Principali bias di PCR che si incontrano nell'applicazione del DNA metabarcoding
- Qual è la principale differenza tra un sequenziamento di tipo HiSeq e MiSeq?
- Illustrare come salvare un file di Word in pdf.

Recently, a study by Li et al. (18) using shotgun metagenomic and metabolomic analyses showed that significant variations in the composition of microbiota, collective functional genes, and flavor compounds occurred during the fermentation process. In a previous study, we developed an integrated metagenomics/metaproteomics approach and used the approach to investigate the microbial communities and enzymes of one fermented sample of pu-erh tea (19). However, to our knowledge, there have been no reports conducted using an integrated meta-omics approach to study the microbiome in pu-erh tea fermentation. In addition, little is known about the enzymes involved in the metabolism of phenolic compounds, which are essential for tea processing.

GRUPPO 6

- Quali sono le principali fasi di un tipico workflow sperimentale di lavoro nell'ambito dell'environmental DNA metabarcoding?
- Definire beta-diversity applicata ai dati di sequenziamento di DNA HTS.
- Nel DNA metabarcoding il numero di reads ottenute correlano con la biomassa? Commentare
- Illustrare come inserire il numero di pagina in un file di Word.

To conduct a systematic review of the fermentation mechanism of pu-erh tea, the microbiome in fermentation was studied using an integrated meta-omics approach. Bacterial 16S rRNA gene and fungal internal transcribed spacer 1 (ITS1) amplicon sequencing was used to characterize microbial succession during fermentation; the microbial activity was studied using a liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS)-based metaproteomics analysis. Metabolic succession was detected by high-performance liquid chromatography (HPLC) and an ultrahigh-performance liquid chromatography (UPLC)-MS/MS-based metabolomics analysis. Further, we surveyed microbial enzymes involved in the degradation of polysaccharides and the metabolism of phenolic compounds (Fig. 1). This work advanced the production of pu-erh tea and highlights the power of integrated meta-omics approaches in understanding the microbiome in food fermentation ecosystems.

Milano, 23 settembre 2021

[redacted]

PROF. GALLI PAOLO	PRESIDENTE
PROF.SSA BAZZOCCHI CHIARA	COMPONENTE
DOTT. FERRI EMANUELE	COMPONENTE
Dr.ssa ZOBBI VIRNA FRANCA	SEGRETARIO