



**PROVA TEORICO-PRATICA N.1:**

- a) Il candidato presenti alcuni tra i principali metodi computazionali per l'analisi dati di trascrittoma, discutendone gli aspetti scientifici e tecnologici rilevanti, illustrando i recenti avanzamenti proposti in letteratura e tratteggiando almeno un esempio nell'ambito della biologia dei sistemi.
- b) Il candidato presenti una pipeline per l'analisi di dati genomici a singola cellula, schematizzandone le diverse fasi, discutendone gli aspetti implementativi, illustrando gli strumenti disponibili in letteratura e le risorse computazionali necessarie alla sua esecuzione.

**PROVA TEORICO-PRATICA N.2: PROVA ESTRATTA**

- a) Il candidato presenti i passaggi principali e le tecniche più utilizzate per l'analisi dei dati genomici a singola cellula, discutendone gli aspetti scientifici e tecnologici rilevanti, illustrando i recenti avanzamenti proposti in letteratura e tratteggiando almeno un esempio nell'ambito della biologia dei sistemi.
- b) Il candidato presenti un workflow per analisi dati di RNA-seq, schematizzandone le diverse fasi, discutendone gli aspetti implementativi, illustrando gli strumenti disponibili in letteratura e le risorse computazionali necessarie alla sua esecuzione.

**PROVA TEORICO-PRATICA N.3:**

- a) Il candidato presenti strategie e problematiche relative all'implementazione e all'utilizzo di una infrastruttura informatica dedicata alle attività di genomica computazionale, con particolare riguardo alle necessità di calcolo e di storage legate all'utilizzo dei dati generati dai sistemi di sequenziamento di nuova generazione.
- b) Il candidato illustri una strategia computazionale per l'identificazione, a partire da dati genomici, delle determinanti trascrizionali che sottendono lo sviluppo, la differenziazione e la risposta degli ecosistemi cellulari del cancro, discutendone gli aspetti implementativi e le risorse computazionali necessarie alla sua esecuzione.