

**Ambiente di lavoro basato su sistema operativo Linux e/o Unix e linguaggi di programmazione: Python o Perl o Java o Javascript.**

Descrivere le principali caratteristiche della linea di comando LINUX/UNIX e le modalità per gestire i processi in esecuzione.

Descrivere le principali caratteristiche della linea di comando LINUX/UNIX e le modalità per accedere alla linea di comando di un server remoto LINUX/UNIX.

Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Dato un file di assembly, descrivere una modalità per calcolare il numero di *contigs*.

Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Dato un file di assembly, descrivere una modalità per calcolare la percentuale di basi GC rispetto al totale.

Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Dato un file di assembly, descrivere una modalità per calcolare la lunghezza del *contig* più lungo.

**Biologia molecolare, tecniche di manipolazione degli acidi nucleici, genetica dei microrganismi.**

Descrivere i passaggi fondamentali dell'estrazione degli acidi nucleici e quali sono le tecniche più comuni

Quali sono le funzioni degli acidi nucleici e quali sono le principali tecniche utilizzate per lo studio di queste molecole

Descrivere la tecnologia NGS e le principali applicazioni in microbiologia.

Indicare e descrivere i principali strumenti bioinformatici per l'analisi di sequenze NGS Illumina.

Descrivere i principali metodi di tipizzazione molecolare applicati in microbiologia

## ESTRATTI IN LINGUA INGLESE

Most metazoan mitochondrial genomes contain 37 genes, including 22 tRNAs, 13 protein-coding genes, and two rRNAs. Mitochondrial gene products are involved in cellular energy production through oxidative phosphorylation. Along with some imported products from the cytoplasm, they also allow for mitochondrial autonomy in DNA replication, transcription, and translation of organellar proteins.

The metazoan mitochondrial genome consists of extranuclear DNA of relatively small size (16 to 20 kbp) that exists in a high copy number per animal cell. Animal mitogenomes show very conserved genetic content, a limited occurrence of gene duplications, short intergenic segments, and generally lack introns. These features have made mitochondrial DNA (mtDNA) the most accessible genomic information for many species.

The characteristics of mtDNA enable the analysis of complex evolutionary processes such as gene rearrangements, replication, transcription, and regulation of gene expression at a resolution that is currently not possible for nuclear genomes. Despite gene content being preserved in most metazoans, gene arrangements and duplications can distinguish specific evolutionary lineages.

Fragments of the mitogenomes can also be transferred into the nuclear DNA, constituting nuclear mitochondrial DNA sequences. Therefore, specific tests are needed to validate the mitochondrial origin of newly sequenced genomes. Mitogenomes in the phylum Arthropoda are the second most studied behind Chordata.

Mitochondrial genomes are the most sequenced genomes after bacterial and fungal genomic DNA. However, little information on mitogenomes is available for multiple metazoan taxa, such as Culicoides, a globally distributed, megadiverse genus containing 1,347 species. Metazoan mitogenomes are among the most abundant genomes deposited in nucleotide databases to date.