

## PROVA TEORICO PRATICA "A"

1. Descrivere i passaggi fondamentali dell'estrazione degli acidi nucleici e quali sono le tecniche di estrazione più comuni.
2. Descrivere le principali differenze tra cgMLST, wgMLST e SNP analysis.
3. Descrivere le modalità per terminare un programma in esecuzione di nome "esempio\_processo.sh" in un server LINUX/UNIX. Scrivere le istruzioni da inserire nella linea di comando.
4. Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Scrivere una porzione di codice, nel linguaggio scelto, per leggere un file di assembly "assembly.fasta" e calcolare il numero di contigs e la percentuale di basi GC rispetto al totale.
5. Indicare le principali figure della piramide della ricerca e descrivere le loro funzioni.

## PROVA TEORICO PRATICA "B"

1. Descrivere la tecnologia NGS e le principali applicazioni in microbiologia.
2. Indicare e descrivere i principali strumenti bioinformatici per l'assemblaggio di sequenze NGS Illumina.
3. Descrivere le modalità per accedere alla linea di comando di un server remoto LINUX/UNIX con indirizzo IP "192.168.1.1" in modalità sicura. Scrivere le istruzioni da inserire nella linea di comando.
4. Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Scrivere una porzione di codice, nel linguaggio scelto, per leggere un file di assembly "assembly.fasta" e calcolare il numero di contigs e la lunghezza di quello più lungo.
5. Indicare e descrivere le responsabilità ed i compiti degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali.

## PROVA TEORICO PRATICA "C"

1. Descrivere le fasi della reazione PCR e i suoi principali utilizzi in microbiologia.
2. Descrivere alcune applicazioni della metagenomica nell'ambito della microbiologia.
3. Descrivere le modalità per trovare un file in una cartella o nelle sotto-cartelle che contenga nel nome la stringa "fasta". Scrivere le istruzioni da inserire nella linea di comando LINUX/UNIX.
4. Descrivere brevemente uno dei linguaggi di programmazione, a scelta tra Perl, Python, Java o Javascript. Scrivere una porzione di codice, nel linguaggio scelto, per leggere un file di assembly "assembly.fasta" e selezionare i contigs che hanno una lunghezza superiore a 200.
5. Descrivere le principali caratteristiche di un sistema informativo per la gestione dei dati di laboratorio.