

PROVA ESTRATTA

TEMA 2

Analizza il processo di sviluppo di workflow bioinformatici utilizzando il linguaggio di programmazione R.

Descrivi come R possa essere impiegato per creare flussi di lavoro efficienti nell'analisi di dati genomici, dall'elaborazione iniziale alla visualizzazione dei risultati.

Evidenzia i vantaggi e le eventuali sfide legate a questo approccio, fornendo esempi concreti e strumenti di pacchetti R utilizzati in questo contesto.

PROVE NON ESTRATTE

TEMA 1

Descrivi le principali fasi delle pipeline bioinformatiche per analizzare ed interpretare i polimorfismi a singolo nucleotide (SNP) dei dati genomici.

TEMA 3

Discuti l'utilizzo degli algoritmi basati sulla teoria dei grafi e la simulazione computazionale per l'analisi dei pathway biologici. Illustra come questi approcci bioinformatici possano essere impiegati per rivelare relazioni complesse tra geni e proteine all'interno dei pathway.

Discuti l'efficacia di queste metodologie nell'identificazione di modelli biologici significativi e nella comprensione dei processi cellulari.