



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

CONCORSO PUBBLICO, PER ESAMI, PER IL RECLUTAMENTO DI N. 1 UNITÀ DI PERSONALE AFFERENTE ALL'AREA DEI FUNZIONARI, SETTORE SCIENTIFICO-TECNOLOGICO, CON RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO A TEMPO INDETERMINATO PRESSO L'UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - DIPARTIMENTO DI BIOTECNOLOGIE MEDICHE E MEDICINA TRASLAZIONALE - CODICE 22503

La Commissione giudicatrice della selezione, nominata con Determina Direttoriale n. 18079 del 31/10/2024, composta da:

Prof.ssa Emma Selina Rosa De Fabiani	Presidente
Dott.ssa Nicoletta Loberto	Componente
Prof. Diego Rodolfo Colombo	Componente
Dott. Giampaolo Bosi	Segretario

comunica i quesiti relativi alla prova orale:

GRUPPO DI QUESITI N. 1

1 Descrivere come si prepara un campione per effettuare un'analisi di proteomica

2 Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne della tabella allegata

La seguente tabella (vedere Allegato 1 del presente Verbale) riporta alcuni dati ottenuti dall'analisi metabolomica di diversi campioni. Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne (dati provenienti da analisi eseguite con uno spettrometro di massa presente presso l'Università degli Studi di Milano)

Brano in inglese tratto da: "Multigrid MALDI mass spectrometry imaging (mMALDI MSI)" - Urbanek A. et al; Anal Bioanal Chem (2016) 408:3769-3781 - DOI 10.1007/s00216-016-9465-4.

Matrix-assisted laser desorption/ionization mass spectrometry imaging (MALDI MSI) is an important technique for the spatially resolved molecular analysis of tissue sections.

The selection of matrices influences the resulting mass spectra to a high degree.

For extensive and simultaneous analysis, the application of different matrices to one tissue sample is desirable. To date, only a single matrix could be applied to a tissue section per experiment. However, repetitive removal of the matrix makes this approach time-consuming and damaging to tissue samples.

To overcome these drawbacks, we developed a multigrid MALDI MSI technique that relies on automated inkjet printing to place differing matrices onto predefined dot grids.

GRUPPO DI QUESITI N. 2

1 Descrivere come si costruisce una curva di calibrazione per l'analisi quantitativa in spettrometria di massa

2 Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne della tabella allegata

La seguente tabella (vedere Allegato 2 del presente verbale) riporta alcuni dati ottenuti dall'analisi proteomica di campioni derivanti da due gruppi sperimentali (control e treated) costituiti ciascuno da tre replicati biologici. Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne (dati provenienti da analisi eseguite con uno spettrometro di massa presente presso l'Università degli Studi di Milano)

Brano in inglese tratto da: "Mass Spectrometry Imaging: A Review of Emerging Advancements and Future Insights" - Buchberger A.R. et al; Anal Chem (2018) 90(1):240-265 - doi: 10.1021/acs.analchem.7b04733

With the numerous technological advances in recent years, mass spectrometry imaging (MSI) is becoming a more established tool in clinical practice and the pharmaceutical industry.

Advances include improvements in reproducible sample preparation to ensure reliable interpretation of data and instrumentation that allows for high acquisition speeds and enhanced spatial resolution improving throughput and depth.

The credibility of MSI experiments has further been enhanced by the development of methods for absolute quantitation of detected molecules. To help with large computational endeavors, statistical workflows and machine learning algorithms have been implemented to handle the large imaging data sets being produced with modern instrumentation.



GRUPPO DI QUESITI N. 3

1 Descrivere come si prepara un campione per effettuare un'analisi di massa con uno strumento con sorgente MALDI

2 Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne della tabella allegata

La seguente tabella (vedere Allegato 3 del presente verbale) riporta alcuni dati ottenuti dall'analisi proteomica di un campione arricchito di fosfopeptidi. Commentare il tipo di informazioni riportate nelle diverse colonne.

(dati provenienti da analisi eseguite con uno spettrometro di massa presente presso l'Università degli Studi di Milano)

Brano in inglese tratto da: "Mass Spectrometry Imaging: A Review of Emerging Advancements and Future Insights" - Buchberger A.R. et al; Anal Chem (2018) 90(1):240-265 - doi: 10.1021/acs.analchem.7b04733

Sample preparation is crucial for successful detection of desired molecules. Recent advances in method development have increased both chemical and spatial information from imaging experiments. Washing protocols for tissue sections have proven useful for enhanced ionization of specific molecules in both secondary ion mass spectrometry (SIMS) and MALDI, likely due to the minimization of ion suppression due to the presence of salts and other undesired analytes. [...] In addition, the choice of MALDI matrix dictates the molecular weight range observed. Moreover, careful MALDI matrix deposition must insure adequate sample extraction without surface diffusion.

Milano, 21 novembre 2024

La Commissione

Prof.ssa Emma Selina Rosa De Fabiani Presidente

Dott.ssa Nicoletta Loberto Componente

Prof. Diego Rodolfo Colombo Componente

Dott. Giampaolo Bosi Segretario