



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

CONCORSO PUBBLICO, PER TITOLI ED ESAMI, A N. 1 UNITÀ DI TECNOLOGO DI SECONDO LIVELLO, CON RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO A TEMPO DETERMINATO PRESSO L'UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - DIPARTIMENTO DI BIOSCIENZE - CODICE 22628

La Commissione giudicatrice del concorso, nominata con Determina Direttoriale n. 840 del 16/01/2026 e composta da:

Prof.ssa Elisabetta Caporali	Presidente
Dott. Alberto Spada	Componente
Dott.ssa Chiara Bonfanti	Componente
Dott.ssa Giorgia Puccio	Segretaria

comunica i quesiti relativi alla prova orale:

QUESITO N. 1

1. Quali potrebbero essere i geni bersaglio per l'utilizzo della tecnica genome editing?

Brano in inglese:

Probing gene function and examining gene interactions requires the generation of single, double and multiple mutants in different combinations. However, in plants, generation of these mutants requires screening of banks of existing mutants, followed by laborious and time consuming crossing and screening for multiple mutants. New genome-editing methods, such as the CRISPR/Cas9 system, can be used to generate targeted gene modifications in Arabidopsis.

QUESITO N. 2

1. Come ottenere una popolazione di mutanti e come gestirla.

Brano in inglese:

In this study, to evaluate mutation efficiencies and determine the size of the T1 population needed for screening for homozygous mutants, we used screenable phenotypes for the identification of the triple or double mutants. In practical applications, the genes-of-interest might have no convenient, visible phenotype. One potential, low-cost strategy for identifying mutants is to select, as far as possible, targets with cleavage sites located within restriction enzyme sites.

QUESITO N. 3

1. La tecnica di ibridazione in situ: utilizzo nell'ambito dei mutanti di interesse agronomico.

Brano in inglese:

The large collections of Arabidopsis sequence-indexed TDNA insertion mutants (over 325,000 lines) have played a critical role in direct investigations of gene function (1). However, two major obstacles limit the application of these collections for genome-wide phenomic screening. First, most lines are hemizygous for the insertion, and thus have required an extra genotyping step to identify homozygous plants for phenotyping. Second, no T-DNA insertion mutants are available for 12% of genes, and 8% of genes are only represented by a single allele.

Milano, 29 gennaio 2026



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

La Commissione

Prof.ssa Elisabetta Caporali - Presidente

Dott. Alberto Spada - Componente

Dott.ssa Chiara Bonfanti - Componente

Dott.ssa Giorgia Puccio - Segretaria