

**SELEZIONE PUBBLICA PER IL CONFERIMENTO DI N. 1 ASSEGNO DI RICERCA PER LO SVOLGIMENTO DI  
ATTIVITA' DI RICERCA PRESSO LA SCUOLA DI SCIENZE AGRARIE, FORESTALI, ALIMENTARI ED  
AMBIENTALI, INDETTA CON D.R. N. 621 DEL 20/12/2023**

**VERBALE N. 4**

Il giorno 28 del mese di Marzo dell'anno duemilaventiquattro alle ore 11:30, si riunisce, nello studio del Prof. Giovanni SALZANO, Dipartimento di Scienze, edificio 3ANord, stanza n. 320, la Commissione Giudicatrice per l'espletamento della procedura selettiva per il conferimento di n. 1 assegno di ricerca per lo svolgimento di attività di ricerca presso la Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Alimentari ed Ambientali, indetta con D.R. n. 621 del 20/12/2023, per procedere alla determinazione dei quesiti per la valutazione dei candidati.

Sono presenti, in qualità di componenti della Commissione Giudicatrice, ricostituita e nominata con D.R. n.119/2024 del 27/02/2024, i sigg.

Prof. Giovanni SALZANO	Professore di I fascia
Prof.ssa Monica CARMOSINO	Professore di II fascia
Prof.ssa Angela CAPECE	Professore di II fascia

Svolge le funzioni di Presidente il Prof. Giovanni SALZANO, e quelle di Segretario la Prof.ssa Angela CAPECE.

La Commissione, ai sensi dell'art. 12 del D.P.R. n. 693 del 30 ottobre 1996, prima di iniziare il colloquio, determina i quesiti da porre ai singoli candidati sugli argomenti di cui all'art. 10 dell'Avviso di selezione.

La Commissione prende atto che la prova orale verterà sui seguenti argomenti:

- esperienze nel settore oggetto della proposta ottenute sia in Enti italiani che stranieri;
- conoscenze delle tecniche per l'identificazione tassonomica e la caratterizzazione funzionale dei microrganismi;
- conoscenze del metabolismo microbico e delle interazioni tra i microrganismi; conoscenze delle comunità microbiche e delle strategie di assemblaggio;
- conoscenza delle tecniche per lo studio dell'espressione genica nei microrganismi e nelle comunità microbiche;
- capacità di utilizzare programmi per le analisi statistiche e bioinformatiche;

Per i candidati italiani sarà verificata la conoscenza della lingua inglese mediante lettura e traduzione di testi scientifici; per i candidati stranieri sarà verificata la conoscenza della lingua italiana mediante lettura e traduzione di testi scientifici.

La Commissione prepara i quesiti che vengono riportati su n.3 fogli formato A4, numerati da N.1 a N3 (Allegato 1, 2, 3), firmati da tutti i Componenti e successivamente chiusi in altrettante buste senza alcun segno distintivo. In numero delle buste è pari al numero dei candidati ammessi alla prova orale + 1.

Ogni candidato estrarrà una delle buste, che conterrà i quesiti sui quali dovrà svolgersi la prova d'esame. Durante il colloquio, la Commissione verificherà la capacità del candidato di trattare gli argomenti oggetto della selezione e la conoscenza della lingua straniera indicata.

Il Presidente ricorda alla Commissione che, come da art. 9 dell'Avviso di selezione, al colloquio sono riservati massimo 30 punti e che lo stesso si intende superato se il candidato riporta una votazione di almeno **24/30**.

Alle ore 11:50 il Presidente dichiara sciolta la seduta.

Come indicato nel verbale n. 3, la Commissione si riunirà per via telematica alle 12:00 al link <https://meet.google.com/fyo-doua-enn> per la valutazione dei candidati

Letto, confermato e sottoscritto.

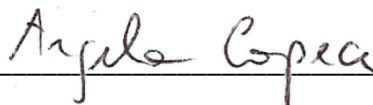
Il Presidente  
(Prof. Giovanni SALZANO)



Il Componente  
(Prof.ssa Monica CARMOSINO)



Il Segretario  
(Prof.ssa Angela CAPECE)



## ALLEGATO N.1

**BUSTA N1 (ITA)**- Il/la candidato/a descriva:

- a) una tecnica basata sull'uso di geni marcatori filogenetici per l'identificazione dei microrganismi
- b) le fasi per l'analisi dell'espressione genica mediante PCR quantitativa

**ENVELOPE N1 (ENG)** -The candidate describes:

- a) a technique based on the use of phylogenetic marker genes for the identification of microorganisms
- b) the steps for the analysis of gene expression by quantitative PCR

### Testo lingua inglese

Grosskopf T, Soyer OS. 2014. Synthetic microbial communities. *Curr Opin Microbiol.* 18(100):72-7. doi: 10.1016/j.mib.2014.02.002.

Abstract: While natural microbial communities are composed of a mix of microbes with often unknown functions, the construction of synthetic microbial communities allows for the generation of defined systems with reduced complexity. Used in a top-down approach, synthetic communities serve as model systems to ask questions about the performance and stability of microbial communities. In a second, bottom-up approach, synthetic microbial communities are used to study which conditions are necessary to generate interaction patterns like symbiosis or competition, and how higher order community structure can emerge from these. Besides their obvious value as model systems to understand the structure, function and evolution of microbial communities as complex dynamical systems, synthetic communities can also open up new avenues for biotechnological applications.

### Text in Italian language

Bevino A, Sonnino A, Rossi L. 2020. Il microbioma dell'agro-sistema al servizio della produzione primaria <http://www.georgofili.it/contenuti/dettaglio/8151> (pag. 3)

Il campo della ricerca sul microbioma si è evoluto rapidamente negli ultimi decenni ed è diventato un argomento di grande interesse scientifico e pubblico (Hadrich, 2018). Come risultato di questa rapida crescita di interesse che copre diversi settori, ci manca una chiara definizione comunemente concordata del termine "microbioma". Come anche un consenso sulle migliori pratiche nella ricerca sul microbioma. Alcuni con il termine microbioma indicano i batteri presenti in una comunità microbica, non considerando affatto i virus, i protozoi e altri organismi che possono essere presenti; altri usano le parole microbiota e microbioma in modo intercambiabile, anche se questi termini sono diversi. Di recente, un gruppo di esperti internazionali ha fornito una nuova definizione di "microbioma" (<https://www.microbiomesupport.eu/the-microbiome-re-defined/>) (Berg et al., 2020), basandosi su quella suggerita da un Whipps e dai suoi colleghi nel 1988 (Whipps et al., 1988), con alcuni dettagli aggiuntivi basati sulle nuove conoscenze che abbiamo sul microbioma.

## ALLEGATO N.2

### BUSTA N2 (ITA) - Il/la candidato/a descriva:

- a) le tecniche di Next Generation Sequencing (NGS) utilizzate per lo studio della composizione delle comunità microbiche
- b) la produzione di biocellulosa da parte dei microrganismi

### ENVELOPE N2 (ENG) - The candidate describes:

- a) the Next Generation Sequencing (NGS) techniques used for studying the composition of microbial communities.
- b) the production of biocellulose from microorganisms

### Testo lingua inglese

Yap M, Ercolini D, Álvarez-Ordóñez A, O'Toole PW, O'Sullivan O, Cotter PD. 2022. Next-Generation Food Research: Use of Meta-Omic Approaches for Characterizing Microbial Communities Along the Food Chain. *Annu Rev Food Sci Technol.* 25, 13:361-384. doi: 10.1146/annurev-food-052720-010751.

Abstract: Microorganisms exist along the food chain and impact the quality and safety of foods in both positive and negative ways. Identifying and understanding the behavior of these microbial communities enable the implementation of preventative or corrective measures in public health and food industry settings. Current culture-dependent microbial analyses are time-consuming and target only specific subsets of microbes. However, the greater use of culture-independent meta-omic approaches has the potential to facilitate a thorough characterization of the microbial communities along the food chain. Indeed, these methods have shown potential in contributing to outbreak investigation, ensuring food authenticity, assessing the spread of antimicrobial resistance, tracking microbial dynamics during fermentation and processing, and uncovering the factors along the food chain that impact food quality and safety. This review examines the community-based approaches, and particularly the application of sequencing-based meta-omics strategies, for characterizing microbial communities along the food chain.

### Text in Italian language

Bevino A, Sonnino A, Rossi L. 2020. Il microbioma dell'agro-sistema al servizio della produzione primaria <http://www.georgofili.it/contenuti/dettaglio/8151> (pag.8)

In questi ultimi anni si è compreso lo straordinario valore che il microbioma ha per le piante e per l'essere umano e si sta cercando ora di capire come sfruttarlo per migliorare la produzione delle colture e la vita dell'uomo. Nel settore agro-alimentare, le potenzialità del microbioma sono enormi. Come avviene per la salute umana, l'obiettivo dei ricercatori è quello di utilizzare creare degli integratori per avere un microbioma sano e utile alle piante. (Woo & Pepe, 2018). La sfida è quella di individuare, isolare e studiare i batteri "buoni" per poi farli riprodurre e applicarli alle colture. I biostimolanti hanno lo scopo di difendere le piante dagli stress abiotici, come il caldo, la mancanza di luce o la siccità.

### ALLEGATO N.3

#### BUSTA N3 (ITA) - Il/la candidato/a descriva

- a) gli approcci per l'assemblaggio delle comunità microbiche artificiali
- b) gli approcci omici utilizzati per lo studio delle funzionalità delle comunità microbiche

#### ENVELOPE N3 (ENG) - The candidate describes:

- a) the approaches for the assembling of artificial microbial communities
- b) the omics approaches used to study the functionalities of microbial communities.

#### Testo lingua inglese

Gullo M, La China S, Falcone PM, Giudici P. 2018. Biotechnological production of cellulose by acetic acid bacteria: current state and perspectives. *Appl Microbiol Biotechnol.* 102(16):6885-6898. doi: 10.1007/s00253-018-9164-5.

**Abstract:** Bacterial cellulose is an attractive biopolymer for a number of applications including food, biomedical, cosmetics, and engineering fields. In addition to renewability and biodegradability, its unique structure and properties such as chemical purity, nanoscale fibrous 3D network, high water-holding capacity, high degree of polymerization, high crystallinity index, light transparency, biocompatibility, and mechanical features offer several advantages when it is used as native polymer or in composite materials. Structure and properties play a functional role in both the biofilm life cycle and biotechnological applications. Among all the cellulose-producing bacteria, acetic acid bacteria of the *Komagataeibacter xylinus* species play the most important role because they are considered the highest producers. Bacterial cellulose from acetic acid bacteria is widely investigated as native and modified biopolymer in functionalized materials, as well as in terms of differences arising from the static or submerged production system. In this paper, the huge amount of knowledge on basic and applied aspects of bacterial cellulose is reviewed to the aim to provide a comprehensive viewpoint on the intriguing interplay between the biological machinery of synthesis, the native structure, and the factors determining its nanostructure and applications. Since in acetic acid bacteria biofilm and cellulose production are two main phenotypes with industrial impact, new insights into biofilm production are provided.

#### Text in Italian language

Bevino A, Sonnino A, Rossi L. 2020. Il microbioma dell'agro-sistema al servizio della produzione primaria <http://www.georgofili.it/contenuti/dettaglio/8151> (pag.11)

La crescente disponibilità di dati sul microbioma, guidata dai progressi nelle tecnologie delle scienze omiche, ha portato a un aumento nella nostra comprensione del potenziale dei microbiomi per migliorare la produttività e la sostenibilità del sistema agroalimentare, ma non solo (Sergaki et al., 2018; Wei et al., 2019). La grande visione della ricerca applicata sul microbioma è quella di migliorare la salute di esseri umani, animali, piante e di interi ecosistemi. In generale, i microbiomi possono essere gestiti direttamente applicando (i) trapianti di microbiomi, (ii) microbiomi sintetici contenenti le specie keystone con proprietà benefiche o (iii) metaboliti attivi per il microbiota, o indirettamente modificando le condizioni ambientali in modo che anche i microbiomi possano cambiare la loro struttura e funzione passando dalla disbiosi allo stato di salute (Berg, 2009; Hadrich, 2018).