

COGNOME IANNACCHERO

NOME UGO MARIA

NATO A:

IL

ATTUALMENTE RESIDENTE A:

INDIRIZZO

TELEFONO

Curriculum vitae et studiorum

studi compiuti, i titoli conseguiti, le pubblicazioni e/o i rapporti tecnici e/o i brevetti, i servizi prestati, le funzioni svolte, gli incarichi ricoperti ed ogni altra attività scientifica, professionale e didattica eventualmente esercitata (in ordine cronologico iniziando dal titolo più recente)

Titoli di studio conseguiti:

- 1) Laurea Magistrale in **MOLECULAR BIOTECHNOLOGY AND BIOINFORMATICS (Classe LM-8 Biotecnologie industriali)** conseguita presso l'Università degli Studi di Milano con votazione di 104/110 in data 21/04/2023.
- 2) Laurea Triennale in **SCIENZE BIOLOGICHE (Classe L-13) D.M. 270/2004**, conseguita presso l'Università degli Studi di Siena con votazione di 94/110 in data 16/10/2020.
- 3) Maturità Scientifica conseguita presso il Liceo Scientifico "Galileo Galilei" di Lamezia Terme.



Esperienze di stage/tesi:

- 1) Tirocinio formativo del Master di Secondo Livello in BIOINFORMATICS AND FUNCTIONAL GENOMICS (CMU2), Anno Accademico 2022/2023, attualmente in corso presso l'Unità Bioinformatica di IFOM Genomica dei tumori e terapie anticancro mirate coordinata dal Prof. Alberto Bardelli.

Tematica: Identificazione dell'attivazione del sistema immunitario e delle evoluzioni tumorali nei tumori mCRC dopo la stimolazione con il trattamento a base di temozolomide.

Durata (3 mesi): dal 02/11/2023, attualmente in corso (termine stage 31/01/2024).

Esperienze di stage: analisi di dati NGS tramite linguaggi di scripting comuni in bioinformatica, come script Bash awk, Python e R, per automatizzare l'analisi e manipolare i dati genomici. In particolare, utilizzo di fastqc, bwa, samtools, bedtools, pindel. Utilizzo dei pacchetti di Python (terdist3 e pyTCR) e del pacchetto di R (LymphoSeq) per la visualizzazione e l'analisi dei dati di sequenziamento delle catene β dei recettori delle cellule T. Utilizzo di risorse bioinformatiche disponibili, come basi di dati genomici, browser genomici e repository di dati omici.

- 2) Tirocinio formativo del corso di Laurea Magistrale in MOLECULAR BIOTECHNOLOGY AND BIOINFORMATICS (LM-8) svolto nell'Unità di Microbiologia Cellulare e Molecolare, all'interno del gruppo del Prof. Giovanni Bertoni, presso il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano.

Tematica: Studio dei meccanismi molecolari con cui il piccolo peptide GssP regola negativamente la trascrizione dello small RNA GssA in *Pseudomonas aeruginosa* PA14 e studio della presenza di sequenze G-quadruplex nel promotore del gene *gssA* e nelle regioni intergeniche del genoma di *Pseudomonas aeruginosa* PA14 come possibili target di legame per GssP.

Titolo della tesi: Approaching the transcription regulation of the small RNA GssA of *Pseudomonas aeruginosa*.

Durata (12 mesi): dal 11/04/2022 al 21/04/2023.

Esperienze di stage: tecniche di biologia molecolare tra cui: PCR, elettroforesi su gel di agarosio, purificazione di prodotti di PCR, colture cellulari batteriche, estrazione di RNA, Real Time qPCR, Microscale Thermophoresis, qPCR stop assay, utilizzo dello spettrofotometro, trasformazione batterica, estrazione DNA plasmidico, purificazione DNA plasmidico, progettazione di oligonucleotidi per PCR.



Analisi di bioinformatica relative alla ricerca di ORFs (ORFinder), di sequenze consensus di fattori trascrizionali batterici (PRODORIC) e all'identificazione di sequenze G-quadruplex (QRGS Mapper) nelle regioni intergeniche del genoma di *Pseudomonas aeruginosa* PA14, analizzando i risultati sperimentali tramite GraphPad Prism.

- 3) Tirocinio formativo del corso di Laurea Triennale in SCIENZE BIOLOGICHE (L-13) D.M. 270/2004 svolto nel Laboratorio di Proteomica Funzionale, all'interno del gruppo di ricerca della Prof.ssa Laura Bianchi, presso il Dipartimento di Scienze della Vita dell'Università degli Studi di Siena.

Tematica: Studio dei profili proteomici di campioni cerebrali ottenuti da animali eterozigoti e omozigoti per una mutazione a carico del gene *Galc*, causativa della malattia di Krabbe, utilizzando il modello murino twitcher (TW).

Titolo della tesi: What is the border line between heterozygous carriers of galactocerebrosidase mutations that cause Krabbe disease and the homozygous probands? A proteomics investigation on in an advanced stage of the disorder.

Durata (8 mesi): dal 05/12/2019 al 31/07/2020.

Esperienze di stage: analisi d'immagine di gel bidimensionali utilizzando il software ImageMaster 2D Platinum v7.0 (GE Healthcare) e analisi statistiche attraverso XLSTAT-OMICS, un componente aggiuntivo integrato in Microsoft Excel.

Corsi universitari conseguiti nell'ambito della Bioinformatica:

- Structural Bioinformatics (BIO/10, BIO/11, FIS/07, INF/01) - 6 CFU – Conseguiti in data 22/02/2022 presso l'Università degli Studi di Milano. Docente: Carlo Camilloni

Contenuti del corso: Utilizzo di Linux e di Python per l'analisi, visualizzazione e confronto di proteine, predizioni di strutture proteiche e docking; simulazioni di dinamica molecolare (atomistiche e coarse-grained); simulazioni di chimica quantistica; metodi di energia libera e approcci di protein design.

- Methods in Bioinformatics (INF/01) - 6 CFU – Conseguiti in data 22/09/2021 presso l'Università degli Studi di Milano. Docenti: Matteo Chiara, Federico Zambelli

Contenuti del corso: Uso del linguaggio di programmazione R come strumento efficace per l'analisi di dati biologici su larga scala. In particolare, analisi dei dati di Next Generation Sequencing (NGS) utilizzando R, con approfondimenti sui principi teorici e pratici alla base dei metodi all'avanguardia per elaborare le analisi di RNA-Seq al fine di valutare l'espressione genica differenziale. Gestione dei pacchetti software e delle librerie di R.



- Molecular and Cellular Microbiology (BIO/18, BIO/19) - 6 CFU – Conseguiti in data 22/02/2021 presso l'Università degli Studi di Milano. Docenti: Giovanni Bertoni, Elio Rossi

Contenuti del corso: Metodi moderni di genomica e genomica funzionale (sequenziamento del DNA e dell'RNA, metagenomica, trascrittomica, metatracrittomica) con applicazione al profilo delle comunità microbiche non coltivate presenti in ecosistemi complessi. Regolazione genica a livello post-trascrizionale mediata da piccoli RNA, silenziamento artificiale di geni mediante oligomeri antisenso per lo sviluppo di antibiotici non convenzionali e terapia fagica per combattere patogeni batterici, meccanismi anti-trasferimento genico orizzontale con il loro utilizzo nell'ingegneria genomica.

- Functional Genomics and Bioinformatics (BIO/11, BIO/18) - 10 CFU – Conseguiti in data 09/02/2021 presso l'Università degli Studi di Milano. Docenti: Matteo Chiara, David Stephen Horner, Martin Kater.

Contenuti del corso: Tecnologie di sequenziamento del DNA. Panoramica delle tecnologie per generare mutanti in organismi modello. Analisi del trascrittoma e analisi del proteoma. Caratteristiche dei dati del sequenziamento di nuova generazione: lunghezza delle letture, profili di errore, punteggi di qualità delle basi, formati dei dati, controllo di qualità dei dati, preparazione delle librerie di sequenziamento, bias di copertura e l'impatto della PCR, il re-sequenziamento mirato, le librerie indicizzate, la scoperta delle varianti e le variazioni strutturali tra i genomi, l'assemblaggio del genoma de novo, l'annotazione di geni, trascritti e lo splicing alternativo, la trascrittomica quantitativa, l'analisi di piccoli RNA non codificanti e applicazioni innovative del sequenziamento di nuova generazione nella genomica funzionale.

- Bioinformatica (BIO/10) – 6 CFU – Conseguiti in data 22/07/2019 presso l'Università degli Studi di Siena. Docente: Laura Bianchi

Contenuti del corso: Strumenti bioinformatici in ambito genomico, trascrittomico e proteomico. Principi di analisi di sequenze geniche e proteiche. Annotazione del genoma e del proteoma. Gene Ontology (GO). Teoria sull'integrazione dei dati genomici applicando strumenti bioinformatici. Studi di associazione genome-wide (GWAS). Teoria dei sistemi e complessità biologica. Functional analysis. Cluster analysis: risorsa bioinformatica DAVID; pathway analysis: MetaCore, STRING. Banche dati: unità strutturali e logica, qualità e concetto di ridondanza, archiviazione e divulgazione. Predizione funzionale della sequenza. Allineamento manuale, globale e locale. Dot plot, Matrici di sostituzione: PAM e BLOSUM. Algoritmi di allineamento dinamici ed euristici. Programmi di allineamento: FASTA e BLAST. Valutazione qualità di allineamento prodotto (significatività statistica e biologica), annotazione funzionale di sequenze.



Partecipazione a Seminari:

- Seminario “Unlocking the power of liquid biopsy: how tailored multi-omics analytical approaches convert a blood drawn into a prognostic tool” tenuto dalla Prof.ssa Francesca Demichelis (Department of Cellular, Computational and Integrative Biology, University of Trento) presso IFOM in data 21/11/2023.
- Seminario “Coordination of bacterial cell envelope biogenesis” tenuto dal Prof. Waldemar Vollmer (Centre for Bacterial Cell Biology Newcastle University), presso il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano in data 11/11/2022.
- Seminario “Ligand stimulating antitumor immunity as the next G-quadruplex challenge” tenuto dal Prof. Giovanni Capranico (Department of Pharmacy and Biotechnology, University of Bologna), presso il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano in data 04/11/2022.
- Seminario “Primordial maintenance of genetic information: the Virtual Circular Genome mode” tenuto dal Dott. Marco Todisco (Department of Molecular Biology, e Center for Computational & Integrative Biology, Massachusetts General Hospital), presso il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano in data 27/05/2022.
- Seminario “The Biorefinery roadmap: the Ecofining technology” tenuto dal Dott. Thomas Pasini (Eni S.p.A.) presso piattaforma Zoom in data 14/04/2021.
- Seminario “Golden Rice” tenuto dal Dott. Adrian Dubock (Accademia Europaea) presso piattaforma Zoom in data 25/03/2021.
- Seminario “OGM Crop Biotech” tenuto dalla Dott.ssa Mahaletchumy Arujanani (ISAAA) presso piattaforma Zoom in data 24/03/2021.

Competenze informatiche:

- Sistemi operativi Linux/Unix.
- Conda per la gestione di ambienti virtuali, pacchetti e dipendenze.
- Linguaggio di programmazione Python, con particolare attenzione alle librerie di data science: Matplotlib, Numpy, Pandas, Scipy, Seaborn, Sklearn.
- Linguaggio di programmazione R.
- Utilizzo di Jupyter Notebook per l'analisi e la visualizzazione dei dati.
- Competenze di base nell'utilizzo di Git e GitHub.
- Ottima conoscenza dei pacchetti di Microsoft Office (Microsoft Word, Microsoft PowerPoint, Microsoft Excel, Microsoft Outlook).



Competenze linguistiche:

Lingua madre: Italiano

Altre lingue

Inglese

Comprensione		Parlato		Produzione Scritta
Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
B2	B2	B2	B2	B2

Livelli: A1/A2: Utente base - B1/B2: Utente intermedio - C1/C2: Utente avanzato Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue.

Livello Competenza Inglese B2 conseguito presso il Centro Linguistico d'Ateneo - SLAM - Milano, in data 10/03/2021.

Luogo e data
Milano 12/01/2024

