

Vincenzo Rallo

OBIETTIVO PROFESSIONALE

Sviluppare la mia carriera professionale nel settore della Genetica Medica e della Bionformatica.

Maturare esperienza lavorando nel settore della Biomedicina possibilmente integrando un periodo di esperienza all'estero in gruppi internazionali.

Integrare i miei studi mediante un Dottorato e/o post-Dottorato al fine di acquisire ulteriori conoscenze ed esperienze professionali

BACKGROUND

Sono uno studente di dottorato in Scienze Biomediche, curriculum in Genetica Medica presso l'Università di Sassari e l'Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica (IRGB-CNR). La mia attività di ricerca si focalizza sul perfezionamento delle competenze scientifiche e sull'implementazione degli approcci bioinformatici e l'utilizzo di specifici algoritmi riguardanti l'interrogazione, il rilevamento e la gestione di ingenti moli di dati genetici per facilitare, accelerare e migliorare l'efficacia dell'analisi di tratti complessi e malattie rare. Sulla base di un approccio comune di analisi di dati Next Generation Sequencing (Whole Genome/Exome Sequencing e microarray) e avendo a disposizione un dataset costituito da migliaia di individui caratterizzati per una serie di fenotipi diversi, ho utilizzato e implementato una serie di procedure standardizzate, e testato alcune strategie sperimentali, per realizzare delle pipeline di analisi che mi hanno permesso di affrontare problematiche diverse e ottimizzare gli approcci in base alle caratteristiche del fenotipo da analizzare.

ESPERIENZE PROFESSIONALI E ACCADEMICHE

1/11/2018 – in corso

Dottorato di Ricerca in Scienze Biomediche – Genetica Medica

C.N.R. - Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica - Cittadella Universitaria di Cagliari - 09042 Monserrato (CA)

Università degli studi di Sassari

Implementazione degli approcci bioinformatici da adottare a seconda della natura delle diverse patologie concernenti l'interrogazione di database, l'identificazione e l'interpretazione di varianti su dati NGS (Whole Genome Sequencing, Whole exome e microarray) e il confronto di algoritmi statistici per studi di colocalizzazione di tratti complessi.

15/11/ 2017 – 31/10/2018

Tirocinio di pratica professionale - Professional Practice Internship

C.N.R. - Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica - Cittadella Universitaria di Cagliari - 09042 Monserrato (CA)

Processamento di dati Next Generation Sequencing [Whole Genome Sequencing (WGS) e Whole Exome Sequencing (WES)] mediante l'utilizzo e l'implementazione di pipeline informatiche.

15/05/ 2017 – 15/11/ 2017

Tirocinio formativo sperimentale - Training Internship

C.N.R. - Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica - Cittadella Universitaria di Cagliari -

09042 Monserrato (CA)

Identificazione di SNPs in siti target di microRNA e loro potenziale ruolo: screening in-silico su dati di esoma

Argomenti approfonditi:

- Ricerche bibliografiche su articoli pubblicati su riviste internazionali e libri di testo universitari, tecniche di genotipizzazione NGS e loro evoluzione (RNAseq, ChiPseq, etc), il sequenziamento whole genome e whole exome. microRNA, i loro target e le metodologie di caratterizzazione genetica, compresi i programmi di predizione dei target, i database internazionali di sequenze genomiche, di trascritti e di miRNA.

Attività di laboratorio:

- principali tecniche molecolari di genotipizzazione classica e di nuova generazione (estrazione di DNA genomico da campioni di sangue intero, preparazione delle librerie genomiche, tecniche di arricchimento, verifica quantitativa e qualitativa del DNA estratto tramite nanodrop, elettroforesi su gel d'agarosio ed elettroforesi microcapillare mediante Agilent Technologies 2100 Bioanalyzer, amplificazione dei frammenti di DNA mediante PCR, purificazione di DNA tramite beads, preparazione del pool di DNA mediante diluizione, caricamento dei campioni sulla c-bot per l'amplificazione ed esecuzione di una corsa su HiSeq2000/3000, controllo del sequenziamento tramite l'utilizzo del software RTA).

Analisi bioinformatiche:

- processamento dei dati NGS, utilizzo di pipeline computazionali, analisi critica dei risultati; stesura dell'elaborato di tesi, utilizzo delle pipeline computazionali mediante la piattaforma web Galaxy per l'analisi dei dati di next-generation sequencing volti ad identificare le varianti, utilizzo dei software tra cui FastQC per il controllo qualità, BWA per l'allineamento, Samtools per la conversione dei file da SAM a BAM, Picard per rimuovere i duplicati, GATK per effettuare la chiamata delle varianti, VEP per l'annotazione delle varianti individuate, IGV per la visualizzazione delle sequenze, genome browser di UCSC per ricavare regioni genomiche di interesse; utilizzo di database contenenti sequenze di miRNA e di software basati su algoritmi per la predizione di target dei miRNA.

Attività o settore Biologia Molecolare, Genetica, Bioinformatica

01/09/2014 – 31/12/2014

Tirocinio formativo sperimentale - Training Internship

Dipartimento di Scienze Biomediche – Università degli Studi di Sassari

Clonaggio, espressione e identificazione mediante immunofluorescenza della sequenza codificante il mutante A382T di TDP43 coinvolto nella Sclerosi Laterale Amiotrofica

Attività di laboratorio:

- Analisi di qualità degli acidi nucleici: Elettroforesi su gel di agarosio, Spettrofotometria UV, Nanodrop
- Utilizzo di enzimi di restrizione e modificazione di sequenze d'interesse da inserire in costrutti plasmidici.
- Trasfezione transiente mediante l'utilizzo di LTX-Lipofectamine
- Western Blotting
- Immunofluorescenza

Attività o settore Biologia Molecolare e Cellulare

01/09/2012 – 01/03/2013

Erasmus SMS – European Union Program

UB - Universitat de Barcelona, (Spagna)

Attività o settore Biologia, Chimica, Biochimica

PUBBLICAZIONI

Pubblicazioni scientifiche Riviste Internazionali

1. Rita Serra, Vincenzo Rallo, Antonio Pinna, Maristella Steri, Maria Grazia Piras, Michele Marongiu, Edoardo Fiorillo, Francesco Cucca, Andrea Angius. Age-related macular degeneration: searching for biochemical and genetic risk factors in the SardiNIA cohort. Submitted on Ophthalmology. 2021
2. Andrea Angius, Antonio Mario Scanu, Caterina Arru, Maria Rosaria Muroi, Vincenzo Rallo, Giulia Deiana, Maria Chiara Ninniri, Ciriaco Carru, Alberto Porcu, Giovanna Pira, Paolo Uva, Paolo Cossu-Rocca, Maria Rosaria De Miglio. Portrait of Cancer Stem Cells on Colorectal Cancer: Molecular Biomarkers, Signaling Pathways and miRNAome. *Int. J. Mol. Sci.* 2021, 22(4), 1603; <https://doi.org/10.3390/ijms22041603>
Codice identificativo (ISSN): 1422-0067; Indice di classificazione: Q1; Impact Factor rivista: 5.923
3. V Rallo, A Angius, M Steri, C Sidore, F Cucca. Critical comparison of colocalization algorithms on large datasets. *European Journal of Human Genetics* 28 (SUPPL 1), 647-647. 2020
Codice identificativo (ISSN): 1476-5438; Indice di classificazione: Q1; Impact Factor rivista: 4.246
4. Andrea Angius, Paolo Cossu-Rocca, Caterina Arru, Maria Rosaria Muroi, Vincenzo Rallo, Ciriaco Carru, Paolo Uva, Giovanna Pira, Sandra Orrù, Maria Rosaria De Miglio. Modulatory role of microRNAs in Triple Negative Breast Cancer with basal-like phenotype. *Cancers* 2020. DOI: 10.3390/cancers12113298
Codice identificativo (ISSN): 2072-6694; Indice di classificazione: Q1; Impact Factor rivista: 6.639
5. Francesca Balzano, Ilaria Campesi, Sara Cruciani, Giuseppe Garroni, Emanuela Bellu, Silvia Dei Giudici, Andrea Angius, Annalisa Oggiano, Vincenzo Rallo, Giampiero Capobianco, Salvatore Dessole, Carlo Ventura, Andrea Montella, Margherita Maioli. Epigenetics, Stem Cells, and Autophagy: Exploring a Path Involving miRNA. *Int J Mol Sci.* 2019;20(20):5091. Published 2019 Oct 14. doi:10.3390/ijms20205091
Codice identificativo (ISSN): 1422-0067; Indice di classificazione: Q1; Impact Factor rivista: 5.923

Abstract/Comunicazioni a congresso

1. V. Rallo, A. Angius. Identification of microRNA target sites: in-silico screening on NGS data. Abstract 1520F in Bioinformatics and Computational Approaches. Presented at the 68rd Annual Meeting of The American Society of Human Genetics, October 25, 2018 in San Diego, CA. [Online]. Available: <https://www.ashg.org/wp-content/uploads/2019/10/2018-poster-abstracts.pdf>
2. V. Rallo, A. Angius, M. Steri, C. Sidore, F. Cucca; Critical comparison of colocalization algorithms on large datasets. Abstract e-Poster P17.023.C - Session P17 - Bioinformatics and Statistical Methods European Society of Human Genetics - ESHG 2020 June 9, 2020 [Online]. Available: <https://www.abstractsonline.com/pp8/#!/9102/presentation/1832>
3. V. Rallo, R. Serra, M. Steri, S. Olla, M. Marongiu, E. Fiorillo, A. Pinna, F. Cucca, A. Angius. An USH2A founder mutation is the cause of Usher syndrome type 2 in Sardinia. Abstract e-Poster P02.071.D - Session P02 - Sensory Disorders (Eye, Ear, Pain) European Society of Human Genetics - ESHG 2021 August 31 2021 [Online]. Available: <https://www.abstractsonline.com/pp8/#!/10372/presentation/449>

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

1/11/2018 – in corso

Università degli Studi di Sassari

Dottorato in Scienze Biomediche, curriculum Genetica Medica

Titolo Progetto: Development of reproducible workflows to optimize data-intensive bioinformatics.

Tutor: Andrea Angius, Francesco Cucca

Parole chiave: Genotyping, Bioinformatics, Molecular Biology, NGS Sequencing.

26/10/2017

Università degli Studi di Sassari

Laurea magistrale in Biotecnologie Mediche Farmaceutiche e Veterinarie

Titolo della Tesi: Identificazione di SNPs in siti target di microRNA e loro potenziale ruolo: screening in-silico su dati di esoma

Relatore: Andrea Angius

Valutazione: 110/110 e lode con menzione accademica

Parole chiave: Genotipizzazione, Bioinformatica, Biologia molecolare, Sequenziamento NGS.

30/04/2015

Università degli Studi di Sassari

Laurea triennale in Biotecnologie

Titolo della Tesi: Clonaggio, espressione e identificazione mediante immunofluorescenza della sequenza codificante il mutante A382T di TDP43 coinvolto nella Sclerosi Laterale Amiotrofica

Relatore: Claudia Crosio

Valutazione: 91/110

Parole chiave: Biologia molecolare, Biologia cellulare, Genetica.

2009

Liceo Classico di Marsala

Maturità Classica

Valutazione: 92/100

Titolo della tesi: Progresso o Regresso?

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

COMPRENSIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Inglese	B2	B2	B2	B2
Spagnolo	A1	A1	A1	A1

Livelli: A1/A2: Utente base - B1/B2: Utente intermedio - C1/C2: Utente avanzato
[Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue](#)

Competenze comunicative

Sono in grado di relazionarmi con differenti tipologie di professionisti grazie all'esperienza maturata durante i periodi di tirocinio in Italia e di studio in Europa.

Eccellenti capacità di comunicazione e ascolto sviluppate durante le esperienze di partecipazione a convegni scientifici.

Sono in grado di comunicare in modo preciso e di rispondere in modo puntuale alle

richieste della committenza di riferimento.

Competenze organizzative e gestionali

Grazie ai numerosi laboratori a cui ho preso parte durante l'Università, ho avuto modo di sviluppare attitudine per leadership, decision making e problem solving ottenendo eccellenti risultati. Ho una spiccata attitudine a lavorare in team e eccellenti capacità di delega.

Competenze professionali

L'esperienza nei laboratori dell'Università e del CNR mi ha permesso di affinare le competenze e svolgere la mia attività in modo completamente autonomo, di occuparmi della realizzazione pratica degli esperimenti di laboratorio e dell'analisi bioinformatica dei dati. Possiedo buone capacità organizzative nelle attività di lavoro e di interazione con insegnanti, studenti e colleghi affinati durante l'esperienza accademica e di tirocinio. Riesco a organizzare, autonomamente, il mio lavoro, rispettando i tempi previsti dalla committenza.

Competenze digitali

AUTOVALUTAZIONE				
Elaborazione delle informazioni	Comunicazione	Creazione di Contenuti	Sicurezza	Risoluzione di problemi
Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato

Livelli: Utente base - Utente intermedio - Utente avanzato
▪ [Competenze digitali - Scheda per l'autovalutazione](#)

Informatic and Bioinformatic Skills

- Eccellente padronanza e conoscenza del terminale Linux
- Ottima conoscenza di linguaggi di programmazione sviluppata durante il tirocinio presso l'Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica - CNR (CA): Unix Shell Scripting; Python Scripting; R studio
- Computational Framework: Make and Snakemake
- Elaborazione dei dati mediante collegamento a server interni ed esterni (SSH protocol).
- Ottima conoscenza delle pipeline computazionali per l'analisi, l'organizzazione e l'interpretazione dei dati informatici NGS per la scoperta di varianti in dati genetici (whole-genome, whole-exome, RNA-Seq, miRNA-target Seq).
- Ottima conoscenza di utilizzo di software di bioinformatica: Galaxy, Real-Time Analysis, bcltofastq, FastQC, MultiQC, BWA, IGV, Picard, Samtools, Bedtools, BCFtools, VCFtools, Plink, BLAST, GATK, VEP, Primer3, BioEdit, MutationTaster.
- Ottima conoscenza di utilizzo e interrogazione di database genetici: dbSNP, Exac, GnomAD, 1000 Genome, Omim, ClinVar, Ensembl, PubMed NCBI, Genecards, UCSC).
- Conoscenza avanzata di diversi Sistemi Operativi (Windows, OS, Linux), Browser Web (Chrome, Firefox, Edge, Explorer) e loro amministrazione, Data transmission.
- Eccellente padronanza del pacchetto Office: Microsoft Word, Powerpoint, Excel, Outlook.
- Ottima padronanza e conoscenza dei principali Social Media: LinkedIn, Twitter, Instagram, Facebook.

Soft Skills

- Capacità di adattamento; Spirito di Iniziativa; Problem Solving; Decision making; Teamwork.

Technical Skills and Lab Competences

- Conoscenza e conformità alle norme di sicurezza per il lavoro in laboratorio mediante il corso formativo professionale certificato presso l'università.
- Capacità di lavorare con attrezzature di laboratorio e materiali di biochimica, biologia molecolare e genetica medica.
- Conoscenza con gli strumenti principali di un laboratorio chimico e biologico (cappe, apparecchiatura di elettroforesi, spettrofotometri, termociclatori, strumentazione per immunofluorescenza)
- Ottima conoscenza delle principali metodologie di laboratorio di biologia molecolare: estrazione del DNA; analisi quantitativa e qualitativa del DNA; PCR; Preparazione del campione e delle librerie di DNA per il sequenziamento NGS.

SPEAKER ACTIVITIES

08/06/2018 **Talk "Bioinformatic Pipeline - Variant Discovery: From RAW to VCF data"**
Institute for Genetic and Biomedical Research (CNR - IRGB) - UOS Sassari c/o Area della ricerca di Sassari Traversa La Crucca N. 3 - 07100 Sassari SS Sardegna

15/05/2020 Lezioni online sulla piattaforma Microsoft Teams agli studenti del Corso di laurea magistrale a ciclo unico in Biotecnologie Sanitarie, Mediche e Veterinarie per l'A.A. 2019-2020 e 2020/2021 dal titolo "Analisi bioinformatica dei dati NGS per la ricerca di varianti - BIOINFORMATIC PIPELINE - VARIANT DISCOVERY", per il corso NUOVE TECNOLOGIE GENOMICHE: GENOTIPIZZAZIONE ED ESPRESSIONE GENICA SSD: BIO/18 Titolare del corso: Prof. Andrea Angius

18/05/2021

Partecipazione a congressi e corsi certificati

CONFERENZE

14 Novembre 2015 Convegno "La G6PD carenza: una malattia o una protezione?" Alghero

06-09/06/2020 Conferenza European Human Genetics Virtual Conference - ESHG 2020.2 - Live in Your Living Room

11-13/11/2020 CONGRESSO NAZIONALE SIGU VIRTUAL EDITION 11-13 Novembre 2020

28-31/08/2021 Conferenza European Human Genetics Virtual Conference - ESHG 2021 - Live in Your Living Room

CORSI

Giugno 2009 ECDL – European Computer Driving License

2017-2018-2019 6-7-8th Sardinia International Summer School(2017-2018-2019)
Edificio 2, Parco Tecnologico di Pula (CA) (<https://www.irgb.cnr.it/summer-school/>).
Lo scopo principale del corso è stato quello di fornire una panoramica aggiornata dello stato dell'arte, a livello internazionale, della biologia molecolare e dello studio delle malattie genetiche mendeliane e complesse nell'uomo mediante l'applicazione di nuovi approcci e metodologie innovative. Nel corso della Summer School, ho seguito una serie di letture magistrali e sessioni pratiche orientate allo studio dei dati GenomeWide con varie tecniche informatiche sino ad arrivare alle applicazioni negli studi funzionali. Ho frequentato dei laboratori per l'apprendimento dei linguaggi di programmazione, software e programmi web.
Sono stati analizzati set di dati di genotipizzazione provenienti da sequenziamenti high-throughput per verificarne la copertura, testare i metodi statistici di imputazione, applicare varie

	analisi come l'esoma, l'analisi quantitativa e qualitativa del trascrittoma e l'epigenoma.
3 – 5 Luglio 2017	<p>Training Course on Galaxy for Bioinformatics tool developers – ELIXIR - “Training Course on Galaxy for Bioinformatics tool developers”</p> <p>Dipartimento di Ingegneria Elettrica ed Elettronica (DIEE) dell'Università di Cagliari, via Marengo, 09134 Cagliari (https://elixir-iib-training.github.io/website/2017/07/03/Galaxy-Cagliari.html).</p> <p>Il corso ha previsto: installazione del software di Galaxy in locale, utilizzo della ToolShed per l'ottenimento dei programmi, creazione di uno strumento Galaxy e sua pubblicazione nella ToolShed, tutorial pratici per l'esecuzione di pipeline con lo scopo di ricercare varianti causative utilizzo degli strumenti di accesso e dei flussi di lavoro tramite dati API Galaxy senza utilizzare l'interfaccia utente basata sul web.</p>
Febbraio 2017	<p>PREVENZIONE E PROTEZIONE DEI RISCHI LAVORATIVI NEI LABORATORI DI RICERCA E NELLE FARMACIE</p> <p>Università degli Studi di Sassari</p>
6 Giugno 2018	<p>Workshop Next Generation Sequencing Qiagen</p> <p>Dall'estrazione dei campioni all'analisi dei dati NGS</p> <p>Dipartimento di Scienze Biomediche Università degli Studi di Cagliari</p>
25-27/11/2020 15-19/02/2021	<p>Corso “Python for Data Science Corso Base” GLABSTAT – Università di Pavia</p> <p>Corso “ANALISI DEI DATI SPERIMENTALI CON R” GLABSTAT – Università di Pavia</p>
8-11/03/2021	Corso “Corso NGS - Bionformatica Clinica” GLABSTAT – Università di Pavia
22-24/03/2021	Corso “Corso Epidemiologia Clinica” GLABSTAT – Università di Pavia
Patente di guida	B
Dati personali	Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 del GDPR (Regolamento UE 2016/679).