



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 6883

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di **Biotechnologie Mediche e Medicina Traslazionale**

Responsabile scientifico: Prof. **Massimiliano Pagani**

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Dossena
Nome	Carolina

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Studente di Dottorato presso UNIMI	IFOM - ETS The AIRC Institute of Molecular Oncology, Milan

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale	Medical Biotechnology and Molecular Medicine	Università degli Studi di Milano	2020
Dottorato Di Ricerca	Experimental Medicine (DMEM)	Università degli Studi di Milano	Da conseguire in Gennaio 2025



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2023	Travel Grant per partecipazione a EMBO Workshop <i>Enhanceropathies</i> (euro 500,00)
2021	Borsa di Studio ASST Gaetano Pini-CTO della durata di un anno (euro 23.000,00)

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

DOTTORATO DI RICERCA (durata: 3 anni)

Integrazione di dati omici (di epigenomica e trascrittomica) per l'identificazione di network regolatori e target specifici per cellule T regolatorie da pazienti con cancro al colon e al polmone

Abilità acquisite:

- Utilizzo di dati di ATAC-seq per analisi di footprint di fattori di trascrizione (TF) mediante diversi tool (TOBIAS, Centipede, HINT-ATAC)
- Ricostruzione di network regolatori mediante l'integrazione di dati omici (ATAC-seq, ChIP-seq, RNA-seq)
- Utilizzo di svariati tool per l'analisi di motivi di TFs (Homer, ChromVAR, DiffTF, UniversalMotifs (Bioconductor), TFBSTools (Bioconductor))
- Uso di database di motivi di TF (es. JASPAR, HocoMoco, TRANSFAC)
- Analisi bioinformatica di librerie di RNA-seq di linfociti T umani tumorali
- Analisi di dati di single-cell RNA-seq di linfociti T umani da tumori primari e metastasi (normalizzazione dati e correzione di batch effect con Scanpy e Harmony, identificazione di cluster mediante algoritmi di clustering come Leiden e Louvain, visualizzazione dati con UMAP e t-SNE)
- Apprendimento del linguaggio di programmazione Python
- Utilizzo del software Cytoscape per visualizzazione e analisi di network

ATTIVITÀ DI RICERCA COME BORSISTA (durata: 1 anno)

Analisi bioinformatica del profilo epigenetico di linfociti T da pazienti con cancro e donatori sani

Abilità acquisite:

- Analisi bioinformatica di librerie ChIP-seq per modificazioni istoniche
- Analisi downstream di dataset ChIP-seq utilizzando strumenti come DeepTools, ChromHMM e DiffBind
- Integrazione multi-omica di dati ATAC-seq e ChIP-seq per l'annotazione di elementi regolatori (promotori ed enhancer)
- Sviluppo di pipeline in Nextflow



- Gestione e visualizzazione di tracce genomiche con Integrative Genome Viewer (IGV)
- Utilizzo avanzato di Git e del workflow manager SGE in HPC computing

LAUREA MAGISTRALE - Tirocinio formativo (durata: 1 anno)

Analisi bioinformatica del profilo di accessibilità della cromatina di linfociti T da pazienti con cancro al colon retto e al polmone

Abilità acquisite:

- Controllo qualità di librerie di sequenziamento Next Generation Sequencing (NGS)
- Analisi bioinformatica di librerie di ATAC-seq (read mapping, peak calling, peak annotation, ATAC-seq quality control)
- Analisi bioinformatiche downstream su dati di sequenziamento:
 - Analisi differenziale con DESeq2, EdgeR (Bioconductor)
 - Metodi di riduzione della dimensionalità (es. PCA) e metodi di Clustering
 - Gene Set Enrichment Analysis
 - Motif Enrichment Analysis
- Apprendimento di linguaggi di programmazione: R, Groovy, Bash
- Configurazione e gestione di pipeline bioinformatiche per l'elaborazione di dati di NGS (es. Nextflow pipeline)
- Progettazione e sviluppo di workflow standardizzati per le analisi genomiche downstream con JupyterLab
- Gestione di Database
- Metodi di analisi statistica di dati biologici (es. test di ipotesi, regressione lineare, correlazione di Pearson/Spearman, ANOVA, modelli lineari generalizzati)

LAUREA TRIENNALE - Tirocinio formativo (durata: 5 mesi)

Caratterizzazione di alterazioni metaboliche e molecolari di fibroblasti in coltura da pazienti con malattia neurodegenerativa di Krabbe

Tecniche acquisite:

- Colture cellulari
- Estrazione RNA e Real-Time PCR
- Marcatura metabolica con radioisotopi
- Estrazione e ripartizione lipidica totale
- Cromatografia su strato sottile (HPTLC)
- Immunofluorescenza
- Dosaggi proteici



ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2017-2018	IDENTIFICAZIONE DI VIE DI SIGNALLING E METABOLICHE ALTERATE IN FIBROBLASTI PRELEVATI DA PAZIENTI AFFETTI DA MALATTIA DI KRABBE
2019-2021	DECIPHERING THE CELL STATE OF TUMOR-INFILTRATING LYMPHOCYTES THROUGH CHROMATIN ACCESSIBILITY PROFILING
2021-2024	CHARACTERIZATION OF THE EPIGENOMIC PROFILE SHAPING HUMAN FOXP3+ REGULATORY T CELL IDENTITY IN THE TUMOR MICROENVIRONMENT

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
20 settembre 2024	Workshop BioMeTra 2024 Poster Presentation	Milano
10-13 giugno 2024	EACR Annual Congress Oral Presentation	Rotterdam
17-20 ottobre 2023	EMBO Meeting “Enhanceropathies: understanding enhancer function to understand human disease” Poster presentation	Marsiglia
11-13 settembre 2023	Basel Computational Biology Congress: big data in Biology, promises and challenges	Basilea
13 luglio 2023	Milan Meets Immunology 2023 Oral Presentation	Milano
15-18 maggio 2023	EMBL Conference “Chromatin and Epigenetics” Poster presentation	Heidelberg
9-11 maggio 2023	4DGenomics Conference: investigating, modelling and understanding the genome in space and time Poster Presentation	Milano

ALTRE INFORMAZIONI

Collaborazione con l'Università degli Studi di Milano per attività di tutorato e insegnamento integrativo (art. 45) nel 2022 e nel 2024



L'attività consisteva nello svolgimento di un'esercitazione pratica durante il corso magistrale di Biologia Molecolare Applicata alle Biotecnologie, sulle tecnologie NGS e sui relativi metodi bioinformatici.

Nel 2022, gli argomenti trattati includevano: introduzione al NGS, il metodo ATAC-seq e i principali step di analisi dei dati, il metodo RNA-seq e i principali step di analisi dei dati, con esercitazioni pratiche su pipeline computazionali.

Nel 2024, gli argomenti trattati includevano: design sperimentale e principali step di analisi bioinformatica di dati di ChIP-seq, con esercitazione pratica su pipeline per l'analisi downstream di dati di ChIP-seq, e training delle basi del linguaggio di programmazione R.

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

RICORDIAMO che i curricula **SARANNO RESI PUBBLICI** sul sito di **Ateneo** e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Milano, 29 Settembre 2024