



AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 6758

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 Scienze della Salute

Responsabile scientifico: Prof.ssa Miozzo Monica Rosa

Stefano Quaranta

## CURRICULUM VITAE

### INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Quaranta
Nome	Stefano

### OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Studente di dottorato in Bioingegneria, Bioinformatica e Tecnologie della Salute	Università degli Studi di Pavia, dipartimento di Biologia e Biotecnologie

### ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biotechnologie Mediche e Farmaceutiche	Università degli Studi di Pavia	2021
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca	Bioingegneria, Bioinformatica e Tecnologie della Salute	Università degli Studi di Pavia	in fase di conseguimento (termine dei 3 anni di borsa: 31 dicembre 2024, discussione prevista 2025)
Master			
Diploma Di Specializzazione Medica			
Diploma Di Specializzazione Europea			
Altro			



# UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

## ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

Data iscrizione	Ordine	Città



## LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2

## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2021	Borsa di studio Erasmus Traineeship effettuato presso Queen Mary University of London (Londra)

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività
<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Linee di ricerca seguite durante il dottorato (Università degli Studi di Pavia, 2021-in corso):</b><ol style="list-style-type: none"><li>1. <b>Thermal Acclimation and Adaptation of the Asian tiger mosquito <i>Aedes albopictus</i> (Progetto principale):</b> Il progetto ha lo scopo di identificare quali sono i marker genomici alla base dell'acclimazione e adattamento termico nella zanzara tigre <i>Aedes albopictus</i> tramite l'analisi bioinformatica di dati genomici e trascrittomici.</li><li>2. <b>Reproductive resource allocation correlates with successful global invasion of a mosquito species:</b> lo scopo di questo studio è investigare quali siano tratti che favoriscono l'invasione. In particolare, mi sono occupato di stabilire se i ceppi di laboratorio di <i>Aedes albopictus</i> studiati siano geneticamente diversi.</li><li>3. <b>Carry-over effects of <i>Bacillus thuringiensis</i> on tolerant <i>Aedes albopictus</i> mosquitoes:</b> Bti (<i>Bacillus thuringiensis israelensis</i>) è un batterio ampiamente utilizzato come agente di controllo delle zanzare grazie alla sua azione larvicida. Tuttavia, una percentuale di larve sopravvive al trattamento, da qui definita tollerante. In questo studio ho analizzato dati di metagenomica per studiare gli effetti sul microbiota di Bti in larve e adulti tolleranti.</li><li>4. <b>A bioinformatic pipeline to explore piRNA clusters variability from short-read sequencing data: a case study on the arboviral vector <i>Aedes aegypti</i>:</b> In questo progetto, ho sviluppato una pipeline bioinformatica per studiare la variabilità genomica dei piRNA clusters (piC) in diverse popolazioni di zanzara della febbre gialla <i>Aedes Aegypti</i>. I piRNA clusters sono regioni genomiche codificanti per piRNA la cui funzione ipotizzata è la soppressione di elementi trasponibili. Inoltre, i piC contengono sequenze di origine virale, suggerendo un ruolo di natura immunitaria.</li></ol></li><li>• <b>Attività di formazione seguite durante il dottorato (Università degli Studi di Pavia, 2021-in corso):</b><ol style="list-style-type: none"><li>1. <b>Corso di apprendimento computazionale in biomedicina, modulo 1 (corso valutato con esame, 6 CFU):</b> il corso erogato dall'Università degli Studi di Pavia, ha lo scopo di fornire le basi di apprendimento computazionale supervisionato e non supervisionato.</li><li>2. <b>Corso in "infectious diseases modelling" (corso valutato con esame, 6 CFU):</b> il corso è stato erogato per via telematica da Imperial College London. Lo scopo del corso è fornire la conoscenza dei modelli epidemiologici (modelli SIR) per lo studio di malattie infettive, nonché la loro implementazione in linguaggio R.</li><li>3. <b>Corso di apprendimento computazionale in biomedicina, modulo 2 (corso non valutato, 3 CFU):</b> il corso erogato dall'Università degli Studi di Pavia, ha lo scopo di fornire le basi di <i>deep learning</i>.</li><li>4. <b>Seminari e corsi brevi vari:</b><ol style="list-style-type: none"><li>1. "Open access, Open data, open science + Bibliometria - una definizione ampia - applicazioni". 24 Febbraio 2022 con rilascio attestato</li></ol></li></ol></li></ul>



2. "Statistical models useful in biomedical and behavioural research - A "hands on" approach using the package R". Giugno 20-24, 2022
3. "La ricerca scientifica e il principio delle 3R". 28-29-30 Giugno e 4-5-6 Luglio 2022 con esame finale e rilascio attestato
4. nf-core hackathon, Pavia, 27-29 Marzo 2023
5. "Presentation skills". Febbraio - Marzo 2023
6. "Learn Python 3". Maggio-Luglio 2023

- **PhD internship (enGenome, 2023):** Nei 6 mesi trascorsi in azienda, mi sono occupato di apportare delle migliorie alla pipeline bioinformatica *eVant*, ottimizzandone il codice e aggiornando alcune delle risorse implementate (COSMIC, ClinVar).
- **Temporal activity patterns and overlaps of introduced leporids and their mesopredators (Università degli Studi di Pavia, 2022):** Analisi di dati relativi alle osservazioni di *Sylvilagus floridanus* e *Oryctolagus cuniculus*. La ricerca ha lo scopo di studiare gli *activity patterns* dei due lagomorfi quando presenti nello stesso territorio.
- **Attività di ricerca svolta all'estero durante il dottorato (Università di Losanna, Svizzera, 2022):** Periodo di 3 mesi trascorso presso il dipartimento di Ecologia ed Evoluzione dell'Università di Losanna. L'attività di ricerca svolta è descritta al punto 2 della voce "Linee di ricerca seguite durante il dottorato".
- **Erasmus traineeship (Queen Mary University of London, 2021):** Visiting researcher presso la facoltà di medicina (William Harvey Research Institute). Il progetto ha previsto l'utilizzo di strumenti bioinformatici per l'analisi di dati relativi a pazienti depositati sulla banca dati UK Biobank. Tramite GWAS (Genome Wide Association Studies) sono stati identificati dei geni candidati coinvolti nella rigidità aortica.
- **Internato di tesi magistrale (Università degli Studi di Pavia, 2020-2021):** Internato di tesi magistrale svolto presso il Dipartimento di Ingegneria Industriale e dell'Informazione. Il progetto ha previsto lo sviluppo di una pipeline bioinformatica per l'analisi di dati di trascrittoma depositati su database pubblici, con lo scopo di analizzare tutti i dataset depositati relativi a *E.coli* e *L. lactis* per individuare i geni con *rate* trascrizionale stabile e variabile. I geni selezionati sono interessanti per l'ingegnerizzazione di promotori costitutivi e inducibili in ceppi batterici di interesse nell'ambito della biologia sintetica.
- **Internato di tesi triennale (Università degli Studi di Pavia, 2015):** Internato di tesi triennale svolto presso il Dipartimento di Medicina Molecolare. Il progetto, concluso con la tesi di laurea triennale dal titolo "Segmentazione di immagini tridimensionali di preparati chiarificati", ha previsto l'utilizzo di algoritmi (semi-automatici e automatici) per la segmentazione di immagini tridimensionali di coclea murina, con lo scopo di evidenziare i vantaggi e svantaggi dei due metodi.

## ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2021	Borsa di dottorato in ambito del Programma Operativo Nazionale Ricerca e Innovazione 2014-2020 (CCI2014IT16M2OP005), risorse FSE REACT-EU, Azione IV.4 "Dottorati e contratti di ricerca su tematiche dell'innovazione" e Azione IV.5 "Dottorati su tematiche Green" "Affrontare e sfruttare gli effetti del cambiamento climatico sul vettore di arbovirus <i>Aedes albopictus</i> "

## TITOLARITÀ DI BREVETTI

Brevetto



## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
14/05/2024	Seminario: "Meeting with NVIDIA (NVATIC & Physics informed Neural Networks)"	Pavia
19/03/2024	Seminario: "BALANCING THEORY AND PRACTICE IN DEVELOPING DESIGN GUIDANCE FOR MOBILE HEALTH APPLICATIONS TARGETING HABIT FORMATION"	Pavia
01/03/2024	Seminario: "Unlocking the digital genome"	Pavia
11/01/2024	Seminario: "the evolution of monoaminergic neurons"	Pavia
18/12/2023	Seminario: "De novo engineered living materials from bacteria"	Pavia
11/09/2023-14/09/2023	XLII Scuola Annuale di Bioingegneria	Bressanone
23/07/2023-27/07/2023	Congresso: SMBE (Society of Molecular Biology and Evolution)	Ferrara
11/04/2023	Seminario: "Engineering a bacterium for lung therapy - Luis Serrano Pubul"	Pavia
18/03/2023	Seminario: "Photonic Technologies for Biochemical Sensing - Yubing Hu"	Pavia
10/06/2022	Seminario: "The dark matter of the genome"	Pavia
04/09/2022-07/09/2022	Congresso: SIBE (Società Italiana di Biologia Evoluzionistica)	Ancona
12/09/2022-15/09/2022	XLI Scuola Annuale di Bioingegneria	Bressanone
25/05/2022	Seminario: "Staphyloxanthin-targeting phototherapy platform to combat methicillin-resistant S. aureus infections"	Pavia
06/04/2022	Seminario: "Creating a standard for somatic variants: bioinformatic challenges and clinical impact"	Pavia



## PUBBLICAZIONI

<b>Articoli su riviste</b>
Population-specific responses to developmental temperature in the arboviral vector <i>Aedes albopictus</i> : Implications for climate change. Carlassara, M., Khorramnejad, A., Oker, H., Bahrami, R., Lozada-Chávez, A. N., Mancini, M. V., <b>Quaranta, S.</b> , Body, M. J. A., Lahondère, C., & Bonizzoni, M. (2024). <i>Global Change Biology</i> , 30, e17226. <a href="https://doi.org/10.1111/gcb.17226">https://doi.org/10.1111/gcb.17226</a>
Reproductive resource allocation correlates with successful global invasion of a mosquito species. Ayda Khorramnejad, Claudia Alfaro, <b>Stefano Quaranta</b> , Alejandro Nabor Lozada-Chávez, Laila Gasmi, Hugo D. Perdomo, Laurent Roberto Chiarelli, Mariangela Bonizzoni <i>bioRxiv</i> 2024.07.18.604133; doi: <a href="https://doi.org/10.1101/2024.07.18.604133">https://doi.org/10.1101/2024.07.18.604133</a> (submitted to PNAS Nexus)
Carry-over effects of <i>Bacillus thuringiensis</i> on tolerant <i>Aedes albopictus</i> mosquitoes. Romina Bahrami, <b>Stefano Quaranta</b> , Hugo D. Perdomo, Mariangela Bonizzoni, Ayda Khorramnejad. (under review on <i>Parasites &amp; Vectors</i> )

<b>Atti di convegni</b>
Transcriptional response of warm-acclimated <i>Aedes albopictus</i> mosquitoes. <b>Stefano Quaranta</b> , Ayda Khorramnejad, Hugo Perdomo, Romina Bahrami, Mariangela Bonizzoni. Congresso Società Italiana di Biologia Evoluzionistica (SIBE) 2024, Napoli (IT). Poster presentation
Thermal Acclimation and Adaptation of <i>Aedes albopictus</i> . Ayda Khorramnejad, <b>Stefano Quaranta</b> , Hugo Perdomo, Romina Bahrami, Mariangela Bonizzoni. Congresso Unione Zoologica Italiana (UZI) 2024, Pisa (IT). Author contribution
Invasive mosquitoes are bigger in size and produce more fertile eggs. Ayda Khorramnejad, Claudia Alfaro, <b>Stefano Quaranta</b> , Alejandro Nabor Lozada-Chavez, Laila Gasmi, Hugo Perdomo, Laurent Chiarelli, Mariangela Bonizzoni. International Congress of Entomology (ICE) 2024, Kyoto (JP). Author contribution
Temporal activity patterns and overlaps of introduced leporids and their mesopredators. Sogliani D., Bignami L.A., Scabini E., Di Bari P., <b>Quaranta S.</b> , Ancillotto L., Mori E. XIII congresso italiano di teriologia, Pesche (IT). Author contribution
A Bioinformatic Pipeline Supporting the Selection of Bacterial Promoters with Target Features from the Analysis of Transcriptomic Data. D. Dallerà, <b>S. Quaranta</b> , D. De Marchi, G. Cipriano, P. Magni, L. Pasotti. Proceedings of VIII Congress of National group of Bioengineering (GNB), Padova (IT). Author contribution
A Bioinformatic Pipeline Supporting the Selection of Bacterial Promoters with Target Features from the Analysis of Transcriptomic Data. D. Dallerà, <b>S. Quaranta</b> , D. De Marchi, G. Cipriano, P. Magni, L. Pasotti. Proceedings of 2023 Synthetic Biology: Engineering, Evolution & Design (SEED), Los Angeles (US). Author contribution
Investigating physiological differences between native and invasive strains of the arboviral vector <i>Aedes albopictus</i> . Ayda Khorramnejad, Claudia A. Contreras, <b>Stefano Quaranta</b> , Laila Gasmi, Mariangela Bonizzoni. Congresso Società Italiana di Biologia Evoluzionistica (SIBE) 2022, Ancona (IT). Author contribution

## ALTRE INFORMAZIONI

Co-supervisore di tesi magistrali: <ul style="list-style-type: none"><li>Giovanni Cipriano (tesi magistrale in Biotecnologie Mediche e Farmaceutiche). Tesi dal titolo: "Validazione di una pipeline bioinformatica per la predizione di Transcription Start Site basata su esperimenti di RNA Sequencing"</li><li>Chiara Alessi (tesi magistrale in Bioingegneria): "A bioinformatics pipeline to explore piRNA clusters variability from short read sequencing data: a case-study on the arboviral vector <i>Aedes aegypti</i>"</li></ul>
---



- Martina Calò (tesi magistrale in Bioingegneria): in corso

## Principali competenze informatiche e bioinformatiche:

- Linguaggio R e Python
- Sistema linux, bash e shell scripting
- High Performance Computing (HPC): workflow management systems (nextflow, cosmos), containerization platform (Docker), job scheduler (Slurm).
- Analisi di dati genomici (WGS), trascrittomici (WES) e metagenomici (amplicon sequencing)

## Esperienza in:

- Analisi di espressione genica differenziale
- Genetica e genomica di popolazione
- Analisi del microbiota
- Sviluppo di pipeline bioinformatiche

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: Pavia, 05/08/2024