



ALLA MAGNIFICA RETTRICE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: A010

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 Bioscienze.

Responsabile scientifico: Diletta Dolfini

ALBERTO GALLO

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	GALLO
Nome	ALBERTO

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Assegnista di Ricerca	Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Dottorato Di Ricerca	Biologia Molecolare e Cellulare	Università degli Studi di Milano	2024
Laurea Magistrale o equivalente	Molecular Biology of the Cell	Università degli Studi di Milano	2019



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	C1

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2023	Vincitore premio miglior Talk all'evento PhD Workshop 2023 del Dipartimento di Bioscienze (UNIMI)

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività: Attività di ricerca con strumenti bioinformatici nel campo della genomica e trascrittomica.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
11/2017	Tirocinio curricolare (Laurea Triennale, Università degli Studi di Milano) - Ricerca di parametri quantitativi nei tumori. Metodi: osservazione morfologica colonie cellulari (linea cellulare tumorale IGR39), scratch assay, SRB assay, elettroforesi su gel di proteine, scrittura con linguaggio di marcatura LaTeX.
2019	BeaconLab (tesi magistrale sperimentale, Università degli Studi di Milano) - Algorithmic approaches for the identification of phasiRNAs-producing loci in plants. <ul style="list-style-type: none">Progettazione, implementazione e sperimentazione di un algoritmo per la detezione di loci genomici associati alla produzione di RNA interferenti ad intervalli regolari (phased short interfering RNA, o phasiRNA) in cinque specie vegetali (<i>A.thaliana</i>, vite, pomodoro, patata e riso);mappatura su genoma di campioni (small) RNA-seq;comparazione tra nuovo metodo e strumenti pre-esistenti;validazione statistica e analisi funzionale (Gene Ontology) dei risultati;Analisi di espressione differenziale di phasiRNAs tra cultivar suscettibili e resistenti all'infezione di virus di pomodoro, in piante infette o sane. Metodi: utilizzo della Bash shell e software per il processamento e la mappatura su genoma di small RNA, quali <i>samtools</i> , <i>bowtie</i> e <i>bowtie2</i> ; produzione di script dedicati nei linguaggi di programmazione R e Python; utilizzo del pacchetto <i>edgeR</i> per analisi dell'espressione differenziale; analisi funzionale di set di geni tramite arricchimento di termini Gene Ontology.
2020-presente	MantorLab (dottorato di ricerca, Università degli Studi di Milano) <ul style="list-style-type: none">Analisi <i>in silico</i> di dati di espressione (RNA-seq) di sample tumorali (linee cellulari e tumori primari) e sani a partire da database pubblici quali GeoDataset (NCBI) o il consorzio "The Cancer Genome Atlas" (TCGA), a livello genico, di singolo trascritto



	<p>o di singolo esone. Focus specifico sulle isoforme principali della subunità regolatrice (DNA-binding) del fattore di trascrizione pioniere NF-Y (nuclear factor Y), NF-YA: impatto sulla prognosi dei pazienti oncologici di alti/bassi livelli di espressioni delle stesse, nonché del loro rapporto, tramite analisi di curve di sopravvivenza / modello di regressione di Cox (hazard ratio);</p> <ul style="list-style-type: none">• analisi di espressione differenziale tra sottotipi di tumori al seno (BRCA) e stomaco (STAD), analisi funzionale di geni differenzialmente espressi (Gene Ontology, KEGG pathways, MSigDB hallmark, etc.) e di arricchimento di motivi di siti di legame di fattori trascrizionali. Classificazione molecolare di sample tumorali tramite clustering gerarchico o metodologie di deep learning;• analisi di coespressione dei geni, determinazione e sperimentazione di gene signature candidate. Deconvoluzione della ripartizione in tipi cellulari di sample tumorali bulk RNA-seq tramite esperimenti di single cell RNA-seq;• mappatura su genoma di campioni RNA-seq pubblici provenienti da tessuti animali, e analisi di espressione a livello di gene, trascritto, esone. Analisi filogenetiche quali calcolo del rapporto tra mutazioni non sinonime e sinonime (dN/dS), conservazione di regioni adiacenti agli esoni tramite probabilità di selezione negativa, ricostruzioni di alberi filogenetici, allineamenti multipli di sequenze omologhe;• Processamento e analisi di esperimenti long read RNA-seq. <p>Metodi: utilizzo della Bash shell e di software per l'analisi e la mappatura su genoma di dati RNA-seq e scRNA-seq tramite interfaccia a linea di comando, quali <i>bowtie</i>, <i>bowtie2</i>, <i>STAR</i>, <i>RSEM</i>, <i>kallisto</i>, <i>samtools</i>, <i>KOBAS</i>, <i>Pscan</i>; uso del package manager su base Python <i>Conda</i> per la gestione di ambienti riproducibili; realizzazione di script dedicati nel linguaggio di programmazione R, con impiego di pacchetti bioconductor quali <i>DESeq2</i>, <i>DeepCC</i>, <i>SCDC</i>, <i>Seurat</i> per l'analisi di dati processati di RNA-seq e scRNA-seq, e della suite <i>tidyverse</i> per la manipolazione di dataframe e classi di dati, l'applicazione di test statistici e la produzione di grafici; realizzazione di script Python per la manipolazione di dataframe e file di testo con librerie <i>pandas</i>, <i>numpy</i>, <i>scipy</i>. Interrogazione di database pubblici e genome browser quali UCSC, Ensembl, Short Reads Archive (SRA), ENA, ENCODE.</p>
04/2023-07/2023	<p>Barozzi's Lab (Medizinische Universität Wien)</p> <ul style="list-style-type: none">• Analisi bioinformatiche di dati single cell RNA-seq e single cell ATAC-seq (saggio dell'accessibilità di regioni genomiche tramite sequenziamento). Determinazione di cluster cellule sulla base di modelli di espressione eterogenei, assegnazione del tipo cellulare sulla base dell'espressione di marker associati, individuazione di cellule tumorali sulla base della variazione del numero di copie dei geni (CNV);• Costruzione di traiettorie pseudo-temporali nel differenziamento di corpi embrioidi murini, a partire da dati di espressione genica a risoluzione single cell. <p>Metodi: utilizzo della Bash shell e di software per l'analisi di dati scRNA-seq e scATAC-seq tramite interfaccia a linea di comando. Uso del package manager su base Python <i>Conda</i> per la gestione di ambienti riproducibili; realizzazione di script dedicati nei linguaggi di programmazione R, con impiego di pacchetti bioconductor quali <i>Seurat</i>, <i>ArchR</i>, <i>monocle</i>, <i>Cicero</i> e <i>inferCNV</i> per l'analisi di dati processati di scRNA-seq e scATAC-seq, della suite <i>tidyverse</i> per la manipolazione di dataframe e classi di dati, l'applicazione di test statistici e la produzione di grafici; realizzazione di script Python per la manipolazione di dataframe e file di testo, con librerie <i>pandas</i>, <i>numpy</i>, <i>scipy</i>, nonché manipolazione di dati scRNA-seq con la libreria <i>scanpy</i>.</p>



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
30/05/2022 - 01/06/ 2022	Deciphering Stem Cell Fate by Single Cell, Multiomic & Inference Approaches	Centro di Biotecnologie Molecolari, Torino

PUBBLICAZIONI

Articoli su riviste
Gallo A., Ronzio M., Bezzecchi E., Mantovani R., Dolfini D. NF-Y subunits overexpression in gastric adenocarcinomas (STAD). Sci Rep 2021;11(1):23764.
Bernardini A., Gallo A., Gnesutta N., Dolfini D., Mantovani R. Phylogeny of NF-YA trans-activation splicing isoforms in vertebrate evolution. Genomics 2022;114(4):110390.
Londero M., Gallo A., Cattaneo C., Ghilardi A., Ronzio M., Del Giacco L., Mantovani R., Dolfini D. NF-YA1 drives EMT in Claudinlow tumours. Cell Death Dis. 2023 Jan 28;14(1):65
Gallo A, Dolfini D, Bernardini A, Gnesutta N, Mantovani R. NF-YA isoforms with alternative splicing of exon-5 in Aves. Genomics. 2023 Sep;115(5):110694.
Ronzio M, Bernardini A, Taglietti V, Ceribelli M, Donati G, Gallo A, Pavesi G, Dellabona P, Casorati G, Messina G, Mantovani R, Dolfini D. Genomic binding of NF-Y in mouse and human cells. Genomics. 2024 Sep;116(5):110895.

Atti di convegni
Poster: NF-YA overexpression and isoforms balance in Stomach Adenocarcinoma (STAD)

ALTRE INFORMAZIONI

CORSI SEGUITI: <ul style="list-style-type: none">• [01/2021] Biostatistics for Molecular and Cellular Biology (Università degli Studi di Milano);• [02/2021] Molecular and Cellular Biology: methods and communication of results (Università degli Studi di Milano);• [05/2021] Introduction to the analysis of the genome (Università degli Studi di Milano);• [06/2021] Single-cell RNA-seq analysis with R/Bioconductor (Physalia Courses, Online).
COMPETENZE TRASVERSALI (Università degli Studi di Milano): <ul style="list-style-type: none">• [A.A. 2020/2021] Fondamenti di Academic Writing;• [A.A. 2020/2021] Language Coaching -Presentation Skills;• [A.A. 2020/2021] Open Science;• [A.A. 2020/2021] Lezione Propedeutica base su IP;• [A.A. 2020/2021] Communication on new Media;• [A.A. 2021/2022] Behind the scene of a peer reviewed journal;• [A.A. 2021/2022] Research integrity I;• [A.A. 2021/2022] Research integrity II;• [A.A. 2021/2022] Academic writing: Research paper;



- [A.A. 2022/2023] Laboratorio per la preparazione di un piano di disseminazione/comunicazione;
- [A.A. 2022/2023] Lezione avanzata sull'utilizzo dell'IP per fare innovazione;
- [A.A. 2022/2023] Valorizzare creando impresa;
- [A.A. 2022/2023] Open Science: Dati Fair;
- [A.A. 2022/2023] Il profilo LinkedIn: tips & tricks per i PhD.

2020-oggi - ATTIVITA' di TUTORAGGIO per studenti (n. 4) tirocinanti presso il laboratorio per lo svolgimento di analisi bioinformatiche e la scrittura di tesi magistrali.

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, 18/12/2024