

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di selezione per la chiamata a professore di II fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 18, commi 1 e 4, della Legge n. 240/2010 per il settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare, (settore scientifico-disciplinare BIO/11 - Biologia Molecolare) presso il Dipartimento di BIOSCIENZE, Codice concorso 4782

Matteo Cereda, M.Eng, Ph.D

CURRICULUM VITAE

Cognome	Cereda
Nome	Matteo
Data di Nascita	30/05/1980
Nazionalità	Italiana
H-index (Scopus)	11
Numero di Citazioni (Scopus)	887



<https://orcid.org/0000-0003-1799-5537>

Titoli

Titoli di studio e di dottore di ricerca

2008 – 2010 **Dottore di ricerca**, *Sistemi Complessi in Medicina e Scienze della Vita*, Università degli Studi di Torino - Via Verdi, 8 - Torino, “Integrating the current knowledge to predict the effect of genomic variation on pre-mRNA splicing”, conseguito il 17/10/2010, Supervisore: Prof Michele Caselle, Ing. Uberto Pozzoli;

1999 – 2005 **Laurea (vecchio ordinamento) in Ingegneria Biomedica**, Politecnico di Milano - Piazza Leonardo da Vinci, 32 - Milano, conseguito il 26/07/2005, 90/100, Relatore: Prof. Marcello Crivellini.

Altri titoli conseguiti

2018 **Abilitazione Scientifica Nazionale**, Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca, bando D.D. 1532/2016, settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare, idoneo al ruolo di professore di II fascia di Biologia Molecolare (SSD: **BIO/11**) dal 01/08/2018;

2006 **Abilitazione Professione Ingegnere**, sessione prima, settore Ingegneria, ramo Elettronica (Biomedica, Elettronica, Informatica, Telecomunicazioni, Automatica), 88/100.

Attività didattiche

Insegnamenti

- **Professore** (collaborazione occasionale), Corso di **Programming** del PhD Program in Systems Medicine, Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM), Dipartimento di Oncologia ed Emato-Oncologia, Università degli Studi di Milano. Anni Accademici: **2012-2013, 2013-2014, 2018-2019, 2019-2020, 2020-2021 e 2021-2022**. In ciascuna annualità, ho seguito gli studenti per 40 ore di corso in bioinformatica e tecniche di programmazione.
- **Professore** (collaborazione occasionale), Corso di **Cancer Evolution** del PhD Program in Systems Medicine, Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM), Dipartimento di Oncologia ed Emato-

Oncologia, *Università degli Studi di Milano*. Anno Accademico: **2013-2014**. All'interno del corso, ho seguito gli studenti per 40 ore di corso pratico sullo studio dell'evoluzione tumorale da dati di sequenziamento di ultima generazione (next generation sequencing).

- **Culture della Materia**, Corso di **Informatica**, Laurea triennale in Terapista della Neuro e Psicomotricità dell'Età Evolutiva (L/SNT2), *Università degli Studi di Milano*. Anni Accademici: **2008-2009** e **2009-2010**. In ciascuna annualità, ho svolto attività di supporto alla didattica per 14 ore di corso di informatica generale e partecipazione alle commissioni per gli esami di profitto.

Attività didattica integrativa e di servizio agli studenti

Attività di relatore di tesi di laurea e di dottorato e di tutorato

- **Relatore tesi di laurea** per il Corso di Laurea Magistrale in Fisica dei Sistemi Complessi (LM-17), Università degli Studi di Torino.
 1. Andrea Lauria, "*Gene Set Enrichment Analysis with Finite Mixture Models*", A.A. 2017, Voto finale di laurea: 110/110 cum laude. Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselles
 2. Ottavia Prunas, "*Filtering techniques for bipartite networks*", A.A. 2017, Voto finale di laurea: 110/110 cum laude. Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.
 3. Gabriele Lubatti, "*Cell Competition in mouse embryo*", A.A. 2018, Voto finale di laurea: 110/110 cum laude. Relatori: Dr Matteo Cereda, Dr Antonio Scialdone, Prof Michele Caselle.
 4. Serena Peirone, "*A network analysis of alternative splicing regulation to detect cancer-specific alterations*", A.A. 2018, Voto finale di laurea: 110/110. Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.
 5. Sarah Perrone, "*Assessment of gene expression modality and its impact on biological processes at a single cell level*", A.A. 2019, Voto finale di laurea: 110/110. Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.

(Tutti gli studenti, tranne il numero 3, hanno svolto la loro tesi all'interno del mio laboratorio sotto la mia diretta supervisione)

- **Relatore di tesi di Dottorato** per la scuola di "Complex Systems for Quantitative Biomedicine", Scienze della Vita e della Salute, Università degli Studi di Torino. *Tutte le borse di dottorato non sono ministeriali ma sono finanziate dai Grants di cui sono titolare*. Gli studenti svolgono la loro attività all'interno del mio laboratorio:
 1. Serena Peirone, "*Tissue-specific characterization of splicing factor transcriptional regulation*", Ciclo. XXXIV (A.A. 2019-2021). Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.
 2. Francesca Priante, "*Deciphering alternative splicing and post-transcriptional processes in cancer through third-generation RNA sequencing*", Ciclo. XXXIV (A.A. 2021-2023). Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.
 3. Sarah Perrone, "*Deconvolution of medulloblastoma resistome tracking of drug-tolerant subclones through integrative bioinformatics approaches*", Ciclo. XXXVI (A.A. 2021-2023). Relatori: Dr Matteo Cereda, Prof Michele Caselle.
- **Tutor per la scuola di Dottorato** "Complex Systems for Quantitative Biomedicine", Scienze della Vita e della Salute, Università degli Studi di Torino
- **Tutor aziendale di tirocini extracurricolari** della durata di 6 mesi (40 ore settimanali) per:
 1. Università degli Studi di Torino. Tirocinante: Alberto Rissone, A.A. 2021
 2. Università degli Studi di Siena. Tirocinante: Lucilla Bracco A.A. 2021
 3. Politecnico di Torino. Tirocinante: Lorenzo Cefaloni, A.A. 2021
 4. ENAIP (Ente Acli Istruzione Professionale Piemonte). Tirocinante: Mariachiara Grieco, A.A. 2020

Seminari

- **Relatore su invito** per:

1. **Dipartimento di Bioscienze**, Università degli Studi di Milano, 30/04/**2021**, Milano, IT. Titolo Seminario: “*The pioneer transcription factor FOXA1 calibrates the pre-mRNA alternative splicing landscape of human prostate cancers*”;
2. **Telethon Institute for Genetics and Medicine (Tigem)**, 26/03/**2019**, Napoli, IT. Titolo Seminario: “*Less is More: going discrete to detect the altered biological processes in heterogeneous high-volume RNA-sequencing data. A prostate cancer story.*”
3. **Ospedale Niguarda Cancer Center**, Università’ degli Studi di Milano, 26/01/**2016**, Milano, IT. Titolo Seminario: “*Synchronous colorectal cancers: distinct genetic entities characterised by a specific clonal evolution*”;
4. **Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi**, Molecular Biotechnology Center, Università degli Studi di Torino, 27/01/**2016**, Torino, IT. Titolo Seminario: “*Synchronous colorectal cancers: distinct genetic entities characterised by a specific clonal evolution*”;
5. **Istituto Europeo di Oncologia (IEO)**, **2011**, Milano, IT. Titolo Seminario: “*Integrating the current knowledge to predict the effect of genomic variations on pre-mRNA splicing*”.

Attività di ricerca scientifica

Pubblicazioni scientifiche peer-reviewed

- Giudice M.D.[°], Peirone S.[°], Perrone S., Priante F., Varese F., Tirtei E., Fagioli F., **Cereda M.***. *Artificial intelligence in bulk and single-cell RNA-sequencing data to foster precision oncology. International Journal of Molecular Sciences.* **2021**. Vol:22 Issue:9 Art.N.:4563 doi:10.3390/ijms22094563 ISSN:16616596 PubMed ID:33925407 EID:2-s2.0-85104747869 Impact Factor: 5.923
- Tirtei E., Campello A., Asaftei S.D., Mareschi K., **Cereda M.**, Fagioli F. *Precision Medicine in Osteosarcoma: MATCH Trial and Beyond. Cells.* **2021**. Vol:10 Issue:2 doi:10.3390/cells10020281 ISSN:20734409 PubMed ID:33572496 EID:2-s2.0-85101471354 Impact Factor: 6.660 Cited by:1
- Lauria A.[°], Peirone S.[°], Giudice M.D.[°], Priante F., Rajan P., Caselle M., Oliviero S.^{°*}, **Cereda M.^{°*}** *Identification of altered biological processes in heterogeneous RNA-sequencing data by discretization of expression profiles. Nucleic Acids Research.* **2020**. Vol:48 Issue:4 doi:10.1093/nar/gkz1208 ISSN:03051048 PubMed ID:31889184 EID:2-s2.0-85081097473 Impact Factor: 16.971 Cited by:2
- Tirtei E., **Cereda M.**, De Luna E., Quarello P., Asaftei S.D., Fagioli F. *Omic approaches to pediatric bone sarcomas. Pediatric Blood & Cancer.* **2020**. Vol:67 Issue:2 Art.N.:e28072 doi:10.1002/pbc.28072 ISSN:15455009 PubMed ID:31736201 EID:2-s2.0-85075415023 Impact Factor: 3.167 Cited by:6
- Mourikis T.P., Benedetti L., Foxall E., Temelkovski D., Nulsen J., Perner J., **Cereda M.**, ..., Ciccarelli F.D.. The Oesophageal Cancer Clinical and Molecular Stratification (OCCAMS) Consortium. *Patient-specific cancer genes contribute to recurrently perturbed pathways and establish therapeutic vulnerabilities in esophageal adenocarcinoma. Nature Communications.* **2019**. Vol:10 Issue:1 Art.N.:3101 doi:10.1038/s41467-019-10898-3 ISSN:20411723 PubMed ID:31308377 EID:2-s2.0-85069459995 Impact Factor: 14.226 Cited by:11
- Morandi E., **Cereda M.**, Incarnato D., Parlato C., Basile G., Anselmi F., Lauria A., Simon L.M., Polignano I.L., Arruga F., Deaglio S., Tirtei E., Fagioli F., Oliviero S. *HaTSPiL: A modular pipeline for high throughput sequencing data analysis. PLoS ONE.* **2019**. Vol:14 Issue:10 Art.N.:e0222512 doi:10.1371/journal.pone.0222512 ISSN:19326203 PubMed ID:31613890 EID:2-s2.0-85073453757 Impact Factor: 3.240
- Dastsooz H., **Cereda M.**, Donna D., Oliviero S. *A comprehensive bioinformatics analysis of UBE2C in cancers. International Journal of Molecular Sciences.* **2019**. Vol:20 Issue:9 Art.N.:2228 doi:10.3390/

- Gambardella G.[°], **Cereda M.[°]**, Benedetti L., Ciccarelli F.D. *MEGA-V: Detection of variant gene sets in patient cohorts. Bioinformatics. 2017.* Vol:33 Issue:8 doi:10.1093/bioinformatics/btw809 ISSN:13674803 PubMed ID:28003259 EID:2-s2.0-85019056520 Impact Factor: 6.937 Cited by:4
- Benedetti L., **Cereda M.**, Monteverde L., Desai N., Ciccarelli F.D. *Synthetic lethal interaction between the tumour suppressor STAG2 and its paralog STAG1. Oncotarget. 2017.* Vol:8 Issue:23 doi:10.18632/oncotarget.16838 ISSN:19492553 EID:2-s2.0-85020224936 Cited by:27
- **Cereda M.[°]**, Gambardella G.[°], Benedetti L.[°], Iannelli F., Patel D., Basso G., Guerra R.F., Mourikis T.P., Puccio I., Sinha S., Laghi L., Spencer J., Rodriguez-Justo M., Ciccarelli F.D. *Patients with genetically heterogeneous synchronous colorectal cancer carry rare damaging germline mutations in immune-related genes. Nature Communications. 2016.* Vol:7 Art.N.:12072 doi:10.1038/ncomms12072 ISSN:20411723 PubMed ID:27377421 EID:2-s2.0-84977272549 Impact Factor: 14.919 Cited by:21
- **Cereda M.**, Mourikis T.P., Ciccarelli F.D. *Genetic Redundancy, Functional Compensation, and Cancer Vulnerability. Trends in Cancer. 2016.* Vol:2 Issue:4 doi:10.1016/j.trecan.2016.03.003 ISSN:24058033 PubMed ID:28741568 EID:2-s2.0-84964434431 Impact Factor: 14.226 Cited by:7
- De Grassi A., Iannelli F., **Cereda M.**, Volorio S., Melocchi V., Viel A., Basso G., Laghi L., Caselle M., Ciccarelli F.D. *Deep sequencing of the X chromosome reveals the proliferation history of colorectal adenomas. Genome Biology. 2014.* Vol:15 Issue:8 Art.N.:437 doi:10.1186/s13059-014-0437-8 ISSN:14747596 PubMed ID:25175524 EID:2-s2.0-84924558128 Impact Factor: 13.567 Cited by:1
- **Cereda M.***, Pozzoli U., Rot G., Juvan P., Schweitzer A., Clark T., Ule J.*. *RNA motifs: Prediction of multivalent RNA motifs that control alternative splicing. Genome Biology. 2014.* Vol:15 Issue:1 Art.N.:R20 doi:10.1186/gb-2014-15-1-r20 ISSN:14747596 PubMed ID:24485098 EID:2-s2.0-84893207466 Impact Factor: 13.567 Cited by:27
- D'Antonio M., Guerra R.F., **Cereda M.**, Marchesi S., Montani F., Nicassio F., DiFiore P., Ciccarelli F.D. *Recessive cancer genes engage in negative genetic interactions with their functional paralogs. Cell Reports. 2013.* Vol:5 Issue:6 doi:10.1016/j.celrep.2013.11.033 ISSN:22111247 PubMed ID:24360954 EID:2-s2.0-84891038218 Impact Factor: 9.423 Cited by:11
- **Cereda M**, Sironi M., Cavalleri M., Pozzoli U. *GeCo++: A C++ library for genomic features computation and annotation in the presence of variants. Bioinformatics. 2011.* Vol:27 Issue:9 Art.N.:btr123 doi:10.1093/bioinformatics/btr123 ISSN:13674803 PubMed ID:21398667 EID:2-s2.0-79954554384 Impact Factor: 6.937 Cited by:20
- Tollervey J.R., Curk T., Rogelj B., Briese M., **Cereda M.**, Kayikci M., König J., Hortobágyi T., Nishimura A.L., Župunski V., Patani R., Chandran S., Rot G., Zupan B., Shaw C.E., Ule J. *Characterizing the RNA targets and position-dependent splicing regulation by TDP-43. Nature Neuroscience. 2011.* Vol:14 Issue:4 doi:10.1038/nn.2778 ISSN:10976256 PubMed ID:21358640 EID:2-s2.0-79953180492 Impact Factor: 24.884 Cited by:634
- Magri F., Del Bo R., D'Angelo M.G., Govoni A., Ghezzi S., Gandossini S., Sciacco M., Ciscato P., Bordoni A., Tedeschi S., Fortunato F., Lucchini V., **Cereda M.**, Corti S., Moggio M., Bresolin N., Comi G.P. *Clinical and molecular characterization of a cohort of patients with novel nucleotide alterations of the Dystrophin gene detected by direct sequencing. BMC Medical Genetics. 2011.* Vol:12 Issue:NA Art.N.:37 doi:10.1186/1471-2350-12-37 ISSN:14712350 PubMed ID:21396098 EID:2-s2.0-79952457683 Impact Factor: 2.103 Cited by:27
- Cagliani R., Fumagalli M., Pozzoli U., Riva S., **Cereda M.**, Comi G.P., Pattini L., Bresolin N., Sironi M. *A complex selection signature at the human AVPR1B gene. BMC Evolutionary Biology. 2009.* Vol:9 Issue:1 Art.N.:123 doi:10.1186/1471-2148-9-123 ISSN:14712148 PubMed ID:19486526 EID:2-s2.0-67649560886 Impact Factor: 3.260 Cited by:11

- Pozzoli U., Menozzi G., Fumagalli M., **Cereda M.**, Comi G.P., Cagliani R., Bresolin N., Sironi M. *Both selective and neutral processes drive GC content evolution in the human genome. BMC Evolutionary Biology. 2008.* Vol:8 Issue:1 Art.N.:99 doi:10.1186/1471-2148-8-99 ISSN:14712148 PubMed ID:18371205 EID:2-s2.0-42049113389 Impact Factor: 3.260 Cited by:40
- Sironi M., Menozzi G., Comi G.P., **Cereda M.**, Cagliani R., Bresolin N., Pozzoli U. *Gene function and expression level influence the insertion/fixation dynamics of distinct transposon families in mammalian introns. Genome Biology. 2006.* Vol:7 Issue:12 Art.N.:R120 doi:10.1186/gb-2006-7-12-r120 ISSN:14747596 PubMed ID:17181857 EID:2-s2.0-34249752804 Impact Factor: 13.567 Cited by:24

° = equal contributor; * = corresponding author. Impact Factor da InCites Journal Citation Reports 2021; Citazioni da Scopus al 07/08/2021

Pubblicazioni per conferenze (conference paper)

- Kayikci M., **Cereda M.**, Konig J., Ule J. *ASPIRE: An improved tool for the analysis of alternative splicing using AltSplice microarrays. Intelligent System for Molecular Biology/European conference on Computational Biology ISMB/ECCB. 2011.* Vol:2

Pubblicazioni pre-print

- Foster J.D., Arkell R., Del Giudice M., Anene C., Lauria A., Kelly J.D.G., Lemoine N.R., Oliviero S., **Cereda M.**°, Rajan P°*. *Dysregulation of splicing-related proteins in prostate cancer is controlled by FOXA1. bioRxiv. 2018.* doi:10.1101/509034

Articoli sottomessi a riviste scientifiche

- Del Giudice M.°, Foster J.G.°, Peirone S., Arkell R., Gaudino F., Parlato C., Guarrera S., Anselmi F., Oliviero S., Basso G., Rajan P.°, **Cereda M.**°. *The pioneer transcription factor FOXA1 orchestrates alternative splicing regulation in prostate cancer.*

Articoli in preparazione

- Priante F.°, Peirone S.°, Del Giudice M., Varese F., Gaudino F., Parlato C., Guarrera S., Anselmi F., Oliviero S., Basso G., **Cereda M.**°. *Nanopore sequencing reveals post-transcriptional mRNA modifications driven by FOXA1 and MYC in prostate cancer cells.*
- Perrone S.°, Peirone S.°, Del Giudice M., **Cereda M.**°. *scGSECA: discretisation of single-cell RNA sequencing profiles to assess cell heterogeneity.*
- Peirone S.°, Tirtei E.°, Del Giudice M., Perrone S., Parlato C., Guarrera S., Mareschi K., Anselmi F., Oliviero S., Basso G., **Cereda M.**°, Fagioli F.°. *Molecular characterisation of paediatric osteosarcomas.*

Organizzazione, direzione e coordinamento di centri/gruppi di ricerca nazionali e internazionali

- **Organizzazione, direzione e coordinamento di**

1. **Laboratorio di Genomica del Cancro e Bioinformatica**, Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), Candiolo, TO. Dal 01/01/2019 dirigo le linee di ricerca del gruppo (Group Leader) inerenti allo studio della regolazione co- e post-trascrizionale dello **splicing alternativo del pre-mRNA** e della genomica del cancro con approcci bioinformatici, di data science, next-generation sequencing e molecolari (<https://www.ceredalab.com/>). Il laboratorio e' bioinformatico e integra una parte di biologia molecolare. Attualmente e' composto da 2 senior post-docs (1 bioinformatico e 1 biologo), 3 studenti di dottorato, 1 borsista (biologo) e 1 tirocinante. Complessivamente ho supervisionato 5 post-docs, 3 studenti di dottorato, 4 studenti di laurea, e 3 tirocinanti. Supervisore di progetti per applicazioni a finanziamenti nazionali e internazionali da parte di membri del laboratorio (vedi sezione finanziamenti).

2. **High Performance Computing (HPC) facility**, Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), Candiolo, TO. Dal 01/01/**2020** dirigo (Head) il centro di calcolo ad alte prestazioni (12 nodi di calcolo computazionale parallelo, 4 nodi di calcolo GPU, 4 nodi di storage caldo, 3 nodi di storage freddo da 240 TB ciascuno) del Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM) al quale afferiscono i gruppi di ricerca di IIGM e FPO Candiolo per un totale di 30 bioinformatici.
3. **Long-read Oxford Nanopore sequencing platform**, Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), Candiolo, TO. Dal 01/01/**2021** sono responsabile (Head) della piattaforma di sequenziamento di terza generazione dotata di sequenziatori Oxford Nanopore GridION, MinION, Flongle, VolTrax. Supporto i gruppi di ricerca dal disegno sperimentale, all'esecuzione dell'esperimento, e all'analisi bioinformatica dei dati generati.
4. **Centro di Bioinformatica Avanzata a sostegno della ricerca oncologica**, Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM) e IRCCS FPO Candiolo Cancer Center, Candiolo, TO. Ideatore del centro che unisce due istituti di ricerca quali IIGM e FPO Candiolo, dal 15/06/**2021** dirigo le linee di ricerca bioinformatica inerenti alla gestione dei Big Data genomici, automatizzazione dei processi bioinformatici (Morandi et al., sezione Pubblicazioni), sviluppo di algoritmi e software per interpretare l'informazione contenuta nei Big Data genomici (Lauria et al.) e implementazione sistemi di intelligenza artificiale specifici per diagnosi di sottotipi tumorali, identificazione di biomarcatori, selezione di target terapeutici e nuove vulnerabilità (Del Giudice et al.).
5. **Gruppo Interdisciplinare per la Ricerca Traslazionale e Trials Clinici dei Tumori Genitourinari** presso IRCCS FPO Candiolo Cancer Center. Membro fondatore del gruppo con la Prof Caterina Marchiò (UniTO), Dr Pasquale Rescigno (IRCCS FPO Candiolo) e il Dr Nicola Crosetto (Karolinska Institutet, SW), dal 01/01/**2020** dirigo le attività di sequenziamento dal piano sperimentale alle analisi bioinformatiche, con partecipazione attiva al disegno degli studi clinici.
6. **Gruppo Interdisciplinare per Ricerca Finalizzata Giovani Ricercatori (GR-2019-12368827)**, Ministero della Salute, IRCCS FPO Candiolo, TO. Come Investigatore principale del progetto (sezione Finanziamenti), dal 01/06/**2021** dirigo le analisi bioinformatiche e molecolari e coordino le attività delle unità di bioinformatica e genomica del cancro (IIGM), di single-cell biology (IIGM/UniTo), di anatomia patologica (IRCCS FPO Candiolo) e di oncematologia pediatrica (Ospedale Infantile Regina Margherita Sant'Anna, TO) coinvolte nel progetto.
7. **Studio clinico "Targeting alternative splicing Neo-Junctions as a novel source of neo-antigens in lowly mutate tumors (TargetNeoJen)"**, IRCCS FPO Candiolo, TO. Come Sperimentatore principale, dal 01/06/**2021** dirigo lo studio clinico ambi-spettico della durata di 36 mesi per la caratterizzazione a singola cellula delle alterazioni di splicing alternativo nei tumori con un basso profilo mutazionale. Coordino le attività delle unità coinvolte di single cell biology (IIGM), anatomia patologica (IRCCS FPO Candiolo) e oncologia clinica (IRCCS FPO Candiolo).
8. **Gruppo Interdisciplinare per 'Ricerca pediatrica' Fondazione Cariparo**, progetto "Deconvolution of medulloblastoma resistance through high-resolution tracking of drug-tolerant subclones". In qualità di co-principal investigator, dal 01/11/**2020** dirigo le attività di sequenziamento e le analisi bioinformatiche del progetto. Collaborazione con Dr Luca Persano (Università degli Studi di Padova) e Prof Pietro Poliani (Università di Brescia).
9. **My First AIRC Grant (MFAG 20566)**, progetto: "Deciphering alternative splicing deregulation in cancer to identify novel therapeutic targets". Come investigatore principale del progetto, dal 01/01/**2018** dirigo le analisi e coordino le attività bioinformatiche e di biologia molecolare dei laboratori nazionali e internazionali coinvolti. Responsabile per le collaborazioni con Prof Salvatore Oliviero (Università degli studi di Torino), Prof Jernej Ule (Francis Crick Institute, Londra, UK) e Dr Prabhakar Rajan (Barts Cancer Institute, Londra, UK).
10. **Studio sperimentale multicentrico "Genomic Profiles Analysis in Children, Adolescents and Young Adult With Sarcomas (SAR-GEN_ITA): a Multicenter Prospective Study"** (ClinicalTrials.gov ID: NCT04621201), promosso da Associazione Italiana di Ematologia Oncologica Pediatrica (AIEOP). Dal 06/12/**2018** dirigo le attività di sequenziamento e le analisi bioinformatiche di questo studio clinico nazionale multicentrico, con particolare attenzione alla automatizzazione dei processi di sequenziamento e bioinformatici, e interazione con gli oncologi

di riferimento.

11. *Studio sperimentale multicentrico “Studio multicentrico prospettico per l’analisi del profilo genomico di sarcomi di pazienti pediatrici e giovani adulti alla diagnosi e/o alla ricaduta/refrattarietà di malattia”* promosso da Associazione Italiana di Ematologia Oncologica Pediatrica (AIEOP). Dal 01/07/**2016** al 05/12/**2018** ho diretto le analisi bioinformatiche di questo studio clinico multicentrico piemontese.
12. *Studio clinico “A multistage phase II trial of CEtreliman and Niraparib in Patients with metastatic castration-resistant prostate cancer (mCRPC) with DNA repair alterations (CENPIOS)”* promosso da Janssen (Johnson & Johnson) e IRCCS FPO Candiolo. Dal 01/07/**2021** dirigo le attività di sequenziamento e le analisi bioinformatiche di questo trial clinico nazionale multicentrico.
13. *Studio “GerSom”, Alleanza Contro il Cancro (ACC)*. Dal 01/01/**2021** sono incaricato di dirigere le attività di sequenziamento di RNA e le relative analisi bioinformatiche all’interno della una rete dei laboratori degli IRCCS afferenti a ACC per circa 4,500 pazienti con tumore della mammella, dell’ovaio e del colon.

• **Partecipazione e collaborazione nei progetti di ricerca:**

14. *AIRC Investigator Grant*, progetto: *“Epigenetic modifications implicated in cell transformation”*, Investigatore principale: Prof Salvatore Oliviero. Come collaboratore, dal 01/01/**2018** il mio gruppo di ricerca partecipa alle analisi bioinformatiche del progetto.
15. *AIRC Investigator Grant*, progetto: *“Fecal non-coding RNA markers for a precision medicine approach: how they reflect colorectal cancer onset and progression”*, Investigatore principale: Dr Alessio Gordon Naccarati. Come collaboratore, dal 01/01/**2021** il mio gruppo di ricerca partecipa alle analisi bioinformatiche del progetto.
16. *AIRC Investigator Grant*, progetto: *“Exploiting karyotypic aberrations and chromosomal instability in cancer stem cells for precision immunotherapy”*, Investigatore principale: Dr Ilio Vitale. Come collaboratore, dal 01/01/**2020** supervisiono le analisi bioinformatiche e i piani sperimentali di sequenziamento del progetto.
17. *AIRC 5x1000 Grant, Estensione programma di oncologia clinica molecolare*. Responsabile: Prof Ruggero De Maria. Come collaboratore, dal 01/06/**2020** dirigo le analisi bioinformatiche e i piani sperimentali di sequenziamento del progetto.

La maggior parte dei progetti che ho condotto ha comportato una stretta collaborazione tra diversi gruppi di ricerca interdisciplinari, nazionali e internazionali, tra cui biologi, ingegneri, fisici, matematici e medici. Oltre ai responsabili di progetti di ricerca, ho interagito con ricercatori senior, dottorandi e studenti universitari per eseguire studi relativi al mio progetto. Le *collaborazioni attualmente in corso*, oltre a quelle citate precedentemente, riguardano i gruppi di ricerca di:

- Prof Francesca Ciccarelli (Francis Crick Institute, Londra)
- Prof Francesco Dazzi (King’s College London, Londra)
- Prof Michele Caselle (Università degli Studi di Torino)
- Dr Chiara Ambrogio (Università degli Studi di Torino)
- Prof Davide Cacchiarelli (Università degli studi di Napoli)
- Dr Claudia Ghigna (Istituto di Genetica Molecolare, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Pavia, IT)
- Ing Uberto Pozzoli (IRCCS Eugenio Medea, Bosisio Parini, IT)

Attività di direzione o partecipazione a comitati editoriali di riviste scientifiche

- Peer reviewer per:
 - *Nucleic Acid Research (NAR)*, Impact Factor (IF): 16.971;
 - *Bioinformatics* (Oxford University Press), IF: 6.937;

- BMC genomics, IF: 3.969;
- MDPI Journals (i.e. *Genes* (IF:4.096), *International Journal of Molecular Sciences* (IF:5.923), *Biomolecules* (IF:4.879), *Cancers* (IF:6.639), *Journal of Clinical Medicine*(IF:4.241));
- Frontiers in Oncology Gastrointestinal Cancers, IF: 6.244;
- Wellcome Open Research (Wellcome Trust e F1000 research)

(dettagli disponibili in <https://publons.com/researcher/307040/matteo-cereda/>)

- Review Editor per:
 - Frontiers in Oncology, IF: 6.244, Sezione: Gastrointestinal Cancers: Colorectal Cancer
 - Frontiers in Genetics, IF: 4.599, Sezione: Cancer Genetics and Oncogenomics

Finanziamenti, premi e riconoscimenti per attività di ricerca scientifica

• Finanziamenti ottenuti:

1. **Fondazione per il Piemonte Orientale (FPO), Candiolo Cancer Center**, Progetto: “*Centro di bioinformatica avanzata a sostegno della ricerca oncologica*”. Principal Investigator. 2021-2023 (€450.000).
2. **Ricerca Finalizzata Giovani Ricercatori - Theory-Enhancing, Ministero della Salute**, Progetto: “*Targeting alternative splicing neo-junctions as a novel source of neo-antigens in pediatric and adult tumors*”. GR-2019-12368827. Principal Investigator. 2021-2023 (€450.000).
3. **Ricerca pediatrica Fondazione Cariparo**, Progetto: “*Deconvolution of medulloblastoma resistome through high-resolution tracking of drug-tolerant subclones*”. Co-Principal Investigator. 2021-2023 (€358.000).
4. **My First AIRC Grant, Associazione Italiana Ricerca Cancro (AIRC)**, Progetto: “*Deciphering alternative splicing deregulation in cancer to identify novel therapeutic targets*”. Principal Investigator. MFAG 20566. 2018-2022 (€485.000)
5. **Young Investigator Fellowship, Fondazione Umberto Veronesi** 2013 (€27.000)

• Finanziamenti ottenuti come collaboratore:

6. **AIRC Investigator Grant**, progetto: “*Fecal non-coding RNA markers for a precision medicine approach: how they reflect colorectal cancer onset and progression*”, Investigatore principale: Dr Alessio Gordon Naccarati. 2020-2025
7. **AIRC Investigator Grant**, progetto: “*Epigenetic modifications implicated in cell transformation*”, Investigatore principale: Prof Salvatore Oliviero 2018-2022.

• Richieste di finanziamenti sottomesse nel 2021:

8. **FARE Ricerca in Italia 2020, Ministero nell'Università e della Ricerca**, progetto: “*Understanding early steps of KRas-driven oncogenesis in vivo to identify novel actionable targets for cancer therapy*”, Investigatore principale: Dr Chiara Ambrogio (€399.000). Come co-investigatore principale, dirigerò le analisi bioinformatiche e di sequenziamento di seconda e terza generazione, e di singola cellula per studiare il ruolo delle isoforme di **splicing alternativo** di KRas negli step iniziali della tumorigenesi.
9. **AIRC Start-Up Grant 2021**, Progetto: “*Splicing talks back to transcription: implications for breast cancer therapy*”. Investigatore principale: Dr Livia Caizzi. 2021-2023 (€1.000.000). Supervisore e collaboratore del progetto. L'investigatore principale e' attualmente post-doc nel mio laboratorio. Revisione della Full application con esito positivo, la candidata verra' intervistata il 15/09/2021.
10. **Human Technopole Grant 2021**, Progetto: “*Splicing talks back to transcription: implications for breast cancer therapy*”. Investigatore principale: Dr Livia Caizzi. 2021-2023 (€1.000.000).

Supervisore e collaboratore del progetto, e laboratorio ospitante. L'investigatore principale e' attualmente post-doc nel mio laboratorio. Intervistata.

- **Premi ottenuti:**

1. *King's Health Partners Staff Development*. King's College London. 2015
2. *Network of Excellence Fellowship*. EMBRACE. 2008.

Partecipazione in qualità di relatore a congressi e convegni di interesse internazionale

- **Relatore su invito** per:

1. *Francis Crick Institute Symposium "A Journey Through RNA Space and Time"*, 21/08/**2021**, Lubiana, SL. Titolo Seminario: "*The pioneer transcription factor FOXA1 orchestrates alternative splicing regulation of prostate cancer*";
2. *Intelligent System for Molecular Biology/European conference on Computational Biology ISMB/ECCB*, 25/07/**2019**, Basilea, CH. Titolo presentazione: "*Discretization of transcriptional heterogeneity unravel the altered biological processes in cancer*";
3. *Giornata di Studio "Guido Tarone"*, Università degli Studi di Torino, 16/05/**2019**, Torino, IT. Titolo Seminario: "*Assessing heterogeneity in high-volume RNA-sequencing data reveals the dysregulation of splicing-related proteins in prostate cancer*";
4. *Translational Bioinformatics workshop*, King's College London, 25/02/**2016 e 2015**, Londra, UK. Titolo Seminario: "*Cancer Genomics - hands-on*";
5. *50th International Liver Congress*, 23/04/**2015**, Vienna, AU. Titolo Seminario: "*Inflammation promotes liver cancer through genomic modifications different from those determined by other etiological factors*";
6. *6th Annual Next Generation Sequencing Congress*, 21/11/**2014**, Londra, UK. Titolo Seminario: "*A 'next-generation' approach identifies the association of three rare breast cancer predisposing mutations*";
7. *Complex Data Modelling and Computationally Intensive Statistical Methods for Estimation and Prediction*, Politecnico di Milano, **2013**, Milan, IT. Titolo Seminario: "*Identification of variants associated with risk for familial breast cancer using whole exome sequencing*".

- **Relatore selezionato (selected speaker)** per:

8. *Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting, 2019*, Palermo, IT. Titolo Seminario: "*Integrative analysis of multi-Omics data reveals that the dysregulation of splicing-related proteins in prostate cancer is controlled by FOXA1*".
9. *Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting, 2015*, Milano, IT. Titolo Seminario: "*A high-throughput genomic approach reveals the evolution and development of synchronous colorectal cancers*".
10. *Bioinformatic Italian Society (BITS) Annual Meeting, 2013*, Udine, IT. Titolo Seminario: "*Identification of variants associated with risk for familial breast cancer*".
11. *Bioinformatic Italian Society (BITS) Annual Meeting, 2007*, Napoli, IT. Titolo Seminario: "*Integrating current knowledge to predict mutation effect on splicing*"

Attività gestionali, organizzative e di servizio

- **Membro di commissione giudicatrice per l'esame finale di laurea** per il Corso di Laurea Magistrale in Fisica dei Sistemi Complessi (LM-17), Università degli Studi di Torino.
- **Membro di commissione giudicatrice per l'esame finale di Dottorato** per la scuola di "Complex Systems for Quantitative Biomedicine", Scienze della Vita e della Salute, Università degli Studi di Torino. Dottorandi esaminati:

1. Antonio Francavilla, “*Small non-coding RNAs in Gastrointestinal Diseases: an investigation on Celiac Disease and Colorectal Cancer*”, Ciclo. XXXIII (A.A. 2018-2020). Relatori: Dr Alessio Naccarati, Prof Francesca Cordero.

Informazioni aggiuntive

Esperienze lavorative

2019 – Present :

- **Group Leader**, Cancer Genomics and Bioinformatics lab
- **Head**, High Performance Computing facility
- **Supervisor**, Long-read Oxford Nanopore sequencing platform

Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), FPO - IRCCS, Candiolo (TO), IT

2018 – 2018 : **Principal Investigator**, *Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), Turin, IT*

2014 – 2017 : **Senior Research Associate**, *Cancer Studies, King's College London, London, UK*

2013 – 2014 : **Research Associate**, *Bioinformatics Laboratory, IEO, Milan, IT*

2010 – 2011 : **Visiting Scientist**, *Laboratory of Molecular Biology MRC, Cambridge, UK*

2006 – 2008 : **Research Fellow**, *Bioinformatics Laboratory, IRCCS E.Medea, Bosisio Parini, IT*

Organizzazione e coordinamento di conferenze

- Organizzatore del workshop “*Single Cell Revolution 2.0*”, **2019**, Torino, IT. 200 partecipanti.
- Organizzatore del workshop “*Single Cell Revolution*”, **2018**, Torino, IT. 150 partecipanti. Evento satellite della conferenza “*Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2018*”.
- *Chair della sezione “Multiomics” per “Decipher Stem Cell Fate by single-cell and multiomics”*, 01/06/**2022**, Torino, IT. Speakers:
 - Prof Wolf Reik (Babraham Institute, Cambridge, UK)
 - Prof Oliver Stegle (Deutsches Krebsforschungszentrum, Heidelberg, DE)
 - Dr Tania Simoncelli (Chan Zuckerberg Initiative, Redwood City, US).

Partecipazione a società scientifiche

- Membro ordinario della Bioinformatics Italian Society (BITS). Dal **2015** ad oggi.

Partecipazione a congressi e convegni di interesse internazionale

- **Poster presentation** per:
 1. *Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting, 2019*, Palermo, IT. “*Identification of altered biological processes in heterogeneous cohorts by discretization of RNA-sequencing expression profiles*”.
 2. *European conference on Computational Biology (ECCB), 2009*, Stoccolma, SW. “*EMLIB: a C++ library to manage transcripts and genomic variations*”.
 3. *European conference on Computational Biology (ECCB), 2008*, Cagliari, IT. “*Extensive analysis of human blood group antigen genes suggest non neutral evolution at multiple loci*”.
 4. *European conference on Computational Biology (ECCB), 2008*, Cagliari, IT. “*Wavelet based sequence alignment*”.
 5. *European conference on Computational Biology (ECCB), 2008*, Cagliari, IT. “*Splice site position specific conservation between human and chimpanzee*”.

6. *Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) IX Annual Meeting, 2006, Venezia, IT. "Gene function, expression level and sequence conservation influence the insert/fixation dynamics of distinct transposon families in mammalian introns".*

Data: 07/08/2021

Luogo: Candiolo, TO