



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 4485

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 _____
Oncologia ed Emato - Oncologia_____

Responsabile scientifico: _____Professore Antonino Neri_____

Elisa Taiana

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	TAIANA
Nome	ELISA
Data Di Nascita	20/06/1987

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Assegnista di ricerca	Laboratorio di Oncoematologia (Dipartimento di Oncologia ed Emato - Oncologia)

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biologia Applicata alla Ricerca Biomedica (BARB)	Università degli Studi dell'Insubria	2011
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca	Farmacologia Clinica e Sperimentale	Università degli Studi dell'Insubria	2014
Master			
Diploma Di Specializzazione Medica			
Diploma Di Specializzazione Europea			
Altro			

ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

Data iscrizione	Ordine	Città



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	Buono

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2016	Assegnazione della borsa di studio FIRC con durata triennale (riferimento 19370). Progetto di ricerca dal titolo "Functional analysis of deregulated long non-coding RNAs in multiple myeloma"
2018	Travel Grant for XIV National Congress of the Italian Society of Experimental Hematology (SIES), Rimini 18-20 October 2018.

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Studio funzionale in sistemi "in vitro" rappresentativi di linee cellulari tumorali di differente origine (tumori ematologici, principalmente mieloma multiplo, e tumori solidi tra cui mammella e colon).

Gli studi funzionali in linee tumorali derivate da colon e mammella sono stati mirati alla caratterizzazione delle implicazioni farmacologiche e della possibile insorgenza di resistenza al trattamento chemioterapico in condizioni di scarsa ossigenazione, caratteristica del microambiente tumorale ipossico. In tali condizioni è stato inoltre caratterizzato il coinvolgimento del processo autofagico come risposta adattativa al trattamento farmacologico, anche in condizioni ipossiche. A tale scopo sono state messe a punto e utilizzate differenti metodiche per la caratterizzazione biologica e molecolare dei processi biologici interessati, tra cui tecniche di trasfezione plasmidica, estrazione proteica, analisi western blot e RT-PCR, analisi di immunofluorescenza e tecniche di citofluorimetria.

Per quanto concerne gli studi funzionali svolti sulle linee di derivazione ematologica, la ricerca è stata focalizzata alla caratterizzazione del ruolo biologico di alcuni, selezionati, trascritti lunghi non codificanti (lncRNA) per i quali è stato ipotizzato un putativo interesse terapeutico per la patologia in esame. A tale fine sono stati condotti esperimenti di caratterizzazione molecolare dei livelli di espressione, della localizzazione sub cellulare, dell'emivita e della struttura (esonica/intronica) di una lista di trascritti non codificanti (lncRNA). Tale lista è stata stilata utilizzando tecniche di biologia molecolare (Gene Expression Profiling Array), volte all'analisi dei livelli di espressione, condotte su campioni provenienti da pazienti affetti da mieloma multiplo e comparate con i livelli di espressione in analoghi campioni derivati da donatori sani.

Relativamente alla caratterizzazione funzionale dei lncRNA, il mio lavoro di ricerca si è infine focalizzato, nel corso dell'ultimo periodo, sull'approfondito studio funzionale e molecolare di NEAT1, lncRNA di cui abbiamo evidenziato la significativa rilevanza, di espressione e funzionale, nella patologia del mieloma multiplo. Queste ricerche sono oggetto di due recenti pubblicazioni (Taiana E. et al., Leukemia 2019, Taiana E. et al., Hematologica 2018). A tale scopo, approfondite analisi funzionali e molecolari hanno permesso di evidenziare e riportare il coinvolgimento di questo trascritto nella regolazione dei meccanismi di riparo del DNA, specificamente nel meccanismo di Homologous Recombination. Questo fatto, unitamente alla sua significativa espressione nei pazienti affetti da mieloma multiplo lo rende un target sensibile e studiabile per lo sviluppo di potenziali nuovi approcci terapeutici per questa patologia.

Infine, in questo ultimo periodo, sono state eseguite metodiche di biologia cellulare e biologia molecolare volte alla stabilizzazione di una linea cellulare di mieloma multiplo, ingegnerizzata geneticamente, in grado di mantenere una espressione forzata del trascritto NEAT1. La stabilizzazione di questa linea cellulare permetterebbe una più fine e dettagliata caratterizzazione del ruolo molecolare svolto da NEAT1 nella patologia del mieloma multiplo.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
------	----------



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

2017	Caratterizzazione molecolare dei livelli di espressione, della localizzazione sub cellulare, dell'emivita e della struttura (esonica/intronica) di una lista di trascritti non codificanti (lncRNA).
2018	Studio funzionale in sistemi "in vitro" costituiti da linee cellulari di mieloma multiplo di alcuni trascritti lunghi non codificanti (lncRNA) allo scopo di delucidarne il ruolo biologico e il loro putativo interesse terapeutico.
2018/2019	Approfondito studio funzionale e molecolare di NEAT1, lncRNA di cui abbiamo evidenziato la significativa rilevanza, di espressione e funzionale, nella patologia del mieloma multiplo. Approccio all'utilizzo di metodiche di ingegnerizzazione di linee cellulari di mieloma multiplo volte alla overespressione stabile del trascritto NEAT1 al fine di permettere una fine caratterizzazione del ruolo molecolare svolto dallo stesso nella patologia del mieloma multiplo.

TITOLARITÀ DI BREVETTI

Brevetto

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
13-16 giugno 2019	24th Congress of the European Hematology Association (EHA24)	Amsterdam
8-10 novembre 2018	Multiple Myeloma and Related Malignancies - Fourth Edition	Bari
18-20 ottobre 2018	XV Congress of the Italian Society of Experimental Hematology (SIES)	Rimini

PUBBLICAZIONI

Libri
[titolo, città, editore, anno...]
[titolo, città, editore, anno...]

Articoli su riviste

1. Colombo M, Garavelli S, Mazzola M, Platonova N, Giannandrea D, Colella R, Apicella L, Lancellotti M, Lesma E, Ancona S, Palano MT, Barbieri M, **Taiana E**, Lazzari E, Basile A, Turrini M, Pistocchi A, Neri A, Chiaramonte R. Multiple myeloma exploits Jagged1 and Jagged2 to promote intrinsic and bone marrow-dependent drug resistance. Haematologica. 2019 Oct 3;haematol.2019.221077. doi: 10.3324/haematol.2019.221077. [Epub ahead of print]. PMID: 31582544.
2. **Taiana E**, Favasuli V, Ronchetti D, Todoerti K, Pelizzoni F, Manzoni M, Barbieri M, Fabris S, Silvestris I, Gallo Cantafio ME, Platonova N, Zuccalà V, Maltese L, Soncini D, Ruberti S, Cea M, Chiaramonte R, Amodio N, Tassone P, Agnelli L, Neri A. Long non-coding RNA NEAT1 targeting impairs the DNA repair machinery and triggers anti-tumor activity in multiple myeloma. Leukemia. 2020 Jan;34(1):234-244. doi: 10.1038/s41375-019-0542-5. Epub 2019 Aug 19. PMID: 31427718.



3. Agnelli L, Bisognin A, Todoerti K, Manzoni M, **Taiana E**, Galletti S, Cutrona G, Gaffo E, Bortoluzzi S, Neri A. Expanding the repertoire of miRNAs and miRNA-offset RNAs expressed in multiple myeloma by small RNA deep sequencing. *Blood Cancer J*. 2019 Feb 19;9(3):21. doi: 10.1038/s41408-019-0184-x. PMID: 30783080; PMCID: PMC6381125.
4. **Taiana E***, Ronchetti D*, Favasuli V, Todoerti K, Manzoni M, Amodio N, Tassone P, Agnelli L, Neri A. Long non-coding RNA NEAT1 shows high expression unrelated to molecular features and clinical outcome in multiple myeloma. *Haematologica*. 2019 Feb;104(2):e72-e76. doi: 10.3324/haematol.2018.201301. Epub 2018 Sep 13. PMID: 30213829; PMCID: PMC6355474.
5. Ronchetti D, Agnelli L, Pietrelli A, Todoerti K, Manzoni M, **Taiana E**, Neri A. A compendium of long non-coding RNAs transcriptional fingerprint in multiple myeloma. *Sci Rep*. 2018 Apr 26;8(1):6557. doi: 10.1038/s41598-018-24701-8. PMID: 29700321; PMCID: PMC5920050.
6. Amodio N, Stamato MA, Juli G, Morelli E, Fulciniti M, Manzoni M, **Taiana E**, Agnelli L, Cantafio MEG, Romeo E, Raimondi L, Caracciolo D, Zuccalà V, Rossi M, Neri A, Munshi NC, Tagliaferri P, Tassone P. Drugging the lncRNA MALAT1 via LNA gapmer ASO inhibits gene expression of proteasome subunits and triggers anti-multiple myeloma activity. *Leukemia*. 2018 Sep;32(9):1948-1957. doi: 10.1038/s41375-018-0067-3. Epub 2018 Feb 22. PMID: 29487387; PMCID: PMC6127082.
7. Nobili L, Ronchetti D, Agnelli L, **Taiana E**, Vinci C, Neri A. Long Non-Coding RNAs in Multiple Myeloma. *Genes (Basel)*. 2018 Feb 1;9(2):69. doi: 10.3390/genes9020069. PMID: 29389884; PMCID: PMC5852565.
8. Nobili L, Ronchetti D, **Taiana E**, Neri A. Long non-coding RNAs in B-cell malignancies: a comprehensive overview. *Oncotarget*. 2017 Apr 20;8(36):60605-60623. doi: 10.18632/oncotarget.17303. PMID: 28947998; PMCID: PMC5601166.
9. Manni S, Carrino M, Manzoni M, Ganesin K, Nunes SC, Costacurta M, Tubi LQ, Macaccaro P, **Taiana E**, Cabrelle A, Barilà G, Martines A, Zambello R, Bonaldi L, Trentin L, Neri A, Semenzato G, Piazza F. Inactivation of CK1 α in multiple myeloma empowers drug cytotoxicity by affecting AKT and β -catenin survival signaling pathways. *Oncotarget*. 2017 Feb 28;8(9):14604-14619. doi: 10.18632/oncotarget.14654. PMID: 28099937; PMCID: PMC5362429.
10. Ronchetti D, Manzoni M, Agnelli L, Vinci C, Fabris S, Cutrona G, Matis S, Colombo M, Galletti S, **Taiana E**, Recchia AG, Bossio S, Gentile M, Musolino C, Di Raimondo F, Grilli A, Bicciato S, Cortelezzi A, Tassone P, Morabito F, Ferrarini M, Neri A. lncRNA profiling in early-stage chronic lymphocytic leukemia identifies transcriptional fingerprints with relevance in clinical outcome. *Blood Cancer J*. 2016 Sep 9;6(9):e468. doi: 10.1038/bcj.2016.77. PMID: 27611921; PMCID: PMC5056969.
11. Ronchetti D, Agnelli L, **Taiana E**, Galletti S, Manzoni M, Todoerti K, Musto P, Strozzi F, Neri A. Distinct lncRNA transcriptional fingerprints characterize progressive stages of multiple myeloma. *Oncotarget*. 2016 Mar 22;7(12):14814-30. doi: 10.18632/oncotarget.7442. PMID: 26895470; PMCID: PMC4924754.
12. Calura E, Bisognin A, Manzoni M, Todoerti K, **Taiana E**, Sales G, Morgan GJ, Tonon G, Amodio N, Tassone P, Neri A, Agnelli L, Romualdi C, Bortoluzzi S. Disentangling the microRNA regulatory milieu in multiple myeloma: integrative genomics analysis outlines mixed miRNA-TF circuits and pathway-derived networks modulated in t(4;14) patients. *Oncotarget*. 2016 Jan 19;7(3):2367-78. doi: 10.18632/oncotarget.6151. PMID: 26496024; PMCID: PMC4823041.
13. Colombo M, Galletti S, Garavelli S, Platonova N, Paoli A, Basile A, **Taiana E**, Neri A, Chiaramonte R. Notch signaling deregulation in multiple myeloma: A rational molecular target. *Oncotarget*. 2015 Sep 29;6(29):26826-40. doi: 10.18632/oncotarget.5025. PMID: 26308486; PMCID: PMC4694956.
14. Gariboldi MB*, **Taiana E***, Bonzi MC, Craparotta I, Giovannardi S, Mancini M, Monti E. The BH3-mimetic obatoclax reduces HIF-1 α levels and HIF-1 transcriptional activity and sensitizes hypoxic colon adenocarcinoma cells to 5-fluorouracil. *Cancer Lett*. 2015 Aug 10;364(2):156-64. doi: 10.1016/j.canlet.2015.05.008. Epub 2015 May 12. PMID: 25979228.
15. Mancini M, Gariboldi MB, **Taiana E**, Bonzi MC, Craparotta I, Pagin M, Monti E. Co-targeting the IGF system and HIF-1 inhibits migration and invasion by (triple-negative) breast cancer cells. *Br J Cancer*. 2014 Jun 10;110(12):2865-73. doi: 10.1038/bjc.2014.269. Epub 2014 May 22. PMID: 24853185; PMCID: PMC4056066.



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Atti di convegni

[titolo, struttura, città, anno]

[titolo, struttura, città, anno]

[titolo, struttura, città, anno]

ALTRE INFORMAZIONI

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.

Luogo e data: Milano, 8/01/2020

FIRMA Elise Tavano