



**AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO
COD. ID: 4853**

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: Dr.ssa Claudia Alteri e Dr.ssa Valeria Cento

Valentino Costabile

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Costabile
Nome	Valentino
Data Di Nascita	08 Giugno 1989

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Assegnista di ricerca dal 01/03/2019 al 28/02/2021	Università degli studi di Milano : Dipartimento di Fisiopatologia medico-chirurgica e dei trapianti

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Triennale	Biotechnologie	Università degli studi di Siena	2014
Laurea Magistrale	Bioinformatica	Università degli studi di Bologna	2018

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2



ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Oct 2013 – Apr 2014 Thesis Internship, topic: in-silico Molecular Docking , title: 'Hotspot distribution mapping on bovine RNase A protein Surface ', Department of Biotechnologies, Chemistry and Pharmacy, Siena (SI) , Italy .

Tirocinio di tesi volto a determinare ,tramite molecular docking , i siti di legame di una sonda paramagnetica sulla superficie dell'RNase A Bovina nel contesto dello sviluppo di una tecnica NMR volta a individuare i siti di legame su strutture proteiche con importanti applicazioni farmacologiche .

Apr 2014 – Sep 2014 Internship : biological sample processing for NGS analysis, Laboratory of Genomic and Molecular Medicine, Fisciano (SA), Italy

Tirocinio di approfondimento delle tecniche di laboratorio quali tecniche di estrazione di DNA/RNA da campioni biologici umani e batterici, protocolli di preparazione di librerie NGS e le tecniche computazionali per il pre-processamento dei dati NGS.

Sep 2017 – Mar 2018: Thesis Internship in Reverse Vaccinology : 'Nerve2 : New Enhanced Reverse Vaccinology Environment' , University of Padova , Department of Molecular Biology, Padova (PD),Italy.

Tirocinio di tesi volto a implementare le conoscenze apprese durante il biennio magistrale in bioinformatica in una pipeline finalizzata all'identificazione di candidati vaccini estrapolati direttamente dall'informazione genomica di un patogeno.

Dec 2018 – Feb 2019: Tirocinio post-lauream (responsabile scientifico: Prof. C.F. Perno) presso il Dipartimento di Oncologia ed Emato-Oncologia

Al fine di migliorare conoscenze teoriche e pratiche circa la caratterizzazione di genomi batterici e virali ottenuti tramite tecnologie di sequenziamento Sanger e NGS , costruzione di saggi di quantificazione virale e batterica tramite metodiche di real-time PCR, avvicinamento teorico alla droplet digital PCR.

Mar 2019 – up to date: Assegno di ricerca presso il Dipartimento di Fisiopatologia medico-chirurgica e dei trapianti nel contesto del progetto IFALT ("Insufficienza respiratoria in riceventi trapianto di polmone-ifalt").

Il mio contributo si è concentrato sulla costruzione di pipeline volte ad identificare alterazioni significative del microbiota che possano fungere da variabili predittive per il decorso clinico di un paziente sottoposto a trapianto. Questi fattori predittivi, una volta misurati all'accesso del paziente all'iter clinico e integrati nei modelli di predizione costruiti, possono in definitiva supportare e migliorare le strategie di assistenza clinica.



ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2019	<p>Caratterizzazione della diversificazione nelle sottopopolazioni virali in pazienti HIV+ in seguito ad interruzione della terapia antiretrovirale (ICAR :Italian Conference on AIDS and Antiviral Research)</p> <p>Questo progetto di ricerca si è focalizzato sulla valutazione della risposta virale di HIV in seguito ad interruzione della terapia antivirale in termini quantitativi e qualitativi prendendo come riferimento geni marker quali POL e V3. Il profilo quantitativo è stato ottenuto quantificando il cDNA virale estratto mentre quello qualitativo si è ottenuto tramite un'analisi filogenetica volta a quantificare il grado di divergenza genetica tra diverse sottopopolazioni virali. La loro comparazione ha permesso di caratterizzare uno shift geneticamente qualitativo piuttosto che quantitativo nelle sottopopolazioni virali aiutando a comprendere meglio il comportamento in-vivo di questa specie virale.</p>
Mar2020- Sep 2020	<p>Caratterizzazione delle strain virali di SARScoV2 in Lombardia tramite tecnologia NGS ed analisi di filogenesi inferenziale</p> <p>Durante la pandemia data da SARScoV2 il gruppo di ricerca di cui faccio parte si è impegnato a collezionare campioni biologici e annotare specifiche cliniche di un ampio numero di campioni sars-cov2 (365) che sono stati sottoposti a sequenziamento NGS. L'integrazione dei dati clinici con le informazioni genomiche ottenute dal sequenziamento ha permesso di ricostruire la diffusione filogenetica di diverse strain virali sul territorio Lombardo come anche di definire gli antenatori internazionali più probabili. Le analisi filogenetiche eseguite hanno quindi permesso di caratterizzare il quadro epidemiologico Lombardo e supportare la ricerca internazionale nella caratterizzazione di questo agente virale.</p>
Mar2019- Mar2021	<p>“Insufficienza respiratoria in riceventi trapianto di polmone-ifalt”</p> <p>Questo progetto di ricerca analizza vari fattori associati ad aggravamenti inattesi del quadro clinico in pazienti riceventi trapianto polmonare. Tra i vari aspetti (fisiologico, immunologico) viene preso in considerazione lo stato fisiologico del microbiota (inteso come l'insieme di popolazioni microbiche colonizzanti i tessuti di un essere vivente) le cui variazioni disfunzionali possono essere direttamente correlate all'insorgere di colonizzazioni da parte di patogeni opportunisti associabili quindi ad aggravamento clinico. Durante questo assegni di ricerca ho assistito i gruppi di lavoro dal punto di vista bioinformatico prendendo parte al design di pipeline bioinformatiche per la profilazione della componente microbica e la conseguente comparazione tra gruppi discriminati da quadri clinici divergenti in modo da estrapolare eventuali fattori predittivi.</p>



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo :	Sede
Nov-2015 <i>Partecipante:</i>	Bologna Winter school, ,University of Bologna, Bologna, BO, Italy Seminario Internazionale finalizzato all'incontro tra docenti universitari (specializzati in Bioinformatica) e studenti, volto a discutere costruttivamente i punti di forza e limiti dei software popolarmente impiegati in Bioinformatica in modo da stimolare l'analisi critica degli studenti e indirizzare i punti di sviluppo per i docenti .	Università di Bologna
Dec-2017 <i>Partecipante:</i>	International Conference on Bioinformatics and Computational Biology, National Research Council, Naples Seminario nazionale finalizzato all'incontro tra figure professionali specializzate in Bioinformatica per la presentazione e la discussione di software innovativi disegnati per il supporto della ricerca biologica .	CNR in Naples
Giu 2019 <i>Partecipante e coautore:</i>	ICAR 2019 – Italian Conference on AIDS and Antiviral Research Congresso abstract-driven che riunisce ricercatori a livello nazionale per trattare il tema di HIV e presentare le evidenze scientifiche raccolte da vari laboratori su questo tema.	Milano
Sep 2019 <i>Partecipante e coautore:</i>	ARCA menthor school / 2020: ARCA factory <i>Seminario finalizzato all'incontro di figure professionali multidisciplinari volte a caratterizzare epidemiologicamente l'incidenza di mutazioni nel genoma di HIV, che sono associate a resistenze verso antiretrovirali, sfruttando il database ARCA che raccoglie varie specifiche cliniche di una larga coorte di pazienti HIV+ su un lasso temporale decennale.</i>	Siena
Feb 2020 <i>Partecipante:</i>	Multidisciplinary Kp-KPC Network <i>Congresso di aggiornamento e pianificazione dei nuovi progetti per la caratterizzazione e gestione della diffusione di ceppi batterici multiresistenti in ambiente clinico .</i>	Regione Lombardia- Direzione generale welfare



<p>Sep- 2020 Partecipante e coautore:</p>	<p>ARCA factory: <i>Questo seminario ricalca le linee di ricerca classiche di ARCA includendo in questa edizione l'impiego dei gruppi di lavoro nella progettazione di metodiche di laboratorio (come la rtPCR) volte a migliorare le tecniche diagnostiche correnti.</i></p>	<p>Siena</p>
---	--	--------------

PUBBLICAZIONI

<p>Articoli su riviste</p>
<p>Hot spot mapping of protein surfaces with TEMPOL: Bovine pancreatic RNase A as a model system. Niccolai N., Morandi A., Gardini S., Costabile V., Spadaccini R., Crescenzi O., Picone D., Spiga O., Bernini A. <i>Biochim Biophys Acta Proteins Proteom.</i> 2017 Feb;1865(2):201-207. doi:10.1016/j.bbapap.2016.11.014. Epub 2016 Nov 24. IF:2.371; Citations: 4</p>
<p>Persistent positivity and fluctuations of SARS-CoV-2 RNA in clinically-recovered COVID-19 patients Cento V., Colagrossi L., Nava A., Lamberti A., Senatore S., Travi G., Rossotti R., Vecchi M., Casati O., Matarazzo E., Bielli A., Casalicchio G., Antonello M., Renica S., Costabile V., Scaglione F., Fumagalli R., Ughi N., Epis O.M., Puoti M., Vismara C., Faccini M., Fanti D., Alteri C., Perno C.F. <i>J Infect.</i> 2020 Sep;81(3):e90-e92. doi: 10.1016/j.jinf.2020.06.024. Epub 2020 Jun 20. IF:4.603 Citations :15</p>
<p>Nasopharyngeal SARS-CoV-2 Load at Hospital Admission as a Predictor of Mortality Alteri, C., Cento, V., Vecchi, M., Colagrossi, L., Fanti, D., Vismara, C., Puoti, M., Perno, C. F., & SCOVA Study Group (2020) <i>Clin Infect Dis.</i> 2020;ciaa956. doi:10.1093/cid/ciaa956 IF: 9.117 Citations :4</p>
<p>Detection and quantification of SARS-CoV-2 by droplet digital PCR in real-time PCR negative nasopharyngeal swabs from suspected COVID-19 patients. Alteri C., Cento V., Antonello M., Colagrossi L., Merli M., Ughi N., Renica S., Matarazzo E., Di Ruscio F., Tartaglione L., Colombo J., Grimaldi C., Carta S., Nava A., Costabile V., Baiguera C., Campisi D., Fanti D., Vismara C., Fumagalli R., Scaglione F., Epis O.M., Puoti M., Perno C.F. <i>PLOS ONE</i> 15(9): e0236311. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236311 IF: 2.740 Citations :9</p>



Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 reveals multiple lineages and early spread of SARS-CoV-2 infections in Lombardy, Italy

C. Alteri, V.Cento, A.Piralla, V.Costabile, M.Tallarita, L.Colagrossi, S.Renica, F.Giardina, F.Novazzi, S.Gaiarsa, E.Matarazzo, M.Antonello, C.Vismara, R.Fumagalli, O.M.Epis, M.Puoti, C.F.Perno & F.Baldanti; Nat Commun 12, 434 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-20688-x>

Abstract di lavori scientifici

Analitical treatment interruption does not alter size but might cause genetic diversification of the HIV-1 peripheral reservoir

C. Alteri, R. Scutari, L. Galli, M.C. Bellocchi, L. Carioti, V. Costabile, A. Poli, A. Galli, F. Ceccherini Silberstein, C.F. Perno, M.M. Santoro, A. Castagna, V. Spagnuolo. ICAR 2019 congress – Best oral presentation award

Non B subtypes are a major driver of clustered HIV-1 transmission in North Italy in recent years

Colagrossi L. ; Moioli M.C.; Nava A. ; Carta S. ; Chiappetta S. ; Costabile V. ; Motta D. ; Chianura L.G. ; Rossotti R. ; Fanti D. ; Perno C.F ; Puoti M. ; Alteri C. European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID)

Prevalence of transmitted resistance mutations to rilpivirine and doravirine in treatment-naive patients in a large clinical and resistance database

Lombardi F., Costabile V., Lai A. , Taramasso L. , Siano M. , Bruzzone B. , Micheli V., Callegaro A., Paolini E. , Maggiolo F., Colao G. , Meraviglia P. , Bagnarelli P. , Shallvari A. , Rusconi S. ICAR 2020

Characterization of HIV-1 transmission dynamics in North and Central Italy over the years 2012-2019

Alteri C. , Scutari R. , Costabile V. , Carta S. , Colagrossi L. , Gori C. , Bertoli A. , Orchi N. , De Carli G., Pittalis S. , Malagnino V. , Cicalini S. , Gagliardini R. , Latini A., Nava A., Fanti D., Lichtner M., Moioli M.C., Ceccherini-Silberstein F. , Girardi E. , Santoro M.M. , Andreoni M. , Puoti M. , Antinori A. , Perno C.F. European Meeting on HIV & Hepatitis 2020

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 27/01/2021

FIRMA