

ALLEGATO A

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__

Mattia Pelizzola **CURRICULUM VITAE**

(N.B. IL CURRICULUM NON DEVE ECCEDERE LE 30 PAGINE E DEVE CONTENERE GLI ELEMENTI CHE IL CANDIDATO RITIENE UTILI AI FINI DELLA VALUTAZIONE.

LE VOCI INSERITE NEL FACSIMILE SONO A TITOLO PURAMENTE ESEMPLIFICATIVO E POSSONO ESSERE SOSTITUITE, MODIFICATE O INTEGRATE

INFORMAZIONI PERSONALI (NON INSERIRE INDIRIZZO PRIVATO E TELEFONO FISSO O CELLULARE)

| | |
|-----------------|------------------|
| COGNOME | PELIZZOLA |
| NOME | MATTIA |
| DATA DI NASCITA | [28, 09, 1975] |

TITOLI

TITOLO DI STUDIO

(indicare la Laurea conseguita inserendo titolo, Ateneo, data di conseguimento, ecc.)

Laurea in Biotecnologie, indirizzo Biotecnologie Industriali, 5 aprile 2001, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Dip. di Biotecnologie e Bioscienze. Titolo della tesi: "Characterization of piruvate metabolism in yeast and an example of biotechnological application", relatore Prof. Danilo Porro.

TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA O EQUIVALENTI, OVVERO, PER I SETTORI INTERESSATI, DEL DIPLOMA DI SPECIALIZZAZIONE MEDICA O EQUIVALENTE, CONSEGUITO IN ITALIA O ALL'ESTERO

(inserire titolo, ente, data di conseguimento, ecc.)

Dottore di ricerca in "Sistemi complessi applicati alla biologia post - genomica", 16 dicembre 2006, XIX ciclo, Università degli Studi di Torino, Dip. di Fisica. Titolo della tesi: "A pipeline for the automatic analysis of microarray data and integrative genomics for the detection of functional modules", relatore Prof. Michele Caselle.

ALTRI TITOLI CONSEGUITI

(inserire titolo, ente, data di conseguimento, ecc.)

Master Universitario di I livello in Bioinformatica, 27 settembre 2002, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Dip. di Biotecnologie e Bioscienze. Titolo della tesi: "Analysis of global gene-transcription profile in dendritic cells stimulated with three different forms of Leishmania parasite", relatore Prof. Paola Ricciardi-Castagnoli.

ATTIVITÀ DIDATTICA

INSEGNAMENTI E MODULI

(inserire anno accademico, corso laurea, numero di ore frontali, eventuale CFU)

Organizzazione di corsi:

- Organizzatore scientifico e docente della “Training school on computational methods in epitranscriptomics”, nel contesto della COST Action EPITRAN (CA16120), 22-24 giugno 2021
- Organizzatore del 1st EPITRAN Bioinformatic workshop, Università degli Studi di Firenze, marzo 2019.

Organizzazione di esercitazioni:

- Corso pratico sull’analisi di dati di sequenziamento high-throughput (4h, 10 studenti), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2019
- Corso pratico sull’analisi di dati di sequenziamento high-throughput (6h, 10 studenti), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2017
- Corso pratico sull’analisi di dati di sequenziamento high-throughput (6h, 10 studenti), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2015
- Corso pratico sull’analisi di dati di sequenziamento high-throughput (4h, 35 studenti), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2013.

Lezioni in ambito accademico:

- “Dynamics of transcriptional regulation”, Università degli Studi di Milano, 27 maggio 2021
- “Dynamics of transcriptional regulation”, Systems Medicine SEMM PhD program, Milano, 5 ottobre 2020
- “Dynamics of transcriptional regulation”, Università degli Studi di Milano, 11 giugno 2020
- “MYC-dependent dynamics of transcriptional regulation”, Istituto per lo studio, la prevenzione e la rete oncologica (ISPRO), Università di Firenze, 25 giugno 2019
- “Dinamiche di regolazione (epi)trascrizionale nel tumore del fegato”, Accademia Medica di Roma, 23 maggio 2019
- “NGS, ChIP- and RNA-seq data analysis” (8h), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2019
- “Dynamics of transcriptional regulation” Master Program in Bioinformatics and Functional Genomics, Istituto Nazionale di Genetica Molecolare (INGM), Milano, 27 giugno 2018
- “(epi)transcriptional dynamics”, Systems Medicine SEMM PhD program, Milano, 23 novembre 2017
- “NGS, ChIP- and RNA-seq data analysis” (3h), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2017
- “NGS, ChIP- and RNA-seq data analysis” (3h), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2015
- “NGS, ChIP- and RNA-seq data analysis” (2h), corso di Genomic Computing, Dip. di Elettronica, Informazione e Bioingegneria, Politecnico di Milano, Marzo 2013
- “Measuring and understanding the methylation of genomic DNA”, Complex systems in life science PhD program, Università degli Studi di Torino, 5 marzo 2012
- “Pitfalls and opportunities in the analysis of epigenomics data”, Complex systems in life science PhD program, Università degli Studi di Torino, 5 marzo 2012

ATTIVITÀ DI DIDATTICA INTEGRATIVA E DI SERVIZIO AGLI STUDENTI

ATTIVITÀ DI RELATORE DI ELABORATI DI LAUREA, DI TESI DI LAUREA MAGISTRALE, DI TESI DI DOTTORATO

E DI TESI DI SPECIALIZZAZIONE

(inserire anno accademico, ateneo, corso laurea, ecc.)

- Relatore per la tesi di dottorato di Mattia Furlan, PhD in *Complex systems for Life Sciences*, XXXII ciclo, Università degli Studi di Torino. Titolo della tesi: "Modelling the dynamics of transcriptional and post-transcriptional regulation from RNA-seq data"
- Co-relatore per la tesi di di Mattia Furlan, Laurea Magistrale in *Fisica dei Sistemi Complessi*, a.a. 2015-2016, Dip. di Fisica, Università degli Studi di Torino. Titolo della tesi: "Inference of kinetic rates from time-course RNA-Seq experiments".

ATTIVITÀ DI TUTORATO DEGLI STUDENTI DI CORSI DI LAUREA E DI LAUREA MAGISTRALE E DI TUTORATO DI DOTTORANDI DI RICERCA

(inserire anno accademico, corso laurea, ecc.)

- Internal advisor per Jammula Sriganesh, Systems Medicine SEMM PhD program, curriculum in Computational Biology, 2012-2016
- Internal advisor per Ottavio Croci, Systems Medicine SEMM PhD program, curriculum in Computational Biology, 2014-2018
- Internal advisor per Alessandro Vitriolo, Systems Medicine SEMM PhD program, curriculum in Computational Biology, 2015-2019
- Internal advisor per Enrico Massignani, Systems Medicine SEMM PhD program, curriculum in Computational Biology, 2018-
- Internal advisor per Adria Mitjavila Ventura, Systems Medicine SEMM PhD program, curriculum in Computational Biology, 2020-

SEMINARI

(inserire titolo del seminario, luogo, data, ecc.)

"Dynamics of transcriptional regulation", Università degli Studi di Torino, 21 giugno 2021
"Dynamics of transcriptional regulation", Nice University, 11 giugno 2021
"Dynamics of transcriptional regulation", Università degli Studi di Milano, 4 maggio 2021
"Dynamics of Transcriptional and Post-transcriptional Regulation", Università degli Studi di Milano-Bicocca, 15 aprile 2019
"An overview on how the analysis of m6A data is handled in published studies", 1st EPITRAN Bioinformatic workshop, Università di Firenze, 30 marzo 2019
"The HTS-flow workflow management system, and how it could be extended to support epitranscriptional data types", 1st EPITRAN Bioinformatic workshop, Università degli Studi di Firenze, 30 marzo 2019
"From transcriptome to epigenome, and back?", PhD Alumni Day, Università degli Studi di Torino, 8 marzo 2019
"MYC-dependent dynamics of transcriptional regulation", Università degli Studi di Pavia, 26 novembre 2018
"Dynamics of transcriptional regulation", Università degli Studi di Padova, 8 maggio 2018
"Dynamics of transcriptional regulation following Myc activation", University of Lausanne, 2 febbraio 2018
"Dynamics of transcriptional regulation following Myc activation", CIBIO, Università degli Studi di Trento, 12 maggio 2017
"RNAPII dynamics and the regulation of pre-mRNA synthesis and processing upon Myc activation", Centre de Biologie Integrative (CBI), University of Toulouse, 26 gennaio 2017
"The epigenome - a new code superimposed on the DNA", Colloquia al Dip. di Fisica, Università degli Studi di Torino, 2 dicembre 2016
"Epitranscriptomic and regulatory determinants of transcriptional dynamics", Spanish National Cancer Research Center (CNIO), Madrid, 26 aprile 2016
"Dynamics of transcriptional regulation: the contribution of epigenetic and regulatory factors", workshop in Transcriptional Regulation, Università degli Studi di Torino, 10 marzo 2016

“RNA methylation and the dynamics of transcriptional regulation”, Institute of Oncology Research (IOR), Bellinzona, 8 settembre 2015
 “Charting and deciphering epigenomic landscapes”, Molecular Biotechnology Center (MBC), Università degli Studi di Torino, 5 febbraio 2015
 “Computational challenges in the analysis of high-throughput (epi)genomics sequencing data”, Dip. di Informatica, Sistemistica e Comunicazione (DISCO), Università degli Studi di Milano-Bicocca, 29 maggio 2013
 “Measuring and understanding the methylation of genomic DNA”, Applied Genomics Institute (IGA), Università degli Studi di Udine, 24 maggio 2013
 “methylPipe: a library for the analysis of base-resolution DNA methylation data”, 2013 meeting of the Italian Bioinformatics Society (BITS), Udine, 21 maggio 2013

ATTIVITÀ DI RICERCA SCIENTIFICA

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

(per ciascuna pubblicazione indicare: nomi degli autori, titolo completo, casa editrice, data e luogo di pubblicazione, codice ISBN, ISSN, DOI o altro equivalente)

57 pubblicazioni indicizzate in Pubmed (dal 2004), di cui 14 a ultimo nome e 11 a primo nome. In base a Scopus il numero di citazioni è 8419, l'h-index 28.

Pubblicazioni a ultimo nome:

1. Bianchi, V., Céol, A., Ogier, A. G. E., Pretis, S. de, Galeota, E., Kishore, K., Bora, P., Croci, O., Campaner, S., Amati, B., Morelli, M. J., & Pelizzola, M. (2016). Integrated Systems for NGS Data Management and Analysis: Open Issues and Available Solutions. **Frontiers in Genetics**, 7(S4), 960-968. <https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00075>
2. Dassi, E., Baranov, P. V., & Pelizzola, M. (2020). Editorial: Computational Epitranscriptomics: Bioinformatic Approaches for the Analysis of RNA Modifications. **Frontiers in Genetics**, 11, 630360. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.630360>
3. Furlan, M., Galeota, E., Gaudio, N. D., Dassi, E., Caselle, M., Pretis, S. de, & Pelizzola, M. (2020). Genome-wide dynamics of RNA synthesis, processing, and degradation without RNA metabolic labeling. **Genome Research**, 30(10), 1492-1507. <https://doi.org/10.1101/gr.260984.120>
4. Furlan, M., Galeota, E., Pretis, S. de, Caselle, M., & Pelizzola, M. (2019). m6A-Dependent RNA Dynamics in T Cell Differentiation. **Genes**, 10(1). <https://doi.org/10.3390/genes10010028>
5. Furlan, M., Pretis, S. de, & Pelizzola, M. (2020). Dynamics of transcriptional and post-transcriptional regulation. **Briefings in Bioinformatics**, 22(4), bbaa389-. <https://doi.org/10.1093/bib/bbaa389>
6. Furlan, M., Tanaka, I., Leonardi, T., Pretis, S. de, & Pelizzola, M. (2020). Direct RNA Sequencing for the Study of Synthesis, Processing, and Degradation of Modified Transcripts. **Frontiers in Genetics**, 11, 394. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00394>
7. Galeota, E., Kishore, K., & Pelizzola, M. (2020). Ontology-driven integrative analysis of omics data through Onassis. **Scientific Reports**, 10(1), 703. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-57716-1>
8. Galeota, E., & Pelizzola, M. (2017). Ontology-based annotations and semantic relations in large-scale (epi)genomics data. **Briefings in Bioinformatics**, 18(3), 403-412. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw036>
9. Kishore, K., Pretis, S. de, Lister, R., Morelli, M. J., Bianchi, V., Amati, B., Ecker, J. R., & Pelizzola, M. (2015). methylPipe and compEpiTools: a suite of R packages for the integrative analysis of epigenomics data. **BMC Bioinformatics**, 1-11. <https://doi.org/10.1186/s12859-015-0742-6>
10. Pretis, S. de, Furlan, M., & Pelizzola, M. (2020). INSPECT-GUI Reveals the Impact of the Kinetic Rates of RNA Synthesis, Processing, and Degradation, on Premature and Mature RNA Species. **Frontiers in Genetics**, 11, 230. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00759>
11. Pretis, S. de, Kress, T., Morelli, M. J., Melloni, G. E. M., Riva, L., Amati, B., & Pelizzola, M. (2015). INSPECT: a computational tool to infer mRNA synthesis, processing and degradation dynamics from RNA- and 4sU-seq time course experiments. **Bioinformatics (Oxford, England)**, 31(17), 2829-2835. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv288>
12. Pretis, S. de, Kress, T. R., Morelli, M. J., Sabò, A., Locarno, C., Verrecchia, A., Doni, M., Campaner, S., Amati, B., & Pelizzola, M. (2017). Integrative analysis of RNA polymerase II and

transcriptional dynamics upon MYC activation. **Genome Research**, 27(10), 1658-1664.
<https://doi.org/10.1101/gr.226035.117>

13. Pretis, S. de, & Pelizzola, M. (2014). Computational and experimental methods to decipher the epigenetic code. **Frontiers in Genetics**, 5, 335. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00335>
14. Robinson, M. D., & Pelizzola, M. (2015). Computational epigenomics: challenges and opportunities. **Frontiers in Genetics**, 6, 88. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00088>

Pubblicazioni a primo nome:

1. Aebischer, T. *, Bennett, C. L. *, Pelizzola, M. *, Vizzardelli, C., Pavelka, N., Urbano, M., Capozzoli, M., Luchini, A., Ilg, T., Granucci, F., Blackburn, C. C., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2005). A critical role for lipophosphoglycan in proinflammatory responses of dendritic cells to *Leishmania mexicana*. **European Journal of Immunology**, 35(2), 476-486.
<https://doi.org/10.1002/eji.200425674>
2. Koga, Y. *, Pelizzola, M. *, Cheng, E., Krauthammer, M., Sznol, M., Ariyan, S., Narayan, D., Molinaro, A. M., Halaban, R., & Weissman, S. M. (2009). Genome-wide screen of promoter methylation identifies novel markers in melanoma. **Genome Research**, 19(8), 1462-1470.
<https://doi.org/10.1101/gr.091447.109>
3. Lister, R. *, Pelizzola, M. *, Dowen, R. H., Hawkins, R. D., Hon, G., Tonti-Filippini, J., Nery, J. R., Lee, L., Ye, Z., Ngo, Q.-M., Edsall, L., Antosiewicz-Bourget, J., Stewart, R., Ruotti, V., Millar, A. H., Thomson, J. A., Ren, B., & Ecker, J. R. (2009). Human DNA methylomes at base resolution show widespread epigenomic differences. **Nature**, 462(7271), 315-322.
<https://doi.org/10.1038/nature08514>
4. Lister, R. *, Pelizzola, M. *, Kida, Y. S., Hawkins, R. D., Nery, J. R., Hon, G., Antosiewicz-Bourget, J., O'malley, R., Castanon, R., Klugman, S., Downes, M., Yu, R., Stewart, R., Ren, B., Thomson, J. A., Evans, R. M., & Ecker, J. R. (2011). Hotspots of aberrant epigenomic reprogramming in human induced pluripotent stem cells. **Nature**, 471(7336), 68-73.
<https://doi.org/10.1038/nature09798>
5. Pavelka, N. *, Pelizzola, M. *, Vizzardelli, C., Capozzoli, M., Splendiani, A., Granucci, F., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2004). A power law global error model for the identification of differentially expressed genes in microarray data. **BMC Bioinformatics**, 5, 203.
<https://doi.org/10.1186/1471-2105-5-203>
6. Pelizzola, Mattia, & Ecker, J. R. (2011). The DNA methylome. **FEBS Letters**, 585(13), 1994-2000.
<https://doi.org/10.1016/j.febslet.2010.10.061>
7. Pelizzola, Mattia *, Koga, Y. *, Urban, A. E., Krauthammer, M., Weissman, S., Halaban, R., & Molinaro, A. M. (2008). MEDME: an experimental and analytical methodology for the estimation of DNA methylation levels based on microarray derived MeDIP-enrichment. **Genome Research**, 18(10), 1652-1659. <https://doi.org/10.1101/gr.080721.108>
8. Pelizzola, Mattia, Morelli, M. J., Sabò, A., Kress, T. R., Pretis, S. de, & Amati, B. (2015). Selective transcriptional regulation by Myc: Experimental design and computational analysis of high-throughput sequencing data. **Data in Brief**, 3, 40-46. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2015.02.003>
9. Pelizzola, Mattia, Pavelka, N., Foti, M., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2006). AMDA: an R package for the automated microarray data analysis. **BMC Bioinformatics**, 7(1), 335.
<https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-335>
10. Sabò, A. *, Kress, T. R. *, Pelizzola, M. *, Pretis, S. de, Gorski, M. M., Tesi, A., Morelli, M. J., Bora, P., Doni, M., Verrecchia, A., Tonelli, C., Fagà, G., Bianchi, V., Ronchi, A., Low, D., Muller, H., Guccione, E., Campaner, S., & Amati, B. (2014). Selective transcriptional regulation by Myc in cellular growth control and lymphomagenesis. **Nature**, 511(7510), 488-492.
<https://doi.org/10.1038/nature13537>
11. Tailleux, L. *, Waddell, S. J. *, Pelizzola, M. *, Mortellaro, A. *, Withers, M., Tanne, A., Castagnoli, P. R., Gicquel, B., Stoker, N. G., Butcher, P. D., Foti, M., & Neyrolles, O. (2008). Probing host pathogen cross-talk by transcriptional profiling of both *Mycobacterium tuberculosis* and infected human dendritic cells and macrophages. **PLoS ONE**, 3(1), e1403.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001403>

* *Questi autori hanno contribuito ugualmente*

Altre pubblicazioni:

1. Almouzni, G., Altucci, L., Amati, B., Ashley, N., Baulcombe, D., Beaujean, N., Bock, C., Bongcam-Rudloff, E., Bousquet, J., Braun, S., Paillerets, B. B., Bussemakers, M., Clarke, L., Conesa, A., Estivill, X., Fazeli, A., Grgurević, N., Gut, I., Heijmans, B. T., ... Widschwendter, M. (2014). Relationship between genome and epigenome - challenges and requirements for future research. *BMC Genomics*, 15(1), 487. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-487>
2. Austenaa, L. M. I., Barozzi, I., Simonatto, M., Masella, S., Chiara, G. D., Ghisletti, S., Curina, A., Wit, E. de, Bouwman, B. A. M., Pretis, S. de, Piccolo, V., Termanini, A., Prosperini, E., Pelizzola, M., Laat, W. D., & Natoli, G. (2015). Transcription of Mammalian cis-Regulatory Elements Is Restrained by Actively Enforced Early Termination. *Molecular Cell*, 60(3), 460-474. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2015.09.018>
3. Biasini, A., Abdulkarim, B., Pretis, S., Tan, J. Y., Arora, R., Wischnewski, H., Dreos, R., Pelizzola, M., Ciaudo, C., & Marques, A. C. (2020). Translation is required for miRNA-dependent decay of endogenous transcripts. *The EMBO Journal*. <https://doi.org/10.15252/embj.2020104569>
4. Chang, K. N., Zhong, S., Weirauch, M. T., Hon, G., Pelizzola, M., Li, H., Huang, S. S. C., Schmitz, R. J., Urich, M. A., Kuo, D., Nery, J. R., Qiao, H., Yang, A., Jamali, A., Chen, H., Ideker, T., Ren, B., Bar-Joseph, Z., Hughes, T. R., & Ecker, J. R. (2013). Temporal transcriptional response to ethylene gas drives growth hormone cross-regulation in Arabidopsis. *ELife*, 2(0), e00675-e00675. <https://doi.org/10.7554/elife.00675.022>
5. Donato, E., Croci, O., Sabò, A., Müller, H., Morelli, M. J., Pelizzola, M., & Campaner, S. (2017). Compensatory RNA polymerase 2 loading determines the efficacy and transcriptional selectivity of JQ1 in Myc-driven tumors. *Leukemia*, 31(2), 479-490. <https://doi.org/10.1038/leu.2016.182>
6. Downen, R. H., Pelizzola, M., Schmitz, R. J., Lister, R., Downen, J. M., Nery, J. R., Dixon, J. E., & Ecker, J. R. (2012). Widespread dynamic DNA methylation in response to biotic stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(32), E2183-91. <https://doi.org/10.1073/pnas.1209329109>
7. Foti, M., Granucci, F., Pelizzola, M., Beretta, O., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2006). Dendritic cells in pathogen recognition and induction of immune responses: a functional genomics approach. *Journal of Leukocyte Biology*, 79(5), 913-916. <https://doi.org/10.1189/jlb.1005547>
8. Halaban, R., Krauthammer, M., Pelizzola, M., Cheng, E., Kovacs, D., Sznol, M., Ariyan, S., Narayan, D., Bacchiocchi, A., Molinaro, A., Kluger, Y., Deng, M., Tran, N., Zhang, W., Picardo, M., & Enghild, J. J. (2009). Integrative analysis of epigenetic modulation in melanoma cell response to decitabine: clinical implications. *PLoS ONE*, 4(2), e4563. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004563>
9. Harris, R. A., Wang, T., Coarfa, C., Nagarajan, R. P., Hong, C., Downey, S. L., Johnson, B. E., Fouse, S. D., Delaney, A., Zhao, Y., Olshen, A., Ballinger, T., Zhou, X., Forsberg, K. J., Gu, J., Echipare, L., OGeen, H., Lister, R., Pelizzola, M., ... Costello, J. F. (2010). Comparison of sequencing-based methods to profile DNA methylation and identification of monoallelic epigenetic modifications. *Nature Biotechnology*, 28(10), 1097-1105. <https://doi.org/10.1038/nbt.1682>
10. Hawkins, R. D., Hon, G. C., Lee, L. K., Ngo, Q., Lister, R., Pelizzola, M., Edsall, L. E., Kuan, S., Luu, Y., Klugman, S., Antosiewicz-Bourget, J., Ye, Z., Espinoza, C., Agarwahl, S., Shen, L., Ruotti, V., Wang, W., Stewart, R., Thomson, J. A., ... Ren, B. (2010). Distinct epigenomic landscapes of pluripotent and lineage-committed human cells. *Cell Stem Cell*, 6(5), 479-491. <https://doi.org/10.1016/j.stem.2010.03.018>
11. Hon, G. C., Hawkins, R. D., Caballero, O. L., Lo, C., Lister, R., Pelizzola, M., Valsesia, A., Ye, Z., Kuan, S., Edsall, L. E., Camargo, A. A., Stevenson, B. J., Ecker, J. R., Bafna, V., Strausberg, R. L., Simpson, A. J., & Ren, B. (2012). Global DNA hypomethylation coupled to repressing chromatin domain formation and gene silencing in breast cancer. *Genome Research*, 22(2), 246-258. <https://doi.org/10.1101/gr.125872.111>
12. Jantsch, M. F., Quattrone, A., O'Connell, M., Helm, M., Frye, M., Macias-Gonzales, M., Ohman, M., Ameres, S., Willems, L., Fuks, F., Oulas, A., Vanacova, S., Nielsen, H., Bousquet-Antonelli, C., Motorin, Y., Roignant, J.-Y., Balatsos, N., Dinnyes, A., Baranov, P., ... Fray, R. (2018). Positioning Europe for the EPITRANSCRIPTOMICS challenge. *RNA Biology*, 15(6), 829-831. <https://doi.org/10.1080/15476286.2018.1460996>
13. Lepesant, J. M. J., Iampietro, C., Galeota, E., Augé, B., Aguirrenbengoa, M., Mercé, C., Chaubet, C., Rocher, V., Haenlin, M., Waltzer, L., Pelizzola, M., & Stefano, L. D. (2020). A dual role of dLsd1 in oogenesis: regulating developmental genes and repressing transposons. *Nucleic Acids Research*, 48(3), 1206-1224. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz1142>
14. Liu, Z., Hu, Z., Pan, X., Li, M., Togun, T. A., Tuck, D., Pelizzola, M., Huang, J., Ye, X., Yin, Y., Liu, M., Li, C., Chen, Z., Wang, F., Zhou, L., Chen, L., Keefe, D. L., & Liu, L. (2011). Germline competency of parthenogenetic embryonic stem cells from immature oocytes of adult mouse ovary. *Human Molecular Genetics*, 20(7), 1339-1352. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddr016>

15. Lobo, J., Costa, A. L., Cantante, M., Guimarães, R., Lopes, P., Antunes, L., Braga, I., Oliveira, J., Pelizzola, M., Henrique, R., & Jeronimo, C. (2019). m6A RNA modification and its writer/reader VIRMA/YTHDF3 in testicular germ cell tumors: a role in seminoma phenotype maintenance. *Journal of Translational Medicine*, 17(1), 79-13. <https://doi.org/10.1186/s12967-019-1837-z>
16. Looney, T. J., Zhang, L., Chen, C.-H., Lee, J. H., Chari, S., Mao, F. F., Pelizzola, M., Zhang, L., Lister, R., Baker, S. W., Fernandes, C. J., Gaetz, J., Foshay, K. M., Clift, K. L., Zhang, Z., Li, W.-Q., Vallender, E. J., Wagner, U., Qin, J. Y., ... Lahn, B. T. (2014). Systematic mapping of occluded genes by cell fusion reveals prevalence and stability of cis-mediated silencing in somatic cells. *Genome Research*, 24(2), 267-280. <https://doi.org/10.1101/gr.143891.112>
17. Madaro, L., Torcinaro, A., Bardi, M. D., Contino, F. F., Pelizzola, M., Diaferia, G. R., Imeneo, G., Bouchè, M., Puri, P. L., & Santa, F. D. (2019). Macrophages fine tune satellite cell fate in dystrophic skeletal muscle of mdx mice. *PLoS Genetics*, 15(10), e1008408. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008408>
18. Marzi, M. J., Ghini, F., Cerruti, B., Pretis, S. de, Bonetti, P., Giacomelli, C., Gorski, M. M., Kress, T., Pelizzola, M., Muller, H., Amati, B., & Nicassio, F. (2016). Degradation dynamics of microRNAs revealed by a novel pulse-chase approach. *Genome Research*, 26(4), 554-565. <https://doi.org/10.1101/gr.198788.115>
19. Melloni, G. E. M., Pretis, S. de, Riva, L., Pelizzola, M., Céol, A., Costanza, J., Muller, H., & Zammataro, L. (2016). LowMACA: exploiting protein family analysis for the identification of rare driver mutations in cancer. *BMC Bioinformatics*, 17(1), 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12859-016-0935-7>
20. Melloni, G. E., Ogier, A. G., Pretis, S. de, Mazzarella, L., Pelizzola, M., Pelicci, P. G., & Riva, L. (2014). DOTS-Finder: a comprehensive tool for assessing driver genes in cancer genomes. *Genome Medicine*, 6(6), 44. <https://doi.org/10.1186/gm563>
21. Mukherjee, N., Calviello, L., Hirsekorn, A., Pretis, S. de, Pelizzola, M., & Ohler, U. (2017). Integrative classification of human coding and noncoding genes through RNA metabolism profiles. *Nature Structural & Molecular Biology*, 24(1), 86-96. <https://doi.org/10.1038/nsmb.3325>
22. Pavelka, N., Fournier, M. L., Swanson, S. K., Pelizzola, M., Ricciardi-Castagnoli, P., Florens, L., & Washburn, M. P. (2008). Statistical similarities between transcriptomics and quantitative shotgun proteomics data. *Molecular & Cellular Proteomics: MCP*, 7(4), 631-644. <https://doi.org/10.1074/mcp.m700240-mcp200>
23. Pistore, C., Giannoni, E., Colangelo, T., Rizzo, F., Magnani, E., Muccillo, L., Giurato, G., Mancini, M., Rizzo, S., Riccardi, M., Sahnane, N., Vescovo, V. D., Kishore, K., Mandruzzato, M., Macchi, F., Pelizzola, M., Denti, M. A., Furlan, D., Weisz, A., ... Bonapace, I. M. (2017). DNA methylation variations are required for epithelial-to-mesenchymal transition induced by cancer-associated fibroblasts in prostate cancer cells. *Oncogene*, 36(40), 5551-5566. <https://doi.org/10.1038/onc.2017.159>
24. Polena, H., Boudou, F., Tilleul, S., Dubois-Colas, N., Lecointe, C., Rakotosamimanana, N., Pelizzola, M., Andriamandimby, S. F., Raharimanga, V., Charles, P., Herrmann, J.-L., Ricciardi-Castagnoli, P., Rasolofo, V., Gicquel, B., & Tailleux, L. (2016). Mycobacterium tuberculosis exploits the formation of new blood vessels for its dissemination. *Scientific Reports*, 6, 1-11. <https://doi.org/10.1038/srep33162>
25. Schmitz, R. J., Schultz, M. D., Urich, M. A., Nery, J. R., Pelizzola, M., Libiger, O., Alix, A., McCosh, R. B., Chen, H., Schork, N. J., & Ecker, J. R. (2013). Patterns of population epigenomic diversity. *Nature*, 495(7440), 193-198. <https://doi.org/10.1038/nature11968>
26. Sirri, A., Bianchi, V., Pelizzola, M., Mayhaus, M., Ricciardi-Castagnoli, P., Toniolo, D., & D'adamo, P. (2010). Temporal gene expression profile of the hippocampus following trace fear conditioning. *Brain Research*, 1308, 14-23. <https://doi.org/10.1016/j.brainres.2009.10.049>
27. Splendiani, A., Brandizi, M., Even, G., Beretta, O., Pavelka, N., Pelizzola, M., Mayhaus, M., Foti, M., Mauri, G., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2007). The genopolis microarray database. *BMC Bioinformatics*, 8 Suppl 1(Suppl 1), S21. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-8-s1-s21>
28. Tesi, A., Pretis, S. de, Furlan, M., Filipuzzi, M., Morelli, M. J., Andronache, A., Doni, M., Verrecchia, A., Pelizzola, M., Amati, B., & Sabò, A. (2019). An early Myc-dependent transcriptional program orchestrates cell growth during B-cell activation. *EMBO Reports*, 20(9), e47987. <https://doi.org/10.15252/embr.201947987>
29. Trottein, F., Pavelka, N., Vizzardelli, C., Angeli, V., Zouain, C. S., Pelizzola, M., Capozzoli, M., Urbano, M., Capron, M., Belardelli, F., Granucci, F., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2004). A type I IFN-dependent pathway induced by *Schistosoma mansoni* eggs in mouse myeloid dendritic cells generates an inflammatory signature. *Journal of Immunology (Baltimore, Md : 1950)*, 172(5), 3011-3017.

30. Vizzardelli, C., Pavelka, N., Luchini, A., Zanoni, I., Bendickson, L., Pelizzola, M., Beretta, O., Foti, M., Granucci, F., Nilsen-Hamilton, M., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2006). Effects of dexamethazone on LPS-induced activation and migration of mouse dendritic cells revealed by a genome-wide transcriptional analysis. *European Journal of Immunology*, 36(6), 1504-1515. <https://doi.org/10.1002/eji.200535488>
31. Yizhar-Barnea, O., Valensisi, C., Jayavelu, N. D., Kishore, K., Andrus, C., Koffler-Brill, T., Ushakov, K., Perl, K., Noy, Y., Bhonker, Y., Pelizzola, M., Hawkins, R. D., & Avraham, K. B. (2018). DNA methylation dynamics during embryonic development and postnatal maturation of the mouse auditory sensory epithelium. *Scientific Reports*, 8(1), 17348. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-35587-x>

Capitoli di libro:

1. Foti, M., Beretta, O., Pelizzola, M., & Ricciardi-Castagnoli, P. (2008). Dendritic Cells Inflammatory Signature Induced by Microbial Pathogens (S. H. Kaufmann & W. J. Britton, Eds.). <http://www.worldcat.org/title/handbook-of-tuberculosis-2-immunology-and-cell-biology/oclc/315634787>
2. Kishore, K., & Pelizzola, M. (2018). Identification of Differentially Methylated Regions in the Genome of *Arabidopsis thaliana*. *Methods in Molecular Biology* (Clifton, N.J.), 1675(Chapter 4), 61-69. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7318-7_4
3. Pelizzola, M. (2016). Computational Epigenomics. *Handbook of Neurobehavioral Genetics and Phenotyping*. Wiley-Blackwell; 2017. ISBN: 978-1-118-54071-8
4. Pelizzola, Mattia, & Molinaro, A. (2011). Methylated DNA immunoprecipitation genome-wide analysis. *Methods in Molecular Biology* (Clifton, N.J.), 791(Chapter 9), 113-123. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-316-5_9
5. Pretis, S. de, Furlan, M., & Pelizzola, M. (2021). Identification of Genes Post-Transcriptionally Regulated from RNA-seq: The Case Study of Liver Hepatocellular Carcinoma. In: Picardi E. (eds) *RNA Bioinformatics. Methods in Molecular Biology*, vol 2284. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1307-8_15

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E COORDINAMENTO DI CENTRI O GRUPPI DI RICERCA NAZIONALI E INTERNAZIONALI O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

(per ciascuna voce inserire anno, ruolo, gruppo di ricerca, ecc.)

Sono attualmente ricercatore presso il *Center for Genomic Sciences*, centro di ricerca della Fondazione Istituto Italiano di Tecnologia (IIT) situato a Milano presso il campus IFOM-IEO.

Prima di questo incarico ho trascorso 4 anni negli Stati Uniti, espandendo l'interesse per la regolazione della trascrizione, maturato durante il dottorato, in direzione dei meccanismi di regolazione epigenetici. In particolare, nel 2007-2009 sono stato postdoc presso il dipartimento di Biostatistica dell'Università di Yale (New Haven, CT), dove ho partecipato allo studio delle alterazioni trascrizionali e di metilazione del DNA nel melanoma, nel contesto di un consorzio di ricerca finanziato dall'NIH (Spore program on skin cancer). In seguito, mi sono spostato al Salk Institute (La Jolla, CA), dove, nel contesto dell'Epigenome Roadmap project, sono stato il biologo computazionale di riferimento per lo studio dei primi metilomi completi alla risoluzione della singola base in uomo. Ne abbiamo caratterizzato il cambiamento nel processo di differenziamento cellulare e identificato difetti di riprogrammazione nei processi di induzione della pluripotenza (2009-2011). Questi risultati sono stati pubblicati in due studi su *Nature*, dove ho partecipato come primo co-autore.

Sono quindi tornato in Italia, dove dal maggio 2011 dirigo il gruppo di ricerca *Epigenomics and transcriptional regulation* presso la Fondazione IIT. Nel mio gruppo di ricerca ho cercato di coniugare i miei principali interessi, il controllo della regolazione trascrizionale e i suoi determinanti epigenetici, mediante un approccio che combinasse metodi computazionali e sperimentali.

Attualmente il gruppo studia come i meccanismi di regolazione co- e post-trascrizionale, incluse le modificazioni dell'RNA, influenzano i programmi di espressione genica e portano alla loro deregolazione nei tumori. Questi studi sono basati su un approccio interdisciplinare che combina una parte computazionale, basata su metodi di modellazione matematica e di analisi integrativa di dati di

sequenziamento massivo, e una parte sperimentale basata su approcci di genomica e trascrittomica per la caratterizzazione dei programmi trascrizionali in sistemi cellulari *in vitro*.

Il gruppo è attualmente costituito per la parte sperimentale da 2 postdoc e 1 visiting postdoc e, per la parte computazionale, da 1 postdoc, 1 master student e 1 visiting PhD student. L'attività scientifica è attualmente focalizzata su 3 progetti principali:

- i. lo sviluppo di una metodologia innovativa per lo studio dei meccanismi di regolazione co- e post-trascrizionale da dati di sequenziamento di RNA nativo tramite tecnologia Nanopore
- ii. la caratterizzazione del ruolo della metilazione dell'RNA nel contesto della farmaco-resistenza nel trattamento del tumore al fegato
- iii. lo studio del ruolo delle modificazioni dell'RNA nell'insorgenza di programmi di regolazione genica aberranti controllati dall'oncogene MYC nel tumore al seno.

Finanziamenti:

- AIRC Investigator grant (PI), 499,000 euro, 2021-2025
- Bioinformatics consultant within a Cariplo grant assigned to Prof. N. Mitro (Università degli Studi di Milano), 35,000 euro, 2016
- European FP7 collaborative grant (co-PI) RADIANT (Rapid development and distribution of statistical tools for high-throughput sequencing data), 256,862 euro, 2013-2015
- Catharina Foundation Postdoctoral Fellowship Award, \$34,300, 2010

ATTIVITÀ QUALI LA DIREZIONE O LA PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE SCIENTIFICHE
(per ciascuna voce inserire anno, ruolo, rivista scientifica, ecc.)

- Epigenomes (MDPI, ISSN: 2075-4655), Editorial Board (1 manuscript edited), 2018-
- Frontiers in Genetics (sezione Bioinformatics and Computational Biology, ISSN: 1664-8021), Editore Associato (13 manuscripts edited), 2015-

TITOLARITÀ DI BREVETTI

(per ciascun brevetto, inserire autori, titolo, tipologia, numero brevetto, ecc.)

| |
|--|
| |
|--|

PREMI E RICONOSCIMENTI NAZIONALI E INTERNAZIONALI PER ATTIVITÀ DI RICERCA

(inserire premio, data, ente organizzatore, ecc.)

- ERC Consolidator finalist (PI), 2018
- 2018 Best Paper Selection by the International Medical Informatics Association (Galeota, Briefings In Bioinformatics 2016)
- #4 hottest paper of 2011, ScienceWatch (Lister R*, Pelizzola M* et al, Nature 2011)
- Selected in the 2010 Programma Giovani Ricercatori "Rita Levi Montalcini" (declined)
- #2 Scientific Discovery of the Year 2009, TIME Magazine (Lister R*, Pelizzola M* et al, Nature 2009)

PARTECIPAZIONE IN QUALITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI DI INTERESSE INTERNAZIONALE

(inserire titolo congresso/convegno, data, ecc.)

- "Dynamics of transcriptional regulation following Myc activation", conferenza "Gene Regulation by the Numbers: Quantitative Approaches to Study Transcription", Institute of Molecular Biology (IMB), Mainz, 19-21 giugno 2017

- "Interplay of RNAPII dynamics and the regulation of pre-mRNA synthesis and processing upon Myc activation", keynote speaker nel workshop "Systems biology of Transcription Regulation" (ICSB 2016), Barcellona, 15 settembre 2016
- "The dynamics of transcriptional regulation: the contribution of epigenetic and regulatory factors", i-CORE Spring Mini-Symposium on Methylation, University of Tel Aviv, 2 giugno 2016
- "The epigenetic code: experimental and computational approaches to unravel the interplay between multiple epigenetic and regulatory layers", workshop "Statistical Learning of Biological Systems from Perturbations", Ascona, 31 maggio - 5 giugno 2015
- "methylPipe: a library for the analysis of base-resolution DNA methylation data", 2012 Bioconductor Developer Meeting, Zurigo, 13-14 dicembre 2012
- "Human DNA methylomes at base resolution", RECOMB Regulatory Genomics and Systems Biology conference (MIT), Boston, 2-6 dicembre Dec 2009
- Presentazione orale alla conferenza "Interplay among genetics, epigenetics and non-coding RNA's", CNIO, Madrid, maggio 2008

ATTIVITÀ GESTIONALI, ORGANIZZATIVE E DI SERVIZIO

INCARICHI DI GESTIONE E AD IMPEGNI ASSUNTI IN ORGANI COLLEGIALI E COMMISSIONI, PRESSO RILEVANTI ENTI PUBBLICI E PRIVATI E ORGANIZZAZIONI SCIENTIFICHE E CULTURALI, OVVERO PRESSO L'ATENEO O ALTRI ATENEI

(inserire incarico/impegno, ente, data, ecc.)

- Membro del Collegio Docenti, PhD in Complex Systems for Quantitative Biomedicine, Università degli Studi di Torino, 2021-
- Revisore esperto per il programma di borse EU MSCA-EF, 2019-2020
- Membro del Collegio Docenti, European School of Molecular Medicine (SEMM), 2019-
- Revisore esperto per il programma di finanziamenti EU ERC-Synergy program, 2018
- EPITRAN COST Action (European Epitranscriptomics Network), funding member and Management Committee member, 2017-2022
- ISCB (International Society for Computational Biology) membership, 2016
- Epigenesys (European Network of Excellence), Associate membership, 2013-2015
- Invited as Expert in a COST-FP workshop on epigenomics/epigenetics, Directorate for Health; Brussels, 14-15 febbraio 2013
- Program Committee Member per il workshop "Computational Modeling and Bioinformatics in Epigenetics (CMBE2014)" Belfast, 2014
- Bioinformatic Italian Society (BITS) membership, 2012
- Revisore per Ireland Science Foundation, 2015
- Revisore per Estonian Research Council, 2012
- Membro del comitato di tesi di dottorato per: Anna Russo (SEMM, 2016), Francesco Santaniello (SEMM, 2016), Abdulrahman Kaitoua (Polimi, 2017), Pietro Pinoli (Polimi, 2017), Vivek Das (SEMM, 2017), Koustav Pal (SEMM, 2018).
- Revisore per varie riviste scientifiche, incluse: Genome Research (12 articoli), Bioinformatics (8), Nature Communications (5), PLoS One (5), Nucleic Acid Research (4), Scientific Reports (4)

ATTIVITÀ CLINICO ASSISTENZIALI

(indicare, data, durata, ruolo, ente presso il quale si è prestata attività assistenziale, ecc.)

| |
|--|
| |
|--|

Data 10/08/2021

Luogo Milano