



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5260

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di Bioscienze

Responsabile scientifico: Matteo Cereda

[Nome e cognome]

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Peirone
Nome	Serena

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Fellowship in bioinformatica	Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM)

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Fisica dei Sistemi Complessi	Università degli studi di Torino (UniTo)	2017-2018
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca	Sistemi complessi per le Scienze della Vita	Università degli studi di Torino (UniTo)	2020-2021
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	B2

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
/	/

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività

2021-presente: *fellowship* in bioinformatica presso l'Italian Institute for Genomic Medicine (IIGM), durante la quale la sottoscritta si sta occupando dello studio della regolazione trascrizionale delle proteine coinvolte nel processo di *splicing* in contesti cancerosi. La sottoscritta si sta inoltre occupando dell'analisi combinata di dati multiomici: *RNA* e *whole exome sequencing*, con l'obiettivo di descrivere in modo omnicomprensivo il profilo dei sarcomi pediatrici, con un focus particolare sull'identificazione di neoepitopi dovuti al meccanismo di *splicing* alternativo.

2018-2021: Dottorato in Sistemi Complessi per le Scienze della Vita presso l'università di Torino durante il quale la sottoscritta si è occupata dell'analisi e integrazione di dati di *RNA sequencing*, *Chromatin ImmunoPrecipitation sequencing* e *Assay for Transposase-Accessible Chromatin sequencing* per definire il *landscape* della regolazione da parte dei fattori di trascrizione sui geni codificanti le proteine di *splicing* ad un livello *pancancer*. Ulteriore approfondimento è stato rivolto agli elementi di regolazione *cis*, utilizzando dati riassunti la struttura 3D della cromatina (*Chromatin Interaction Analysis by Paired-End Tag Sequencing*) nel contesto del cancro alla prostata. La sottoscritta ha inoltre lavorato nell'ambito del *machine learning* applicato a dati di sequenziamento, contribuendo allo sviluppo di un tutorial per l'identificazione di biomarcatori nel cancro attraverso l'applicazione di tecniche di intelligenza artificiale a dati di *RNA sequencing*.

2016-2018 Laurea magistrale in Fisica dei Sistemi Complessi durante la quale la sottoscritta ha svolto una tesi volta all'analisi dell'alterazione dei *networks* trascrizionali tra fattori di trascrizione e proteine di *splicing*, utilizzando dati provenienti da database pubblici quali The Cancer Genome Atlas, the Genotype-Tissue Expression, the Encyclopedia of DNA Elements, ReMap e ChIP-Atlas. Durante lo svolgimento della stessa la sottoscritta si è avvalsa di strumenti statistici per il trattamento di *Big Data*.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2021-presente	Membro dell'unità di bioinformatica che dirige le analisi di sequenziamento dello studio clinico SAR-GEN_ITA (clinical.gov.com Identifier NCT04621201)

TITOLARITÀ DI BREVETTI

Brevetto
/



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
26-28 giugno 2019	BITS Palermo, 2019 (poster session, Identification of altered biological processes in heterogeneous RNA-sequencing data by discretization of expression profiles)	Palermo, Sala De Seta, Cantieri Culturali della Zisa

PUBBLICAZIONI

Libri
/

Articoli su riviste
Berrino E, Filippi R, Visintin C, Peirone S et al., Collision of germline POLE and PMS2 variants in a young patient treated with immune checkpoint inhibitors, NPJ Precision Oncology, 2022, PMID 35260767, https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35260767/ , DOI 10.1038/s41698-022-00258-8
Del Giudice M*, Peirone S* et al., Artificial Intelligence in Bulk and Single-Cell RNA-Sequencing Data to Foster Precision Oncology, IJMS, 2021, PMID:33925407, https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33925407/ , DOI 10.3390/ijms22094563
Lauria A*, Peirone S* , Del Giudice M* et al., Identification of altered biological processes in heterogeneous RNA-sequencing data by discretization of expression profiles, Nucleic Acids Research, 2019, PMID 31889184, https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31889184/ , DOI 10.1093/nar/gkz1208

*equally contributed

Atti di convegni
/

ALTRE INFORMAZIONI

La sottoscritta è in possesso della certificazione ECDL
La sottoscritta possiede una buona conoscenza delle tecniche di programmazione in R e <i>bash scripting</i> , nonché una conoscenza base di altri linguaggi di programmazione quali Python, C++ e R
La sottoscritta ha partecipato al corso di approfondimento sulle tecniche di analisi di <i>RNA sequencing</i> "RNA-seq & Single-cell-seq workshop", Torino, 2019 e alla <i>winter school</i> incentrata sulle tecniche di <i>machine learning</i> "APPIS 2020 and WISMAL", Las Palmas de Gran Canaria, 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.

RICORDIAMO che i curricula SARANNO RESI PUBBLICI sul sito di Ateneo e pertanto si prega di non inserire



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Torino, 04/04/2022