



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5879

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: Prof.ssa Bodega Beatrice

Benedetto Polimeni

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Polimeni
Nome	Benedetto

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Studente di dottorato	Università di Milano-Bicocca, scuola di dottorato in Translational and Molecular Medicine - DIMET, 2021-2023

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biologia Cellulare e Molecolare	Università degli studi di Torino	2016
Master II livello	Bioinformatics and Functional Genomics	Università degli studi di Milano	2018
Abilitazione all'esercizio della professione di Biologo		Università degli Studi di Catania	2017



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	Avanzato (IELTS Academics 7/CEFR C1)

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2019	Borsa di studio della durata di 12 mesi per progetto “Dissecting the role of DNA repeats in cell identity and differentiation. Development of novel bioinformatics tools to analyse, integrate data and understand the function of the repetitive part of the human genome” presso Fondazione Istituto Nazionale di Genetica Molecolare - INGM
2020	Borsa di studio della durata di 12 mesi per progetto “Dissecting the role of DNA repeats in cell identity and differentiation. Development of novel bioinformatics tools to analyse, integrate data and understand the function of the repetitive part of the human genome” presso Fondazione Istituto Nazionale di Genetica Molecolare - INGM
2021	Bando di concorso per l’ammissione al corso di dottorato di ricerca “Translational and Molecular Medicine - DIMET”, Università di Milano-Bicocca, con assegnazione di borsa a progetto “The role of DNA transposable elements (TEs) in shaping human T lymphocytes identity and plasticity in immunity and cancer”
2022	BITS2022 Travel grant: borsa di rimborso spese per la presentazione di un talk dal titolo “IRescue: single cell uncertainty-aware quantification of transposable elements expression” al congresso annuale della Società Italiana di Bioinformatica (BITS) tenutosi a Verona in data 27-28-29 Giugno 2022

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Dal 2018 lavoro a progetti di ricerca riguardanti l’analisi bioinformatica di dati omici ottenuti da colture primarie di linfociti T umani. I problemi scientifici che ho affrontato hanno riguardato principalmente lo studio dell’impatto di elementi trasponibili nel genoma umano sul differenziamento di cellule T CD4⁺, culminato in una pubblicazione su Nature Genetics, 2022. Le mie responsabilità nell’ambito di questo progetto consistevano in selezionare nuovi RNA contenenti LINE1 nel trascrittoma umano che regolano la quiescenza delle cellule T CD4⁺ naïve e scoprire i siti di legame di RNA-binding protein su LINE1, misurare l’espressione del trascrittoma di cellule T CD4⁺ naïve e attivate, ottenere il profilo epigenetico dei geni da cui tali trascritti vengono espressi e studiare i motivi di legame di fattori di trascrizione di questi geni. Inoltre, ho fornito supporto analitico ai biologi sperimentali coinvolti in questo progetto. I tipi di dati utilizzati per queste analisi includevano RNA-seq, CHIP-seq e Nanopore cDNA. Nel mio progetto di dottorato, mi sono occupato del ruolo di elementi trasponibili nell’attività di cellule T umane all’interno del microambiente tumorale del cancro al polmone e al colon retto. Per studiare i subset di linfociti con una risoluzione elevata, includendo fenotipi rari che emergono all’interno del microambiente tumorale, sono stati utilizzati dati di sequenziamento a singola cellula (scRNA-seq). Per studiare la dinamica trascrizionale degli elementi trasponibili a singola cellula, ho sviluppato IRescue (Interspersed Repeats single cell quantifier), un software che implementa un algoritmo per misurare l’espressione di trasposoni in campioni di scRNA-seq, descritto in un paper attualmente in revisione e disponibile come pre-print in bioRxiv. Inoltre, ho sviluppato una pipeline per il *de novo* assembly del trascrittoma a singola cellula, al fine di identificare il trascrittoma specifico delle singole cellule, ricostruirne la sequenza del TCR in modo da eseguire un’analisi a livello di clonotipo, e descrivere i trascritti che includono elementi trasponibili nelle singole cellule T infiltranti il tumore.



ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2019	“Dissecting the role of DNA repeats in cell identity and differentiation. Development of novel bioinformatics tools to analyse, integrate data and understand the function of the repetitive part of the human genome” nell’ambito del progetto n. 2018-0321 finanziato da Fondazione Cariplo
2020	“Dissecting the role of DNA repeats in cell identity and differentiation. Development of novel bioinformatics tools to analyse, integrate data and understand the function of the repetitive part of the human genome” nell’ambito del progetto n. CP2_12/2018 finanziato da Fondazione Regionale per la Ricerca Biomedica (FRRB)
2021-2023	“Transcriptional and epigenetic regulation of immune cells mediated by transposable elements in human health and cancer”, progetto di dottorato presso PhD Program in Translational and Molecular Medicine - DIMET, Università di Milano-Bicocca, dal 2021 al 2023

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
6-9/06/2020	European Human Genetics Conference (ESHG)	Online
19-20/11/2020	Emerging Technologies in Single Cell Research (VIB & Lifetime)	Online
27-29/06/2022	18 th meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS)	Verona (IT)

PUBBLICAZIONI

Articoli su riviste
The Sophisticated Transcriptional Response Governed by Transposable Elements in Human Health and Disease, International Journal of Molecular Sciences, MDPI, 2020
LINE1 are spliced in non-canonical transcript variants to regulate T cell quiescence and exhaustion, Nature Genetics, Springer Nature, 2022
IRescue: uncertainty-aware quantification of transposable elements expression at single cell level, bioRxiv preprint, 2022

Atti di convegni
Poster: “Deciphering Transposable Elements transcriptional signature in Tumor-Infiltrating T Lymphocytes at single cell resolution” Emerging Technologies in Single Cell Research, Online, 19-20/11/2020
Talk: “IRescue: single cell uncertainty-aware quantification of transposable elements expression” 18 th Meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS), Verona, 27-29/06/2022



ALTRE INFORMAZIONI

Ottima padronanza nell'uso di piattaforme HPC (high performance computing) e conoscenza dei linguaggi di programmazione Bash/GNU, Python, R/Bioconductor, Nextflow.

Esperienza di analisi di dati omici, fra cui RNA-seq, ChIP-seq, scRNA-seq, Nanopore, Pacbio.

Conoscenza dei principali metodi statistici applicati a big data biologici, fra cui test parametrici e non parametrici (t-test, Wilcoxon test, Anova, chi-squared, Kruskal Wallis), metodi di riduzione della dimensionalità dei dati (Principal Component Analysis - PCA, UMAP, t-SNE), metodi di regressione e machine learning (linear e logistic regression, expectation maximization, hidden markov model - HMM).

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

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

Luogo e data: Milano, 04/10/2023