



**AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO**

**COD. ID: 6580**

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 Scienze Farmacologiche e Biomolecolari

Responsabile scientifico: Lara Manganaro

## **CURRICULUM VITAE**

### **INFORMAZIONI PERSONALI**

<b>Cognome</b>	Miuccio
<b>Nome</b>	Carola

### **OCCUPAZIONE ATTUALE**

<b>Incarico</b>	<b>Struttura</b>
Tirocinante	Istituto Nazionale Genetica Molecolare (INGM) - Università degli Studi di Pavia

### **ISTRUZIONE E FORMAZIONE**

<b>Titolo</b>	<b>Corso di studi</b>	<b>Università</b>	<b>anno conseguimento titolo</b>
Master	Genomic Data Science	Università degli Studi di Pavia	In corso
Laurea Magistrale	Biologia	Università degli Studi Milano - Bicocca	14 marzo 2022
Laurea triennale	Scienze dell'ambiente e della natura	Università degli Studi dell'Insubria	11 dicembre 2019

### **ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI**

<b>Data iscrizione</b>	<b>Ordine</b>	<b>Regione</b>
2023	Sezione A - Ordine dei Biologi della Lombardia (n° iscrizione: AA_100073)	Lombardia



## LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2
Spagnolo	B2

## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2020/2021	Borsa di studio bando regionale "diritto allo studio" (DSU)

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

### Master II Livello in Genomic Data Science - Febbraio 2023/in corso

Attualmente sto svolgendo un tirocinio curriculare presso l'Istituto Nazionale Genetica Molecolare (INGM) da agosto 2023, concentrato sull'analisi dei dati di Next Generation Sequencing (NGS) trascrittomici di cellule T staminali di memoria (TSCM), in particolare CD4, infettate con HIV. Utilizzando un approccio basato sul protocollo RNA-seq, ho condotto analisi di espressione genica e di pathway enrichment al fine di identificare specifiche molecole e pathway alterati nelle cellule infettate da HIV.

Durante il tirocinio ho acquisito diverse competenze bioinformatiche e informatiche, quali: **programmazione in R, python e bash**; utilizzo di tools per il controllo qualità delle reads prodotte attraverso metodiche di NGS (software FastQC e MultiQC); utilizzo di tools per l'allineamento e mappaggio delle sequenze (STAR, Salmon); utilizzo di librerie R per l'analisi di espressione differenziale (DESeq2, biomaRt packages); capacità di generare visualizzazioni di dati omici e gene pathways in R (ggplot2, VennDiagram, DOSE packages) e attraverso l'uso di tools specifici (Gene Set Enrichment Analysis (GSEA), EnrichmentMap, Cytoscape).

Nel primo anno di master ho acquisito competenze in ambito **biostatistico** grazie all'analisi di dati di casi studio reali mediante statistica descrittiva ed inferenziale e all'applicazione di modelli di regressione lineare in ambiente R (ggplot2, kinship2, ggrepel, pheatmap packages), analisi di linkage parametrico e non parametrico (software Pelican, Merlin e Pedstats), analisi delle Componenti Principali (PCA) e analisi genome-wide di metilazione ed espressione (software plink e libreria ChAMP).

### Laurea Magistrale in Biologia - Dicembre 2019/Marzo 2022

Titolo tesi: Identificazione di specie del genere *Bombus* dell'Arcipelago Toscano: un approccio molecolare per lo studio e la conservazione

Voto: 103

Relatori: prof. Luciano Bani e dott. Enrico Ruzzier

Durante il percorso di tesi magistrale, svoltosi da ottobre 2020 a febbraio 2022, ho svolto un progetto di tesi focalizzato sull'identificazione tramite metodologie molecolari di specie appartenenti al genere *Bombus*. Obiettivo principale dello studio era quello di identificare eventuali endemismi e differenziazioni delle popolazioni presenti all'interno dell'Arcipelago Toscano rispetto alle popolazioni continentali. Il tirocinio si è sviluppato in una prima parte dove mi sono occupata **dell'estrazione del DNA** dai campioni, la verifica della qualità degli estratti attraverso elettroforesi su gel e nanodrop, amplificazione mediante **PCR** degli estratti ottenuti che sono poi stati inviati in un ente esterno al laboratorio per poter essere



sequenziati.

Nella seconda parte del tirocinio ho svolto le **analisi bioinformatiche** sulle sequenze ottenute acquisendo diverse competenze tecniche-operative. Nella prima fase delle analisi ho confrontato le sequenze ottenute con altre presenti in Barcode of Life Data System (BOLD) e GenBank, attraverso l'uso del software BLAST, per verificare l'eventuale presenza di contaminazioni e fare l'assegnazione tassonomica dal punto di vista molecolare. Grazie al confronto incrociato fra le sequenze ottenute durante le analisi e quelle presenti nelle banche date online ho creato un database contenente le informazioni reperite online e quelle ottenute dall'identificazione morfologica. Nella seconda fase dell'analisi bioinformatica ho utilizzato MEGA 11 per allineare le sequenze utilizzando l'algoritmo MUSCLE, ho verificato la distanza genetica fra le sequenze attraverso l'applicazione del modello matematico Tamura-Nei e ho utilizzato il metodo Maximum Likelihood per la ricostruzione dell'albero filogenetico. Ho poi ricostruito dei network di aplotipi, per verificare le relazioni fra le diverse popolazioni, mediante il metodo Minimum Spanning Network con il software PopArt.

Durante la laurea magistrale ho avuto modo di svolgere diversi laboratori didattici in cui ho acquisito competenze tecniche quali: **estrazione di proteine** a partire da cellule di *Escherichia coli*, **cromatografia di affinità**, **SDS-PAGE**, **western blot**, **dosaggio proteico ed enzimatico**. Ho inoltre acquisito competenze di statistica descrittiva ed inferenziale, svolgendo le esercitazioni su JMP, seguendo un laboratorio di **biostatistica**.

**Laurea Triennale in Scienze dell'Ambiente e della Natura - Settembre 2016/Dicembre 2019**

Titolo tesi: Monitoraggio di insetti impollinatori in diverse tipologie di habitat della provincia di Milano mediante pan-trapping

Relatori: prof. Paolo Biella

Nel corso del tirocinio della laurea triennale (giugno-ottobre 2019) ho svolto attività di campionamento in territori della provincia di Milano e analisi dei dati raccolti presso lo Zooplantlab dell'Università degli Studi di Milano-Bicocca. Il percorso di tirocinio, volto a monitorare la popolazione di insetti impollinatori nella provincia di Milano verificandone l'abbondanza in diverse tipologie di habitat (agricolo, urbano e naturale), oltre ad avermi permesso di acquisire esperienza nel campionamento outdoor e nell'analisi morfologica tramite microscopio ottico, mi ha portata ad acquisire competenze **nell'analisi dati** in quanto ho svolto analisi di statistica andando ad applicare **one-way ANOVA**, **two-way ANOVA**, **test Mann-Whitney** e **test Tukey** andando poi a creare delle rappresentazioni grafiche mediante l'uso del software PAST confrontando poi i dati con letteratura di settore ottenuta a seguito di ricerca bibliografica.

Durante il percorso di studi ho svolto diversi laboratori che mi hanno permesso di acquisire conoscenze riguardanti il campionamento e l'analisi chimico - organolettica delle acque, **l'estrazione di DNA** e analisi di dati geospaziali (Geographic Information System - GIS).

## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
17/04/2024	2024 Milan Meeting on Next Generation Sequencing (MMNGS)	Università degli Studi Milano - Bicocca
22/11/2019	BtbsDay - Giornata del Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze	Università degli Studi Milano - Bicocca

### Atti di convegni

05/2024 (accepted) Cold Spring Harbor Meeting: Retroviruses (Cold Spring Harbor, NY, USA) "Deciphering HIV-Induced Transcriptomic Alterations in CD4 T memory stem cells" Giacomo M. Butta, Riccardo Nodari,



Matteo Centazzo, Susanna Scaglioni, Serena Curti, <b>Carola Miuccio</b> , Giorgio Bozzi, Alessandra Bandera, Raffaele De Francesco, Lara Manganaro
12/2023 RETROPATH 2023-33rd International Workshop on Retroviral Pathogenesis (Trento, Italy) "Transcriptional reprogramming of CD4+ T stem memory cells infected by HIV" Giacomo M. Butta, Matteo Centazzo, Riccardo L. Rossi, Susanna Scaglioni, Serena Curti, <b>Carola Miuccio</b> , Giorgio Bozzi, Chiara Cordiglieri, Alessandra Bandera, Raffaele De Francesco and Lara Manganaro

## ALTRE INFORMAZIONI

### Attività di formazione extracurricolari

Data	Titolo	Ente
25/05/2022-07/07/2022	Corso di lingua inglese	Forma.Temp e GI GROUP s.p.a.
29/04/2022	Intelligenza Artificiale - On demand	Fastweb Digital Academy
12/04/2022	Big Data applicati alla sostenibilità - Online	Fastweb Digital Academy
25/01/2022	iBicocca Gold - II edition	Università degli Studi di Milano - Bicocca
17/11/2021	Bbetween 2021 Civic Engagement - Deplastificazione - Life Beyond Plastic	Università degli Studi di Milano - Bicocca
01/04/2021	Bbetween 2021 Civic Engagement - Filiera alimentare sostenibile	Università degli Studi di Milano - Bicocca
26/03/2021	L'agenda 2030 e gli obiettivi di sviluppo sostenibile	Università degli Studi di Milano - Bicocca

### Attività di volontariato

GLS - Gruppo Locale di Conservazione - Giungo 2019/in corso Monitoraggio di specie ornitologiche di interesse conservazionistico
Educazione ambientale LIPU (Lega Italiana Protezione Uccelli) - Aprile 2018/Giugno 2021 Organizzazione attività ludiche per eventi, visite guidate ed educazione ambientale
Volontariato Fondo per l'Ambiente Italiano (FAI) - Gennaio/Maggio 2017 Vigilanza mostre temporanee e permanenti

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.



# UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

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

Luogo e data: Milano, 19 aprile 2024