

## Curriculum vitae et studiorum

### Informazioni generali

Nome e cognome	Loredana Le Pera
Posizione attuale	- Tecnologo (III livello professionale) dell'Istituto Superiore di Sanità, Servizio grandi strumentazioni e core facilities (FAST) - ELIXIR Italy - Deputy Training Coordinator

### Educazione e formazione

Descrizione	Data	Istituzione	Informazioni
Dottorato di ricerca in Scienze Pasteuriane	27/02/2013	Sapienza Università di Roma, Dipartimento di biotecnologie cellulari ed ematologia.	Titolo: "Unraveling the complexity of the human transcriptome: analysis and integration of high-throughput data". PADIS archive: <a href="http://hdl.handle.net/10805/1937">http://hdl.handle.net/10805/1937</a> . Coordinatore: Prof. Marco Tripodi. Relatore: Prof. Anna Tramontano.
Borsa post-laurea	Lug-Ott 2009	Istituto Pasteur Fondazione Cenci Bolognetti.	Progetto: "Genome variations and consequences on protein sequences and structures". Supervisore: Prof. Anna Tramontano.
Borsa post-laurea	Gen 2008 – Giu 2009	BIOSAPIENS – European Network for Integrated Genome Annotation.	Progetto: "Functional annotation, structural prediction and analysis of human protein interactions". Supervisore: Prof. Anna Tramontano.
Stage di finalizzazione del Master Universitario di II livello in Bioinformatica: Applicazioni biomediche e farmaceutiche	Giu-Ott 2006	IRBM Istituto di Ricerche di Biologia Molecolare (Merck Research Laboratories, P. Angeletti SpA, Pomezia, RM), Dep. of Comp. Biol. and Chem.	Progetto: "Costruzione di un modello tridimensionale di complessi dimerici recettore/ligando MET/HGF e MST1R/MST e valutazione della compatibilità dei modelli con l'assemblaggio quaternario pubblicato". Supervisore: A. Lahm.
Master Universitario di II livello in "Bioinformatica: Applicazioni biomediche e farmaceutiche"	Nov 2005 – Feb 2007	Sapienza Università di Roma, interfacoltà tra Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali - Farmacia - Medicina e Chirurgia 1.	Titolo: "Costruzione di un modello tridimensionale di complessi dimerici recettore/ligando MET/HGF e MST1R/MST". Direttore: Prof. Anna Tramontano. Voto: 110/110 cum laude.
Borsa post-laurea	Gen - Dic 2005	INFN (Istituto Nazionale per la Fisica della Materia) Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Fisica.	Progetto: "Analysis of chaos in temperature in spin glasses". Supervisore: Prof. E. Marinari.

Laurea in Fisica	24/02/2005	Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Fisica.	Titolo: "Study of a spin glass on random graph near to the percolation threshold". Relatore: Prof. Federico Ricci-Tersenghi. Voto: 110/110 cum laude.
------------------	------------	--	---

## Esperienze lavorative/professionali

Inizio	Fine	Istituzione	Posizione
Set 2021	---	Istituto Superiore di Sanità, Centro "Servizio grandi strumentazioni e core facilities (FAST)"	Tecnologo (III livello)
Attività di ricerca, tecnico/scientifica e di formazione, relative all'incarico di referente del Servizio di Bioinformatica presso il Centro FAST-ISS, con l'obiettivo di offrire supporto nell'analisi di dati high-throughput da diverse fonti: genomica (whole exon-sequencing), trascrittomica (RNA-seq, targeted-sequencing), epigenomica (ChIP-seq), proteomica.			
Dic 2017	Lug 2021	Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari del CNR presso IBPM-CNR – Dip. di Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli", Sapienza Università di Roma	Assegnista di ricerca senior
<p>Attività di ricerca e tecnico/scientifica inerenti l'area "Scienze Biomediche" nell'ambito del Progetto H2020-ELIXIR-EXCELERATE per la seguente tematica: "Attività di coordinamento e sviluppo della formazione e attività di training in bioinformatica per il nodo italiano di ELIXIR e per il settore "Train the Trainer" nell'ambito del Work Package 11 (Training) di H2020-ELIXIR-EXCELERATE, mirate all'organizzazione di corsi, alla realizzazione di linee guida per l'identificazione e l'adozione di metodologie efficaci di insegnamento e alla formazione di nuovi insegnanti in specifici settori della bioinformatica".</p> <p>Responsabile scientifico: Prof. Graziano Pesole (Direttore del nodo italiano di ELIXIR). Referente presso CNR-IBPM: Allegra Via (Coordinatrice della Piattaforma di Training del nodo italiano di ELIXIR).</p> <p>ELIXIR (<a href="https://elixir-europe.org/">https://elixir-europe.org/</a>) è l'infrastruttura di ricerca europea per i dati biologici che ha come obiettivo primario quello di supportare la ricerca nel campo delle "scienze della vita". Il nodo italiano di ELIXIR è organizzato come una Joint Research Unit (con l'ambizione di diventare Infrastruttura Italiana di Bioinformatica - ELIXIR-IIB) coordinata dal CNR e comprendente più di 20 tra università ed istituzioni italiane di eccellenza; ELIXIR-IIB si propone di aggregare tutti i ricercatori italiani che operano nel campo della Bioinformatica favorendone lo scambio e lo sviluppo di competenze, di mettere a sistema le varie risorse bioinformatiche riconosciute in ambito internazionale e pubblicamente disponibili, e di contribuire alla loro integrazione in seno all'infrastruttura europea.</p> <p><u>La mia attività tecnico/scientifica ha riguardato specificatamente:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Incarico di Deputy Coordinator della Piattaforma Training del nodo italiano (ELIXIR-IIB) dell'Infrastruttura di Ricerca ELIXIR (<a href="https://elixir-europe.org/platforms/training/how-organised">https://elixir-europe.org/platforms/training/how-organised</a>)</li> <li>▪ Attività di co-coordinamento dell'ELIXIR-IIB Training Team (costituita da 7 persone: <a href="https://elixir-iib-training.github.io/website/contacts/">https://elixir-iib-training.github.io/website/contacts/</a>)</li> <li>▪ Realizzazione di Linee Guida per l'organizzazione e la diffusione dei corsi di training all'interno del nodo italiano di ELIXIR (presentate ed approvate durante l'Assemblea Generale ELIXIR-IIB)</li> <li>▪ Referente della Piattaforma Training ELIXIR-IIB per la Valutazione di Qualità e Impatto</li> <li>▪ Sviluppo, aggiornamento e manutenzione del sito web della Training Platform del nodo italiano ELIXIR-IIB (<a href="https://elixir-iib-training.github.io/website/">https://elixir-iib-training.github.io/website/</a>)</li> <li>▪ Progettazione, organizzazione, diffusione e realizzazione di corsi di training in bioinformatica per il nodo italiano ELIXIR-IIB</li> <li>▪ Progettazione, organizzazione, diffusione e realizzazione di corsi Train-the-Trainer (TtT), nell'ambito del Work Package 11 (Training) di H2020-ELIXIR-EXCELERATE</li> <li>▪ Organizzazione di workshop di bioinformatica per il nodo italiano ELIXIR-IIB</li> </ul>			

- Collaborazione con altri nodi europei ELIXIR per attività di Training, Implementation Study e Working Group
- Sviluppo di materiale didattico per corsi di bioinformatica (riguardanti analisi dati NGS e linguaggi di programmazione per la biomedicina) e corsi Train-the-Trainer
- Attività di insegnamento e divulgazione scientifica
- 

Riferimenti a corsi, workshop ed eventi in cui la sottoscritta è stata coinvolta in qualità di organizzatrice e/o istruttrice e/o speaker sono elencati nelle varie sottosezioni del CV

La mia attività di ricerca ha riguardato specificatamente:

- Membro del Bioinformatics@IBPM Lab (gruppo di Bioinformatica e Biologia Computazionale presso l'Istituto CNR-IBPM di Roma): [https://www.ibpm.cnr.it/index.php?option=com\\_k2&view=item&id=335:resources3uk&Itemid=366&lang=en](https://www.ibpm.cnr.it/index.php?option=com_k2&view=item&id=335:resources3uk&Itemid=366&lang=en)
- Partecipazione al Gruppo di Lavoro "AI per la genomica funzionale e la proteomica" nell'ambito dell'Osservatorio CNR sull'Intelligenza Artificiale (AI), iniziativa coordinata da Fabrizio Falchi e Sara Colantonio, ricercatori dell'Istituto di Scienza e Tecnologie dell'Informazione (ISTI-CNR).
- Attività di ricerca nell'ambito di dati high-throughput su scala genomica, con l'obiettivo principale di sviluppare ed applicare procedure bioinformatiche specializzate nell'estrazione della maggior quantità possibile di informazione da esperimenti high-throughput, in particolare esperimenti di Next Generation Sequencing (quali RNA-seq, small RNA-seq, CHIP-seq, Whole genome/exome sequencing). Tali nuove tecnologie risultano essere un potente strumento di indagine in biologia molecolare e nell'individuazione di nuovi indicatori diagnostici e prognostici in campo clinico.

Riferimenti a tali attività sono riportati nelle sottosezioni del CV relative alle Pubblicazioni, alla Partecipazione a Progetti e Partecipazione a Gruppi di Ricerca/di Lavoro/Collaborazioni scientifiche.

Nov 2012	Nov 2017	Istituto Italiano di Tecnologia (IIT) - Center for Life Nano Science – Viale Regina Elena, 291, 00161 Roma	Postdoc
----------	----------	--	---------

Attività di gestione della Facility di Bioinformatica del CLNS@Sapienza (IIT), un'unità con una funzione principale di supporto ai progetti di ricerca del Centro, una funzione di sviluppo e di ricerca in ambito puramente bioinformatico ed una funzione di assistenza all'esterno mediante collaborazioni scientifiche ed attività di service di tipo commerciale. La Facility è dotata di un'infrastruttura computazionale ad alta prestazione di calcolo (HPC) ed è collegata a due sequenziatori Illumina nell'adiacente laboratorio di Genomica. Direttore scientifico del Centro: Giancarlo Ruocco.

La mia attività ha riguardato specificatamente:

- incarico di Responsabile della Facility di Bioinformatica
- progettazione ed implementazione delle principali pipeline bioinformatiche per l'analisi statistica di dati high-throughput da adeguare, ottimizzare ed utilizzare a seconda del tipo di dato ed esperimento effettuato (RNA-seq, MIR-seq, CHIP-seq, Whole Exome e Whole Genome Sequencing)
- implementazione di web-tool bioinformatici
- amministrazione utenti cluster (circa 20 utenti di diversi gruppi di ricerca del CLNS@Sapienza)
- responsabile rapporti con Assistenza Tecnica IT
- collaborazioni scientifiche interne al Centro
- collaborazioni scientifiche esterne
- incarico di Responsabile Scientifico della prestazione di servizi, nonché referente nei confronti dell'Ente Istituto Italiano di Tecnologia

Riferimenti a tali attività sono riportati nelle sottosezioni del CV relative alle Pubblicazioni, alla Partecipazione a Progetti e Partecipazione a Gruppi di Ricerca/di Lavoro/Collaborazioni scientifiche.

Feb 2011	Gen 2012	I.N.R.A.N (Italian Research Institute on Food and Nutrition) - Roma	Visiting scientist
----------	----------	---	--------------------

Attività di ricerca finalizzata all'analisi di dati provenienti da esperimenti di microarrays, volti ad investigare il ruolo di molecole nutrizionali nell'ambito di alcune patologie.  
Direttore: Fabio Virgili.

### Premi ed appartenenza a società/organizzazioni

Anno	Titolo
Nov 2009 – Dic 2012	Vincitrice borsa di studio finanziata da Sapienza - Università di Roma per la Scuola di Dottorato
Lug – Ott 2012	Borsa di studio finanziata dal Pasteur Institut - Fondazione Cenci-Bolognetti, Roma
Gen 2008 – Giu 2009	Borsa di studio finanziata da BIOSAPIENS – European Network for Integrated Genome Annotation'
Gen – Dic 2005	Borsa di studio finanziata da INFN (Istituto Nazionale per la Fisica della Materia)
2010 – 2017	Membro dell'International Society for Computational Biology (ISCB)

### Partecipazione a Progetti nazionali ed internazionali

Periodo mia attività	Tipologia/finanziamento	Titolo
2021 – in corso	PNRR	Programma di Ricerca e Innovazione “Rome Technopole”
<b>Coordinatrice</b> dello Spoke 3 dell'ISS, con il fine di disegnare ed erogare moduli formativi multidisciplinari focalizzati su aspetti scientifico/tecnologici nell'ambito dell'Health & BioPharma.		
2020 – in corso	HORIZON 2020	“ELIXIR-CONVERGE: Training and Capacity Building”-WP2
<b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è riferita al WP2 Task 2.3 del Progetto, che ha come scopo il rafforzamento delle competenze nell'ambito del Data Management e Data Stewardship tramite un programma di formazione mirato.		
2020 – in corso	EOSC-life Training Open Call	“Open Science and Covid-19. Working together to fight the pandemic”
<b>Co-lead</b> di Progetto finanziato per l'organizzazione di una serie di webinar e tutorial scientifici, in collaborazione con OpenAIRE, RDA and EOSC-Pillar		
2020 – in corso	ELIXIR Open Call	“Delivery of established training”
<b>Lead</b> di Progetto finanziato per “Disegno ed organizzazione di un corso relativo a Data management, Data stewardship” da erogarsi nel nodo italiano in collaborazione con il nodo olandese. Riferimenti/Risultati: Celia van Gelder (Training Programme Manager DTL/ELIXIR-NL)		
2019 – in corso	PON Research and Innovation (2019 - 2023)	PIR01_00017 - Centro Nazionale di Ricerca in Bioinformatica per le Scienze "Omiche" - CNRBIOMICS
<b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è quella di supportare lo sviluppo del Centro, il cui scopo è quello di rispondere alle moderne esigenze di produzione e analisi di dati genomici su larga scala, partecipando all'implementazione di una piattaforma per il training e lo sviluppo di corsi multimediali (Obiettivo Realizzativo 4 – OR4) Coordinatore Scientifico: Luciano Milanese (CNR-ITB, Milano) Responsabile OR4: Allegra Via (CNR-IBPM, Roma)		

2017 – in corso	Progetto Bandiera: InterOmics	“Interaction network-guided approaches to synthetic lethality and synergic combination therapy in cancer”
<p><b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è stata quella di effettuare una caratterizzazione funzionale dei possibili interattori della proteina Importin-<math>\beta</math>/karyopherin-<math>\beta</math>1 a partire da dati sperimentali di proteomica con l'integrazione di dati di espressione genica ed analisi di arricchimento funzionale comparato. Direttore del progetto: Luciano Milanese (CNR-ITB, Milano) Responsabile Unità di Ricerca: Patrizia Lavia (CNR-IBPM, Roma)</p>		
2019 – in corso	Bando Ricerca Finalizzata 2011-2012	“Mechanisms and treatment of coronary microvascular dysfunction in patients with genetic or secondary left ventricular hypertrophy” [codice: NET-2011-02347173]
<p><b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è quella di effettuare un'analisi del profilo di espressione genica di campioni provenienti da esperimenti di RNA-seq per investigare il meccanismo del rimodellamento microvascolare in pazienti con cardiomiopatia ipertrofica (HCM). P.I del progetto: Paolo Camici (Ospedale San Raffaele - Milano) Responsabile Unità di Ricerca: Giulia d'Amati (Sapienza - Roma)</p>		
2017 – 2019	HORIZON 2020	“ELIXIR-EXCELERATE: Fast-track ELIXIR implementation and drive early user exploitation across the life sciences” (Grant agreement N. 676559)
<p><b>Partecipante</b> Progetto: Attività di coordinamento e sviluppo della formazione, e attività di training in bioinformatica per il nodo italiano di ELIXIR e per il settore “Train the Trainer (TtT)”, nell'ambito del Work Package 11 (Training) di H2020-ELIXIR-EXCELERATE. Tali attività sono mirate all'organizzazione di corsi, alla realizzazione di linee guida per l'identificazione e l'adozione di metodologie efficaci di insegnamento e alla formazione di nuovi insegnanti in specifici settori della bioinformatica. Nominativo coordinatore del Progetto per ELIXIR: Niklas Blomberg (Direttore ELIXIR) Nominativo coordinatore del Progetto per ELIXIR Italy: Graziano Pesole (Direttore ELIXIR Italy)</p>		
2008 – 2009	BIOSAPIENS	“A European Network for Integrated Genome Annotation”
<p><b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è stata finalizzata all'annotazione funzionale, predizione strutturale e analisi di interazioni di proteine umane.</p>		
2008 – 2009	PRIN 2011	“Genetic and molecular analysis of Drosophila telomeres”
<p><b>Partecipante</b> Progetto: la mia attività è stata finalizzata alla predizione di struttura tridimensionale mediante tool bioinformatici quali Modeller, Swiss-Model. Tutor: Domenico Raimondo P.I. del progetto: Maurizio Gatti (Dip. di Biologia e Biotecnologie - Sapienza – Roma)</p>		

### Partecipazione a Gruppi di Ricerca/di Lavoro/Collaborazioni scientifiche (in corso)

Feb 2021 – in corso: P.I.: Dott.ssa Giulia Guarguaglini (CNR-IBPM, Roma)  
Progetto AIRC 2020: “The Aurora-A/TPX complex from mitosis to interphasic roles: novel therapeutic opportunities”  
Attività: Analisi dati di RNA-seq (Illumina paired-sequencing) per confrontare il profilo trascrittomico di tre linee cellulari ed evidenziare l'insieme dei geni regolato da AURKA da solo ed in complesso con TPX2. Il profilo trascrittomico delle diverse condizioni cellulari sarà utilizzato per ricostruire le reti geniche così da identificare i meccanismi cellulari chiave e gli elementi che contribuiscono più probabilmente alla trasformazione cellulare.

<p>Nov 2022 – in corso: P.I.: Prof. Michele Milella (Università di Verona)          Progetto presentato per bando FISA2022: “InnovaTive appRoaches to targetIng "undruGGable" tumor suppressors/oncogEnes in Rare cancers (TRIGGER)”          Attività: Analisi <i>in silico</i> di mutazioni genetiche ricorrenti nei tumori rari per l’identificazione di una lista di oncogeni e oncosoppressori. Implementazione di una procedura computazionale per individuare tra le isoforme di splicing potenziali candidati per exon-skipping. Sviluppo di una pipeline bioinformatica per disegnare sequenze antisenso oligonucleotidiche (ASOs) <i>ad hoc</i> che inducano exon-skipping in modo da generare varianti proteiche desiderate.</p>
<p>2019 – in corso: Lead: Fotis Psomopoulos (ELIXIR Greece)          Partecipazione all’attività del Working Group ELIXIR “Certification”, che ha lo scopo di definire e valutare la qualità dei corsi e del materiale di Training ELIXIR tramite criteri condivisi.</p>
<p>2019 – in corso: Leads: Fotis Psomopoulos (ELIXIR Greece), Celia van Gelder (ELIXIR Netherlands)          Partecipazione all’attività del Focus Group ELIXIR “FAIR Training”, con lo scopo di definire e far applicare delle regole condivise per rendere il materiale di Training FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable)</p>

## Partecipazione a corsi di formazione

<p>Mag 2023: “Single cell transcriptomics data analysis course” provided by Cytometry and Biomarkers UTechS (CB UTechS), Institut Pasteur, Paris, France</p>
<p>Mag 2020: “The Carpentries Instructor Training course” corso di formazione per istruttori “The Carpentries” <a href="https://carpentries.org">https://carpentries.org</a> - una comunità attiva, inclusiva e diversificata di studenti e istruttori che promuove l’importanza del software e dei dati nella ricerca scientifica, sviluppando in modo collaborativo materiale didattico disponibile online ed organizzando corsi in cui vengono utilizzate pratiche di insegnamento innovative</p>
<p>Lug 2019: Eu-SPRI Summer School: “Tools and methods for analysing complex Science, Technology and Innovation (STI) systems: A gentle introduction to Machine Learning (ML), Network Science (NS) and Text Mining (TM)” erogato da IRCrES-CNR, Roma</p>
<p>Set 2018: “ELIXIR Train the Trainer course” corso di formazione per istruttori nell’area della Bioinformatica, Roma</p>
<p>Mag 2018: Advanced Course on Statistics: “L’uso della statistica nella ricerca biomedica e applicazione del software R” – provided by Fondazione Santa Lucia IRCCS and CNR, Roma</p>
<p>Lug 2017: “NextSeq500 sequencing system training course” by Illumina -- Roma</p>
<p>Apr 2017: Training Course: “Advanced Biostatistics for Bioinformatics Tool Users using R” all’Istituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portogallo</p>
<p>Giu 2014: Public speaking course (ESOL) al British Institute Parioli -- Roma</p>
<p>Ott 2013: “HiSeq1500-2500 sequencing system training course” by Illumina -- Roma</p>
<p>Ott 2012: EPIGEN ChIP-Seq Workshop al CASPUR -- Roma</p>
<p>Giu 2012: EPIGEN NGS &amp; data analysis Workshop at the IGA -- Udine</p>
<p>Ott 2011: Next Generation Sequencing Workshop III Edizione, Università di Bari</p>
<p>Gen 2010: Corso su UNIX/Linux Productivity and Basic Administrator al CASPUR -- Roma</p>

## Attività di insegnamento/tutoraggio

Periodo	Istituzione	Ruolo
---------	-------------	-------

30 Jan -2 Feb 2024	Istituto Superiore di Sanità (ISS), ELIXIR-IIB - School of Python for genomics <i>Massimiliano Orsini</i>	Insegnante del corso "Intermediate module: Analysing your genomic data with Python"
a.a. 2022 - 2023	Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli" e Istituto di Biologia e Patologia Molecolari (IBPM) del CNR - Corso di Alta Formazione in Bioinformatica	Insegnante dei corsi: "Genome Browsers", "ChIP-seq data analysis", all'interno del Modulo 4 "Genomica e Trascrittomica"
a.a. 2022 - 2023	Sapienza Università di Roma, Scuola di dottorato in Biologia e Medicina Molecolare BeMM	Insegnante di "Exploring Genomes and Transcriptomes" all'interno del corso "Bioinformatics: Theory and Applications from Genomes to Drugs"
a.a. 2021-2022	Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli" e Istituto di Biologia e Patologia Molecolari (IBPM) del CNR - Corso di Alta Formazione in Bioinformatica	Insegnante dei corsi: "Genome Browsers", "ChIP-seq data analysis", all'interno del Modulo 4 "Genomica e Trascrittomica"
22-25 Nov 2022	Istituto Superiore di Sanità (ISS), ELIXIR-IIB - School of Python for genomics	Insegnante del corso "Basic module: Introduction to Python programming"
27-30 Set 2022	ELIXIR-IIB Corso di Training (on-line)	Helper del Corso "R for Reproducible Scientific Analysis"
9-17 Set 2021	ELIXIR-IIB Corso di Training (on-line)	Insegnante del corso Laboratorio Software Carpentry (Shell Unix, Git, Python)
9-12 Feb 2021	ELIXIR-IIB Corso di Training (on-line)	Insegnante del corso "Train the Trainer"
1-4 Dic 2020	ELIXIR-IIB Corso di Training (on-line)	Insegnante del corso "Train the Trainer"
14-17 Lug 2020	ELIXIR-IIB Corso di Training (on-line)	Insegnante del corso "R for Reproducible Scientific Analysis" - online
2020-2023	XXXVI ciclo Dottorato in Biochimica - Dip. Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli", Sapienza Università di Roma	Tutrice tesi di Dottorato. Studentessa: Chiara Pacelli
a.a. 2018 - 2019	Sapienza Università di Roma, Scuola di dottorato in Biologia e Medicina Molecolare BeMM	Insegnante di "Exploring Genomes and Transcriptomes" all'interno del Corso "Bioinformatics: Theory and Applications from Genomes to Drugs"
a.a. 2017 - 2018	Sapienza Università di Roma, Scuola di dottorato in Biologia e Medicina Molecolare BeMM	Insegnante di "Exploring Genomes and Transcriptomes" all'interno del corso "Bioinformatics: Theory and Applications from Genomes to Drugs"
16 - 17 Gen 2018	ELIXIR-IIB Corso di Training, presso il CINECA - Roma	Insegnante del corso per ricercatori, PostDoc e studenti di dottorato: "Linux shell scripting for high-throughput biological data processing on supercomputers"

27 - 29 Set 2017	ELIXIR-IIB Corso di Training, presso Università di Salerno	Insegnante, sviluppo dei materiali e progettazione del corso per ricercatori, PostDoc e studenti di dottorato: "Best practices for RNA-Seq data analysis"
2017-2020	XXXIII ciclo Dottorato in Biochimica – Dip. Scienze Biochimiche “A. Rossi Fanelli”, Sapienza Università di Roma	Co-tutrice tesi di Dottorato. Studente: David Sasah Staid. Titolo tesi: “Identification, analysis and inference of point mutations associated to drug resistance in bacteria: a lesson learnt from the resistance of <i>Streptococcus pneumoniae</i> to quinolones”
a.a. 2016 - 2017	Sapienza Università di Roma, Scuola di dottorato in Biologia e Medicina Molecolare BeMM	Insegnante di “Methods for the analysis and integration of omics and high-throughput data” all’interno del corso “Bioinformatics: Theory and Applications from Genomes to Drugs”
a.a. 2014 - 2015	Sapienza Università di Roma, Master di II livello, Bioinformatica: applicazioni biomediche e farmaceutiche	Tutrice e relatrice tesi di Master. Studentessa: Luciana Cafforio. Titolo tesi: “A comprehensive analysis of RNA-seq and whole exome sequencing data to investigate Hailey-Hailey disease”
Mag - Giu 2013	Istituto Comprensivo Maffi, Roma	Insegnante (supplente) di Matematica e Fisica
Feb 2013	Sapienza Università di Roma, Ingegneria delle Nanotecnologie	Insegnante di “Exploring Genomes and Transcriptomes” all’interno del corso di “Strutture Macromolecolari”
Mag 2012	Sapienza Università di Roma, Ingegneria delle Nanotecnologie	Insegnante di “Exploring Genomes and Transcriptomes” all’interno del corso di “Strutture Macromolecolari”

### Altri incarichi/attività

Member of the Editorial Board of Computational Genomics (specialty section of <i>Frontiers in Genetics</i> , <i>Frontiers in Bioengineering and Biotechnology</i> and <i>Frontiers in Plant Science</i> )
Referee per le riviste scientifiche: <i>Bioinformatics</i> , <i>F1000Research</i> , <i>RNA Biology</i>

### Publicazioni (su rivista internazionale)

<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ C. Pacelli, A. Rossi, M. Milella, T. Colombo, <u>L. Le Pera</u>, RNA-Based Strategies for Cancer Therapy: In Silico Design and Evaluation of ASOs for Targeted Exon Skipping. <i>Int. J. Mol. Sci.</i> <b>2023</b>, doi: 10.3390/ijms241914862</li> <li>▪ A. Pisano*, <u>L. Le Pera</u>*, R. Carletti, B. Cerbelli, M. G. Pignataro, A. Pernazza, F. Ferrè, M. Lombardi, D. Lazzeroni, I. Olivotto, O. E. Rimoldi, C. Foglieni, P. G. Camici, G. d'Amati. RNA-seq profiling reveals different pathways between remodeled vessels and myocardium in hypertrophic cardiomyopathy. <i>Microcirculation</i>, <b>2022</b>, doi: 10.1111/micc.12790</li> <li>▪ P. Piscopo, V. Manzini, R. Rivabene, A. Crestini, <u>L. Le Pera</u>, E. Pizzi, C. Veroni, G. Talarico, M. Peconi, A. E. Castellano, C. D'Alessio, G. Bruno, M. Corbo, N. Vanacore, E. Lacorte. A Plasma Circular RNA Profile Differentiates Subjects with Alzheimer's Disease and Mild Cognitive Impairment from Healthy Controls. <i>Int. J. Mol. Sci.</i> <b>2022</b>, 23(21), 13232, doi: 10.3390/ijms232113232</li> <li>▪ C. Bazzichetto, M. Milella, I. Zampiva, F. Simionato, C. A. Amoreo, S. Buglioni, C. Pacelli, <u>L. Le Pera</u>, T. Colombo, E. Bria, M. Zeuli, D. Del Bufalo, I. Sperduti, F. Conciatori. Interleukin-8 in Colorectal Cancer: A Systematic</li> </ul>
---

Review and Meta-Analysis of Its Potential Role as a Prognostic Biomarker. *Biomedicines* **2022**, 10(10), 2631; doi: 10.3390/biomedicines10102631

- C. Bossa, I. Branchi, B. Caccia, E. Cisbani, C. Daniele, G. D'Avenio, G. Esposito, F. Facchiano, G. Frustagli, R. V. Gagliardi, A. Galluzzi, D. Giansanti, G. Gigante, A. Giuliani, L. Le Pera, M. Mattia, S. Morelli, O. Moro, A. Palma, A. Paziienti, O. Picconi, E. Pizzi, C. Poli, I. Ruspantini, S. Tait, O. Tcheremenskaia. The challenge of complexity in the Big Data era: how to ride the wave of highdimensional data revolution. *Ann Ist Super Sanità* **2022**, Vol. 58, No. 3: 151-153, doi: 10.4415/ANN\_22\_03\_01
- C. Caudai, A. Galizia, F. Geraci, L. Le Pera, V. Morea, E. Salerno, A. Via, T. Colombo. AI applications in functional genomics. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, **2021**, doi: 10.1016/j.csbj.2021.10.009
- E. Abiusi, P. Infante, C. Cagnoli, L. Lospinoso Severini, M. Pane, G. Coratti, A. D'Amico, F. Diano, A. Novelli, S. Spartano, S. Fiori, G. Baranello, I. Moroni, M. Mora, B. Pasanisi, K. Pocino, L. Le Pera, D. D'Amico, F. Ria, C. Bruno, D. Locatelli, E. Bertini, L. Morandi, E. Mercuri, L. Di Marcotullio, F. D. Tiziano. SMA-miRs (miR-181a-5p,-324-5p, and-451a) are overexpressed in spinal muscular atrophy skeletal muscle and serum samples. *Elife* **2021** Sep 20; 10:e68054, doi: 10.7554/eLife.68054
- K. T. Gurwitz; P. S. Gaur; L. J. Bellis; L. Larcombe; E. Alloza; B. L. Balint; A. Botzki; J. Dimec; V. Dominguez del Angel; P. L. Fernandes; E. Korpelainen; R. Krause; M. Kuzak; L. Le Pera; B. Leskošek; J. M. Lindvall; D. Marek; P. A. Martinez; T. Muyldermans; S. Nygård; P. M. Palagi; H. Peterson; F. Psomopoulos; V. Spiwok; C. W.G. van Gelder; A. Via; M. Vidak; D. Wibberg; S. L. Morgan; G. Rustici. A framework to assess the quality and impact of bioinformatics training across ELIXIR. *PLOS Computational Biology* **2020** Jul 23, doi: 10.1371/journal.pcbi.1007976
- J. Mathlin\*, L. Le Pera\*, T. Colombo. A Census and Categorization Method of Epitranscriptomic Marks, *International Journal of Molecular Sciences* **2020** Jun 30, doi: 10.3390/ijms21134684
- Garcia, B. Batut, M. L. Burke, M. Kuzak, F. Psomopoulos, R. Arcila, T. K. Attwood, N. Beard, D. Carvalho-Silva, A. C. Dimopoulos, V. D. del Angel, M. Dumontier, K. T. Gurwitz, R. Krause, P. McQuilton, L. Le Pera, S. L. Morgan, P. Rauste, A. Via, P. Kahlem, G. Rustici, C. W. G. van Gelder, P. M. Palagi. Ten simple rules for making training materials FAIR. *PLOS Computational Biology* **2020** May 21, doi: 10.1371/journal.pcbi.1007854
- A. Verrico, P. Rovella, L. Di Francesco, M. Damizia, D.S. Staid, L. Le Pera, M.E. Schininà, P. Lavìa. Importin- $\beta$ /karyopherin- $\beta$ 1 modulates mitotic microtubule function and taxane sensitivity in cancer cells via its nucleoporin-binding region. *Oncogene* **2020**, doi: 10.1038/s41388-019-0989-x
- U. Cappucci, F. Noro, A. M. Casale, L. Fanti, M. Berloco, A. A. Alagia, L. Grassi, L. Le Pera, L. Piacentini, and S. Pimpinelli. The Hsp70 chaperone is a major player in stress-induced transposable element activation. *PNAS* **2019** Sep 3, 116 (36) 17943-17950, doi: 10.1073/pnas.1903936116
- Z.M. Besharat, L. Abballe, F. Cicconardi, A. Bhutkar, L. Grassi, L. Le Pera, M. Moretti, M. Chinappi, D. D'Andrea, A. Mastronuzzi, A. Ianari, A. Vacca, E. De Smaele, F. Locatelli, A. Po, E. Miele, E.Ferretti. Foxm1 controls a pro-stemness microRNA network in neural stem cells. *Scientific Reports* **2018** 8:3523 doi: 10.1038/s41598-018-21876-y
- U. Cappucci, F. Noro, A. M. Casale, L. Fanti, M. Berloco, A. A. Alagia, L. Grassi, L. Le Pera, L. Piacentini, and S. Pimpinelli. Survival protection mechanisms and genetic variability induction after stress: two sides of the same Hsp70 coin. *Preprint biorxiv.org* **2018**, doi: 10.1101/423210.
- F. Guerrieri, L. Belloni, D. D'Andrea, N. Pediconi, L. Le Pera, B. Testoni, C. Scisciani, F. Zoulim, A. Tramontano, M. Levrero. Genome-wide identification of direct HBx targets that control HBV replication. *BMC Genomics* **2017** 18:184. doi: 10.1186/s12864-017-3561-5
- S. Cialfi, L. Le Pera, C. De Blasio, G. Mariano, R. Palermo, A. Zonfrilli, D. Uccelletti, C. Palleschi, G. Biolcati, L. Barbieri, I. Screpanti & C. Talora. The loss of ATP2C1 impairs the DNA damage response and induces altered skin homeostasis: Consequences for epidermal biology in Hailey-Hailey disease. *Scientific Reports* **2016** 6:31567 doi: 10.1038/srep31567
- L. Le Pera, Mazzapioda M., Tramontano A. 3USS: a web server for detecting alternative 3' UTRs from RNA-seq experiments. *Bioinformatics* **2015** Jan 31(11):1845-1847 doi: 10.1093/bioinformatics/btv035
- Guerrieri F., Belloni L., D'Andrea D., L. Le Pera, Pediconi N., Tramontano A., Levrero M. Identification of HBx target miRNAs that regulate HBV replication by ChIP-Seq. *Abstract in Journal of Hepatology* **2013** vol. 58, doi: 10.1016/S0168-8278(13)60131-2
- Leoni G., L. Le Pera, Ferre' F., Raimondo D., Tramontano A. Coding potential of the products of alternative splicing in human. *Genome Biology* **2011**, 12:R9 doi: 10.1186/gb-2011-12-1-r9

- [Le Pera L., Marcatili P., Tramontano A. PICMI: mapping point mutations on genomes. \*Bioinformatics\* 2010 Nov 15;26\(22\):2904-5 doi: 10.1093/bioinformatics/btq547](#)

## Web tools

1. 3USS (3' UTR Sequence Seeker) è un web-server sviluppato con lo scopo di fornire ai ricercatori sperimentali uno strumento che permetta l'identificazione automatica di regioni 3' UTR alternative da dati di RNA-seq [<https://bio.tools/3uss>]
2. PICMI (Perhaps I Can Map It) è un web-server per mappare variazioni nucleotidiche ed aminoacidiche su genomi e su tutti le isoforme di splicing relative a ciascun gene [<https://bio.tools/picmi>]

## Computer skills

Linguaggi di Programmazione	C, Perl/BioPerl, R/BioConductor, Unix Shell scripting (livello avanzato), Awk, PHP (livello intermedio), HTML, Python (livello base)
Sistemi Operativi	Linux/Unix, Microsoft Windows, Mac OS X
Pacchetti di produttività	LibreOffice (Linux), Office (Windows), TEX (LaTEX, BibTEX)
Tools Bioinformatici	Software di allineamento di sequenze (Blast, PSI-Blast, ClustalW, HMMER); software di visualizzazione molecolare (PyMOL, RasMol); tools di predizione strutturale di proteine (SPDBV, Modeller); software di ricerca pattern (MEME); Browsers genomici (UCSC, Ensembl, IGV); tools di predizione mutazioni puntiformi (SIFT, Ensembl Predictor, Annovar, Polyphen); tools di annotazione funzionale (Panther, GSEA, DAVID); tools di predizione per target di microRNA (Miranda, PITA, TargetScan), etc.
Tools per analisi dati NGS e Microarray	Affy, Limma, Illumina Casava, BWA, Bowtie/Bowtie2, TopHat, Scripture, Tuxedo suite, FastToolKit, BedTools, Cutadapt, Trimgalore, Trimmomatic, SamTools, STAR, HISAT, Stringtie, featureCount, Picard, FastQC, mirDeep, MACS, Homer, GATK, SICER, Annovar, Cytoscape, etc. e diversi pacchetti R. Grande familiarità con Piattaforme Illumina e Ion Torrent.

**Roma, 6/02/2024**