



CURRICULUM VITAE ET STUDIORUM LUCAS MORON DALLA TOR

DATI PERSONALI

NOME Lucas
COGNOME Moron Dalla Tor
DATA DI NASCITA 06/02/1991
E-MAIL l.moron@tiscali.it / lucas.morondallator@univr.it
TELEFONO (+39)3393572002
MADRELINGUA Italiana

POSIZIONE ATTUALE

Attualmente dottorando presso il laboratorio del Prof. Giovanni Malerba (Università degli studi di Verona), dove sto focalizzando le mie attività di ricerca nel campo della Bioinformatica applicata (Genomica Computazionale, Biologia Computazionale, Bio-statistica).

ESPERIENZE PROFESSIONALI

Dal 5 Ottobre 2018 al 15 Marzo 2019: Visiting Graduate Researcher presso il laboratorio del Dott. Matteo Pellegrini nel dipartimento di “Molecular, Cell and developmental biology” presso l’Università della California Los Angeles (UCLA) dove mi sono occupato di tecniche di analisi del metiloma ottenuto mediante NGS.

Dal 28 Febbraio 2017 al 1 Ottobre 2017: Stage presso il dipartimento di Neuroscienze, Biomedicina e Movimento, sezione di Biologia e Genetica sotto la supervisione del Prof. Giovanni Malerba. Le mie mansioni comprendono: Assemblaggio di genomi, analisi di esomi e trascrittomi, ricerca e studio di nuovi algoritmi per allineamento e annotazione di genomi, ricerca di geni non noti e di elementi trasponibili all’interno di genomi batterici.

Dal 24 Ottobre 2016 al 28 Febbraio 2017: Vincitore del bando per l’assegnazione di una borsa di ricerca post lauream della durata di 3 mesi, dal titolo “*Analisi bioinformatica di esomi per la determinazione del profilo genotipico, la ricostruzione degli aplotipi e predizione del rischio patogenetico di alcune varianti*” nell’ambito del progetto Cariverona “*Sequenziamento massivo (Next-Generation Sequencing) del genoma umano: verso una interpretazione “sartoriale” della variabilità individuale in risposta al farmaco. Una proposta trasversale*”. (Albo n. 859/2016, n. protocollo 233496)

Dal 1 Novembre 2014 al 31 Gennaio 2015: internato di tesi magistrale presso il dipartimento di Neuroscienze, Biomedicina e Movimento, sezione di Biologia e Genetica sotto la supervisione del Prof. Donato Zipeto e della Dott.ssa Michela Serena. Le mie mansioni includevano: Studio computazionale e di laboratorio di anticorpi monoclonali chimerici anti tumorali, sviluppo della tecnica CRISPR/Cas9 per poter studiare l'interazione tra proteine di HIV-1 e umane.

EDUCAZIONE E FORMAZIONE

Corso "Java Developer" erogato da Umana Forma S.r.l svolto dal 12/09/2016 al 21/10/2016

Laurea magistrale in Bioinformatica e Biotecnologie Mediche presso l'Università degli studi di Verona, Dipartimento di Biotecnologie conseguita l'08/07/2016, con tesi dal titolo:

"CRISPR/Cas9: A new tool for Genome Editing applied to the study of the Interactions between Viral and Host Cell Proteins".

Relatore: Prof. Donato Zipeto;

Controrelatori: Prof. Davide Gibellini, Prof.ssa Tiziana Pandolfini.

Voto: 103/110

Laurea triennale in Bioinformatica conseguita presso l'Università degli studi di Verona, ex facoltà di Scienze Matematiche Fisiche Naturali conseguita il 19/03/2014, con tesi dal titolo:

"Metodi di Pattern Recognition per la caratterizzazione delle zone cerebrali coinvolte nei primi episodi psicotici".

Relatore Prof. Manuele Bicego;

Corelatore Prof. Umberto Castellani.

Voto: 99/110

Diploma di maturità tecnica in informatica e sistemi, qualifica da perito capotecnico informatico presso l'I.T.I.S. Carlo Zuccante, Mestre (VE).

Voto: 76/100

CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI

LINGUE STRANIERE

Conoscenza lingua inglese certificato di livello B1.

Diverse esperienze di vacanze studio all'estero dall'anno 2004 al 2008.

CONOSCENZE (BIO-)INFORMATICHE

Conoscenza approfondita dei principali linguaggi di programmazione:

- Java (Livello Ottimo)
- Matlab (Livello Ottimo)
- Python (Livello Intermedio)
- C/C++ (Livello Ottimo)
- BioJava (Livello Intemedio)
- BioPython (Livello Intemedio)
- Matlab Bioinformatic toolbox (Livello Intemedio)

Conoscenza di base dei programmi R e STATA per l'analisi statistica.

Ottima conoscenza dei sistemi operativi Windows e Ubuntu e dei loro relativi comandi del terminale:

- Connessione a server remoto
- Scrittura scrips per l'automazione di processi

Principali problemi e algoritmi sia di base che avanzati nell'ambito bioinformatico:

- Allineamento di sequenze (DNA, RNA, Amminoacidi)
- Filogenetica
- Pattern Recognition
 - o "Clustering"
 - o "Detection"
 - o "Classification"
- Analisi di segnali (trasformata di Fourier e Wavelet) ed elaborazione di immagini
 - o Provenienti da RX, RMI, fRMI, Ecografia
 - o Provenienti da Microarray

Conoscenza delle principali problematiche legate alla computazione (complessità, efficienza).

Conoscenze di basi di dati Biomediche e Bioinformatiche sia relazionali che non e interrogazione dei database attraverso la creazione di JSP, Servlet e Java Data Bean. Annotazione della struttura dei database attraverso la creazione di file XML (con relativi DTD o Schemas). Queste conoscenze sono state potenziate e approfondite durante il corso Java Developer, sono inoltre state integrate con basi di web design e visualizzazione dei dati estratti da database.

Conoscenze teoriche e pratiche di biologia computazionale di base ed avanzata utilizzando metodi e software per:

- Simulazioni di:
 - o Dinamica molecolare
 - o "Molecular docking"
 - o "Protein structure prediction"
- Analisi delle sequenze delle strutture di anticorpi monoclonali chimerici

- Identificazione potenziali ligandi
- Identificazione potenziali siti attivi

Conoscenza delle maggiori banche dati genomiche e molecolari e relativi web services:

- NCBI (BLAST, ClinVar, GenBank, UniGene,...)
- EBI-EMBL
- SwissProt
- Uniprot
- OMIM (“Online Mendelian Inheritance in Man”)
- HGMD (“Human Genome Mutation Database”)
- dbSNP

Conoscenza dei principali concetti necessari per il trattamento delle informazioni provenienti dal sequenziamento di genomi, esomi e trascrittomi:

- Tecniche di sequenziamento
 - o Sanger, 454, Illumina, ecc...
- “De Novo and Reference Based Genome Assembly”
- “Reads mapping” (bowtie2, tophat2, hisat2, GATK)
- “Variant/Base calling”
- “Coverage analysis”
- Tecniche di analisi del genoma
 - o Ricerca SNPs, indels, traslocazioni, CNVs, trasposoni, geni noti e putativi
- Tecniche di base per l’interpretazione del genoma
- Comparazione dell’espressione genica di microArray con trascrittomi sequenziati mediante RNAseq

Conoscenza dei metodi di design dei gRNA da applicare a sistemi CRISPR/Cas:

- Chop-Chop,
- Optimized CRISPR design
- E-CRISPR design
- Metodi di valutazione degli “score” ottenuti per la scelta della sequenza migliore
- Analisi dei potenziali “off-target”

CONOSCENZE di WETLAB

Conoscenza delle principali metodiche biochimiche e di biologia molecolare (PCR, Western blot, binding assay, Real Time PCR, uso dei principali kit di estrazione del DNA) biologia cellulare, colture cellulari ed il loro trattamento. Conoscenza delle tecniche per lo svolgimento di saggi di infezione e produzione di pseudovirus. Conoscenza dei protocolli per Immunoistochimica e analisi citofluorimetrica. Conoscenza dei protocolli di trasfezione mediante elettroporazione o liposomi. Conoscenza teorica ed applicativa della tecnica di editing genomico basata sui sistemi CRISPR/Cas, in particolare quello basato sulla proteina Cas9.

CAPACITÀ E COMPETENZE SOCIO-ORGANIZZATIVE

Ottima capacità di lavorare in gruppo, problem solving, mediazione tra figure diverse con particolare enfasi alla mediazione tra laboratori biologici e informatici per favorire lo scambio e l'analisi delle informazioni in modo rapido ed efficiente, applicabili anche in diversi contesti scientifici, adattamento ad ambienti multiculturali.

Ai sensi del vigente articolo che regola il trattamento dei dati personali, do il consenso al trattamento dei dati contenuti nel documento.

Verona 13/05/2019

Lucas Moron Dalla Tor