

Federica Morelli

Sesso: Femminile **Nazionalità:** Italiana

ESPERIENZA LAVORATIVA

[30/10/2023 - 30/06/2024]

Tirocinio formativo

Sapienza Università di Roma

Città: Roma | **Paese:** Italia

Durante il tirocinio, che ha incluso lo sviluppo della tesi di laurea magistrale, ho svolto analisi computazionali di dati di Next- Generation Sequencing (NGS), con particolare riferimento a **bulk RNA Sequencing e Single-Cell RNA Sequencing** (scRNA- seq). Le attività hanno incluso il controllo qualità dei dati grezzi (FASTQ), l'allineamento al genoma di riferimento, l'analisi di espressione genica differenziale e lo studio dei lncRNA (long non-coding RNA) associati alla SLA. Ho inoltre interpretato i risultati funzionali per identificare i meccanismi patogenetici correlati alla progressione della SLA. Le analisi sono state eseguite utilizzando il linguaggio di **programmazione R** in ambiente **Linux**.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

[Attuale]

Master in Data Science

Start2Impact University <https://www.start2impact.it/master/>

Master in Data Science con focus su linguaggi di programmazione come Python e SQL, data visualization, machine learning e tecniche di predictive analytics per l'analisi avanzata dei dati e la costruzione di modelli predittivi.

[19/07/2024]

Laurea Magistrale in Bioinformatica | Classe LM-06

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

| **Voto finale:** 106

Descrizione del corso di laurea:

Il corso di laurea magistrale in Bioinformatica offre una formazione interdisciplinare per l'analisi e l'elaborazione di dati biologici complessi, integrando competenze avanzate in biologia, informatica e statistica. Il percorso si focalizza su dati genomici, trascrittomici, proteomici e di sequenziamento di nuova generazione, fornendo strumenti computazionali per la ricerca biomedica e biologica. Prevede inoltre lo sviluppo di competenze pratiche in linguaggi di programmazione come R, C e SQL, e nell'utilizzo di tecniche avanzate di bioinformatica e di intelligenza artificiale.

Esperienze Progettuali:

Database Relazionale "Ambulatorio Multidisciplinare per il trattamento della PsA"

Completamento di un progetto dedicato alla progettazione e realizzazione di un database relazionale per tracciare e gestire il percorso terapeutico dei pazienti affetti da Artrite Psoriasica presso un poliambulatorio multidisciplinare. Collaborazione in team per comprendere i requisiti e implementare soluzioni efficaci. Utilizzo di competenze in basi di dati, SQL e gestione dei dati per ottimizzare il sistema.

"BioSeqAnalyzer: Analyzing DNA Sequences and Taxonomic Classification" con Linguaggio Ruby

Sviluppo di un'applicazione in linguaggio Ruby per l'analisi di sequenze sconosciute e l'estrazione di informazioni rilevanti. Implementazione di classi e funzioni per una classificazione preliminare della sequenza. Il progetto ha previsto l'implementazione di analisi più dettagliate per una valutazione completa e accurata della sequenza in input formato FASTA.

Tesi di Laurea Magistrale:

“Studio dell’eterogeneità della popolazione oligodendrocitaria nella Sclerosi Laterale Amiotrofica tramite analisi single-cell RNA sequencing”

La tesi si concentra sull'analisi computazionale di **dati NGS** (Next-Generation Sequencing) tramite **single-cell RNA sequencing** (scRNA-seq) per studiare l’eterogeneità degli oligodendrociti nella Sclerosi Laterale Amiotrofica (SLA), una malattia neurodegenerativa caratterizzata dalla progressiva perdita dei motoneuroni. I dati analizzati provengono da campioni post-mortem di corteccia motoria primaria di pazienti affetti da SLA e di controlli patologicamente normali (PN).

L'analisi, condotta in **R** utilizzando il pacchetto Seurat, ha incluso il controllo qualità, la normalizzazione e l’analisi trascrittomica mirata alle cellule di interesse, ossia gli oligodendrociti. Sono stati identificati sette cluster distinti, e l’analisi differenziale ha evidenziato alterazioni in processi biologici fondamentali come la traduzione proteica, il folding proteico e la plasticità sinaptica. Inoltre, mediante il metodo Weighted Gene Correlation Network Analysis (WGCNA), sono stati individuati moduli genici funzionali chiave che sottolineano il ruolo cruciale degli oligodendrociti nei meccanismi patogenetici della SLA.

[23/07/2020]

Laurea Triennale in Scienze Biologiche | Classe L-13

Sapienza Università di Roma

| **Voto finale:** 96

Tesi di Laurea Triennale:

“Artrite Psoriasica e Terapie Emergenti: utilizzo degli inibitori JAK nel trattamento della malattia”

La tesi triennale ha analizzato il ruolo del pathway JAK/STAT nell’Artrite Psoriasica, valutando l’efficacia degli inibitori JAK come terapia innovativa per la gestione della malattia.

Dettaglio e descrizione

Processamento dei dati primari NGS:

Esperienza nella gestione e pre-elaborazione di dati NGS, incluse operazioni di controllo qualità (QC) con strumenti come **FastQC** e mappatura delle sequenze ai genomi di riferimento utilizzando **STAR**.

Bulk RNA-Seq:

Competenza nell'analisi differenziale dell'espressione genica da dati di sequenziamento RNA massivo.

Utilizzo dei pacchetti **edgeR** e **DESeq2** per normalizzazione dei dati, identificazione di geni differenzialmente espressi e visualizzazioni.

Single-Cell RNA-Seq (scRNA-seq):

Pre-elaborazione di dati scRNA-seq, incluso il controllo della qualità delle letture, normalizzazione e riduzione della dimensionalità con tecniche come **PCA**, t-SNE e UMAP.

Utilizzo di tool dedicati come **Seurat** per la gestione e l'analisi dei dati.

Pseudobulk:

Aggregazione di dati scRNA-seq ed esecuzione di analisi biologiche e funzionali attraverso approccio pseudobulk per identificare pathway e pattern di espressione significativi.

Network Biologici e Analisi Funzionali con Weighted Gene Correlation Network Analysis (WGCNA):

Creazione e interpretazione di **reti di co-espressione genica** per identificare moduli di geni correlati. Associazione di moduli a tratti fenotipici o clinici. Identificazione di **hub genes** e **pathway biologici** chiave.

Analisi Differenziale dell'Espressione Genica:

Identificazione di pattern di espressione associati a condizioni sperimentali o patologiche. Confronto tra cluster cellulari o condizioni in dati single-cell o bulk RNA-seq.

Analisi di Arricchimento Funzionale (Functional Enrichment Analysis):

Utilizzo di **GSEA** ed **EnrichR** per identificare pathway biologici significativamente arricchiti ed interpretare i risultati dell'analisi differenziale in termini funzionali e biologici.

Linguaggi di programmazione

- R
- Python
- Bash
- C
- SQL/MySQL

- HTML/CSS/PHP
 - Ruby
-

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel CV ai sensi dell'art. 13 d. lgs. 30 giugno 2003 n. 196 - "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 GDPR 679/16 - "Regolamento europeo sulla protezione dei dati personali".

Roma, 20/12/2024

\