

Incontro con ex-studenti della LM Bioinformatica***Verbale delle Parti Sociali***

Venerdì 10 Marzo 2023, presso l'aula "Anna Tramontano PP1", si è tenuto un incontro con gli ex studenti della LM in Bioinformatica dell'Università degli Studi di Roma "Tor Vergata".

La finalità dell'evento è stata quella di proporre agli studenti attualmente iscritti una panoramica sui molteplici possibili scenari di prosecuzione dello studio e professionali che il corso di studi offre, informandoli e stimolandoli ad una consapevole riflessione sulle scelte da praticare post-laurea per la propria carriera.

Organizzatore e mediatore dell'incontro è stato il Prof. Mattia Falconi, Coordinatore del Corso di Laurea Magistrale. La partecipazione all'evento è stata notevole: 12 relatori che hanno presentato l'ente di ricerca in cui lavorano, parlato della loro esperienza lavorativa e delle opportunità di impiego, alcuni anche in collegamento dall'estero.

L'aula Tramontano è piena e più di 30 studenti fuorisede sono collegati da remoto attraverso la piattaforma Microsoft Teams.

Il Professor Falconi ha aperto l'incontro salutando i presenti e riportando alcune statistiche sul corso di laurea in Bioinformatica: oltre 150 studenti attualmente iscritti nell'AA22/23, in costante aumento negli anni, con un tasso di occupazione vicino al 100% a 3 anni dalla laurea.

La figura professionale del Bioinformatico si conferma come una delle più richieste non solo a livello nazionale e la domanda supera l'offerta.

La parola passa ai relatori. Alla fine di ogni intervento gli studenti sono liberi di porre domande.

Dott.ssa Arianna Basile, postdoc, lecturer and demonstrator presso MRC Toxicology Unit, University of Cambridge.

L'unità di tossicologia presso il Medical Research Council si occupa di ricerche di tossicologia meccanicistica, in particolare si concentra sui nessi causali tra assunzione di farmaci e la loro efficacia o effetti collaterali. La Dott.ssa è nel team del Prof. Patil che conduce ricerche su interazioni tra farmaci e comunità microbiche intestinali, e applica metodologie 'computer based' allo studio della metagenomica. Il vantaggio di tale approccio risiede nella possibilità di osservare comunità microbiche direttamente nel loro ambiente, senza la necessità di isolarle. La tecnica non è priva di problematiche, tra le quali la comprensione delle influenze reciproche tra comunità batteriche in specifiche condizioni. Col fine di analizzare le dinamiche interne a tali comunità la Dott.ssa Basile ha

sviluppato una pipeline di 'flux balanced analysis' applicata alla metagenomica. Le comunità da lei simulate sono coinvolte nella digestione anaerobica o appartenenti alla flora intestinale, simili in quanto condividono: ambiente anaerobico, passaggio da sostanze alimentari complesse a semplici, ruolo chiave del metano e degli acidi grassi a catena corta. L'unica differenza risiede nell'interazione con l'ospite, non rilevante nella digestione anaerobica. In chiusura fa alcune considerazioni sulla vita accademica: l'importanza di un referente interessato e orientato alla crescita, la scelta di un luogo adatto al proprio stile di vita, legge del 'publish or perish', salari non sempre alti, instabilità lavorativa.

Dott. Valerio Bianchi, Bioinformatic Team Leader, Enza Zaden.

Dopo un breve riepilogo del suo percorso di studi descrive l'azienda in cui è impiegato. Enza Zaden produce semi di ortaggi per il mercato professionale, al momento 31 specie sul mercato, 3 nuove specie ogni settimana, con diversi tipi di resistenze e qualità. La vendita è diretta a grossi investitori. Massiccio investimento sul settore sviluppo e ricerca, circa il 30% del fatturato annuo. È la prima azienda in Olanda e la numero 4 nel mondo nel settore biotech di produzione di semi. Il Dott. Bianchi si dice molto soddisfatto e positivamente colpito dalla sua esperienza. Riveste il ruolo di Team Leader di un gruppo di Bioinformatici che ha un ruolo centrale in tutte le applicazioni del Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare dell'azienda: sviluppo di markers, nuove tecnologie di analisi dei prodotti sul mercato, analisi biochimiche (metabolomica). L'importanza della Bioinformatica sta convincendo gli apici aziendali a trasformarla in un Dipartimento a sé. Viene sottolineata nell'intervento la necessità di padroneggiare molteplici tools informatici, e di una conoscenza ad ampio raggio dei vari tipi di analisi bioinformatiche (analisi di strutture proteiche, trascrittomica, metabolomica, biologia dei sistemi). Approcciare lo studio delle piante con innovative tecniche ha diversi risvolti di interesse sociale e industriale: fonte di cibo, base per la produzione di nuovi farmaci, organismi modello eccellenti. Riferisce inoltre dei molti vantaggi di una carriera nel settore dell'industria: salario elevato, stabilità, orari definiti, lavoro in team.

Dott.ssa Denise D'Auria, Data Scientist presso Alkemy Milano.

Dall'intervento emerge la versatilità della preparazione del Bioinformatico, capace di occuparsi con successo anche di materie non strettamente biologiche. La Dott.ssa si occupa della gestione, analisi dati e implementazione di tools di Machine Learning, con lo scopo di elaborare modelli di business

per i clienti orientati alla loro crescita, basati sulle abitudini dei consumatori. I tools utilizzati sono SAS, Python, MySQL, R e altri.

Dott.ssa Rosa De Santis, PhD student in Computational and Quantitative biology all'Università Federico II di Napoli, istituto TIGEM (Telethon Institute of Genetics and Medicine).

Dottorato finanziato da Unione Europea con una parte svolta in un'azienda della fondazione Telethon. Obiettivo del TIGEM è lo studio dei meccanismi alla base delle malattie genetiche rare, che colpiscono circa 20.000 nuovi nati ogni anno in Italia, e sviluppare strategie preventive e terapeutiche. I Bioinformatici sono impiegati nel gruppo di Genomic Medicine e la Dott.ssa in particolare nel laboratorio di Integrative Genomics diretto dal Prof. Davide Cacchiarelli. Si occupa di analisi computazionale e interpretazione biologica di dati ottenuti da diversi approcci di sequencing (DNAseq, RNAseq, scRNAseq), riguardanti soprattutto cellule staminali e lo sviluppo di pipeline per il processamento di dati NGS, per lo screening di massa di varianti germinali su geni target, per analisi di dati ChIPseq. Descrive l'obiettivo del suo progetto di ricerca: la messa a punto di un approccio computazionale innovativo per l'analisi di varianti germinali che aumentano il rischio di alcuni tipi di tumori. Questo porterebbe a una riduzione dei costi e a una maggiore accessibilità dello strumento diagnostico, intercettando precocemente le predisposizioni. La pipeline per l'analisi dati fa uso del sequenziamento MGI (più economico rispetto a Illumina) e strumenti *open source*.

Dott. Domenico Di Fraia, PhD Student , Leibniz Institute on Aging, Fritz Lipmann Institute.

Entra in contatto con il suo supervisore grazie alla Prof.ssa Helmer Citterich e parte finanziato dai fondi del bando 'Torno Subito'. Studia fattori di rischio che promuovono l'invecchiamento precoce. Nel suo laboratorio si concentra sull'aging del cervello, facendo uso di tecniche di proteomica, rilevando le variazioni nel proteoma di un cervello in invecchiamento, e comparandolo con cervelli 'giovani e sani'. Come Bioinformatico è impiegato nell'interpretazione dei dataset omici con approccio computazionale, utilizza algoritmi per la predizione dei fattori di rischio che promuovono alterazioni del proteoma. Sottolinea l'importanza della formazione biologica acquisita nel corso di studi per dialogare con i Biologi e fornire interpretazioni bioinformatiche comprensibili a chi lavora in laboratorio.

Dott.ssa Vanessa Vera Fain, PhD Student Università Roma Tre e collaboratrice del Policlinico Militare Celio.

Opportunità nata dalla difficoltà durante la pandemia di svolgere esperienze all'estero. Si è occupata, nell'ambito della sicurezza epidemiologica nazionale e europea, dell'analisi dati di sequenziamento di SARS-COV 2 provenienti dal territorio italiano ed estero. Il progetto di dottorato si concentra sullo studio dell'effetto delle radiazioni non ionizzanti (1.6 Ghz, 2h, PW, come quelle del Wi-Fi) sull'uomo, con dati provenienti, grazie alla rete di sanità militare, da campioni emergenziali ottenuti da sorveglianza epidemiologica. Analisi mRNA-seq a diversi livelli di esposizione. Maggiori alterazioni dopo 24h. Ricerca ancora in corso sugli effetti. Scelti come modello cellulare i fibroblasti. Il network di laboratori militari permette di avere campioni sugli studi svolti nell'intera rete laboratoriale. Questo consente di fare ricerca su molteplici campi (es. Monkeypox, monitoraggio influenza negli anni, igiene delle acque, sicurezza alimentare, sviluppo protesi robotiche). I dati ottenuti vengono passati al Dipartimento di Bioinformatica. Come progetto parallelo la Dott.ssa ricostruisce la storia della domesticazione del pomodoro in collaborazione con il suo gruppo di ricerca di tesi magistrale.

Dott. Federico Iacovelli, RTD/b Dipartimento di Biologia, Università di Roma Tor Vergata.

Testimonia un percorso accademico per i Bioinformatici. Elenca le varie esperienze nella ricerca da lui svolte post dottorato, soffermandosi su aspetti utili agli studenti per la formazione e scelte orientate a questo percorso professionale. Dal 2016 al 2021 riesce ad ottenere assegni di ricerca con dei progetti presentati e finanziati da vari enti: GARR (Gruppo Armonizzazione Rete della Ricerca), Università Tor Vergata, AIRC. Nel 2021 ottiene l'abilitazione ANVUR alle funzioni di Professore universitario. Vince poi il concorso a Tor vergata come RRT/b, che dopo 3 anni, a seguito di valutazione positiva, si converte in Professore Associato. Riflessione sulla recente riforma universitaria che introduce una figura unica del ricercatore, in tenure track, fissando dei tempi limite (6 anni) per la carriera accademica, evitando prolungati periodi di instabilità per il lavoratore.

Dott. Patrizio Lattanzio, System Administrator presso il Gruppo Olivetti.

Dopo la laurea segue un Corso di alta formazione in collaborazione tra Olivetti e il Politecnico di Torino incentrato sulle tecnologie dell'Internet of Things e strategie per la valorizzazione dei dati. L'Olivetti negli ultimi anni è stata acquisita da Tim e ha investito molto sulle nuove tecnologie IoT (es. sviluppo sensoristica). Il sysadmin si occupa del 'backend' dell'infrastruttura informatica aziendale: manutenzione, sicurezza di sistemi informatici e network, gestione account utenti, creazione di reportistica. Ancora una rilevante esperienza delle potenzialità del Bioinformatico.

Dott. Gabriele Macari, Bioinformatic scientist presso GenomeUp.

GenomeUp è una PMI che si occupa di medicina personalizzata e supporto alla diagnostica. Lo scopo è la generazione di referti per efficientare la diagnosi dei medici. Elaborata una piattaforma web, JuliaOmix, divisa in 3 moduli: elenco esami disponibili, tracking del campione nel laboratorio, e i risultati da analizzare. Il Dott. Macari si occupa di implementare e gestire le pipeline di analisi. L'automazione in diagnostica è fondamentale per velocizzare e migliorare la cura dei pazienti, efficientare i processi di laboratorio e fornire conoscenze per la prevenzione sanitaria.

Dott.ssa Giulia Orlandi, Ricercatore sanitario presso laboratorio di Ricerca Traslazionale Oncologica.

La sua ricerca si occupa di studiare i processi di sviluppo tumorale, con particolare attenzione rivolta a oncogeni e oncosoppressori, e ottenere da questi studi terapie geniche applicate per sostituzione di geni difettosi. Nell'ultimo periodo, racconta la Dott.ssa, si è concentrata su analisi bioinformatica di dati provenienti da Whole Exome Sequencing, e grazie a una pipeline di analisi, riesce a distinguere, in una fase denominata 'chiamata di varianti', mutazioni germinali e somatiche (l'accumulo delle quali costituisce fattore di rischio per insorgenza di tumori). Come Bioinformatico riesce quindi a fornire un report relativo alle mutazioni identificate per ciascun paziente, con un gran numero di informazioni per ciascuna mutazione (tipo, localizzazione, valore TIER che ne indica la rilevanza clinica).

Dott. Luca Parca, Ricercatore presso Agenzia Spaziale Italiana.

Stila un interessante elenco dei pro e contro di ogni periodo della sua formazione, senza tralasciare il lato umano. Post-doc all'EMBL, lavora su modifiche post traduzionali e interazioni proteina-proteina. Ambiente competitivo, numero di posti stabili disponibili ridotto. Decide di tornare a Roma per scelta personale e iniziare un postdoc a Tor Vergata. Dal 2021 ricercatore a tempo indeterminato presso ASI, ambiente altamente multidisciplinare, ricoprendo un ruolo di project manager: gestione di contratti industriali, astronauti ed esperimenti associati, rappresentante ASI in diversi board NASA, divulgazione risultati.

Dott.ssa Alessia Piergentili, PhD in Biologia Computazionale, Institute of Neurosciences and Medicine (INM), Julich.

Tesi magistrale di Bioinformatica Strutturale presso ENEA. Consiglia la stesura di una lettera di presentazione per proporre la propria candidatura. Viene ancora una volta sottolineata l'esigenza dello studente all'estero di scegliere una sede non troppo distante da un aeroporto per tornare rapidamente in Italia, anche per brevi periodi. Richieste molte pratiche burocratiche per l'iscrizione all'Università in Germania ma i salari sono generalmente alti. L'istituto di Julich possiede il supercomputer più potente in Germania. Uno dei suoi ruoli è creare modelli digitali dei pazienti, monitorandone lo stato patologico, e comprendere il meccanismo molecolare delle patologie, collaborando con gli ospedali. Si concentra in particolare su aspetti della Bioinformatica Strutturale.