Flavio Mignone

Curriculum vitae

CURRICULUM VITAE ET STUDIORUM

Professore Associato in Biologia Molecolare presso il Dipartimento di Scienze e Innovazione Tecnologica (DISIT). Laurea Magistrale in Scienze Biologiche, Laurea in Ingegneria Informatica, dottorato in Biologia Cellulare e Molecolare. E' stato Marie Curie Fellow presso l'Eropean Bioinformatics Institute (Hinxton – UK).

Dal 2006 si interessa allo sviluppo di sistemi automatici per la gestione, analisi e presentazione di dati ottenuti da metodiche definite "high throughput" quali microarray e Next Generation Sequencing. L'obiettivo principale è la messa a punto di strumenti bioinformatici che offrano un effettivo supporto alla systems biolgy e alla diagnostica molecolare.

CARRIERA ACCADEMICA

2016-	Professore associato, Università del Piemonte Orientale
2011-2016	Ricercatore, Università del Piemonte Orientale
2006-2011	Ricercatore, Università degli Studi di Milano
2004-2006	Assegnista di ricerca, Università degli Studi di Milano

INCARICHI ACCADEMICI

2014-	Coordinatore attività formative Laurea in Scienze Biologiche e LM Biologia
2014-	Membro del gruppo di gestione AQ dei corsi di Laurea in Scienze Biologiche e
	LM Biologia
2016-	Membro del gruppo del riesame per la ricerca di Dipartimento

INCARICHI SCIENTIFICI

CAMPI DI INDAGINE DELLA RICERCA

- 1. Bioinformatica
- 2. Next Generation Sequencing

TEMI CORRENTI DI RICERCA

1. Sistemi di analisi per dati high throughput

Il principale interesse di ricerca è rivolto alla realizzazione di sistemi automatici per la gestione analisi e presentazione di dati ottenuti da metodiche definite "high throughput" quali microarray e

Next Generation Sequencing. L'obiettivo principale è la messa a punto di strumenti bioinformatici che offrano un effettivo supporto alla systems biolgy (con particolare riferimento a tematiche ambientali ed eco-tossicologiche) ed alla diagnostica molecolare.

2. Studio delle UTR e splicing alternativo

Studio del ruolo delle Untranslated Regions - UTR - nella regolazione genica e alla predizione in silico dello splicing alternativo.

3. Sviluppo di algoritmi per la bioinformatica

Sviluppo di algoritmi per l'assemblaggio di trascritti de-novo a partire da dati ottenuti mediante NGS

LE CINQUE PUBBLICAZIONI PIÙ SIGNIFICATIVE DELLA CARRIERA

- 1: Patrucco L, Peano C, Chiesa A, Guida F, Luisi I, Boria I, Mignone F, De Bellis G, Zucchelli S, Gustincich S, Santoro C, Sblattero D, Cotella D. Identification of novel proteins binding the AU-rich element of α-prothymosin mRNA through the selection of open reading frames (RIDome). RNA Biol. 2015;12(12):1289-300. doi: 10.1080/15476286.2015.1107702. PubMed PMID: 26512911; PubMed Central PMCID: PMC4829324.
- 2: Minucci A, Scambia G, Santonocito C, Concolino P, Canu G, Mignone F, Saggese I, Guarino D, Costella A, Molinario R, De Bonis M, Ferrandina G, Petrillo M, Scaglione GL, Capoluongo E. Clinical impact on ovarian cancer patients of massive parallel sequencing for BRCA mutation detection: the experience at Gemelli hospital and a literature review. Expert Rev Mol Diagn. 2015;15(10):1383-403. doi: 10.1586/14737159.2015.1081059. Epub 2015 Aug 26. PubMed PMID: 26306726.
- 3: Landini MM, Borgogna C, Peretti A, Doorbar J, Griffin H, Mignone F, Lai A, Urbinati L, Matteelli A, Gariglio M, De Andrea M. Identification of the skin virome in a boy with widespread human papillomavirus-2-positive warts that completely regressed after administration of tetravalent human papillomavirus

vaccine. Br J Dermatol. 2015 Aug;173(2):597-600. doi: 10.1111/bjd.13707. Epub 2015 Jun 25. PubMed PMID: 25639663.

4: Boria I, Boatti L, Saggese I, Mignone F. NGS-Trex: an automatic analysis workflow for RNA-Seq data. Methods Mol Biol. 2015;1269:243-56. doi: 10.1007/978-1-4939-2291-8_15. PubMed PMID: 25577383.

5: Boria I, Boatti L, Pesole G, Mignone F. NGS-Trex: Next Generation Sequencing
Transcriptome profile explorer. BMC Bioinformatics. 2013;14 Suppl 7:S10. doi:
10.1186/1471-2105-14-S7-S10. Epub 2013 Apr 22. PubMed PMID: 23815181; PubMed
Central PMCID: PMC3633008.