

**CURRICULUM VITAE
FRANCESCO FAVERO**

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome	FAVERO FRANCESCO
Residenza	PIAZZA VITTORIO EMANUELE II N°2, VARALLO (VC), ITALIA
Telefono	3400859645
E-mail	francesco.favero@med.uniupo.it
Nazionalità	Italiana
Data di nascita	19/12/1990
Patente di guida	B
Stato civile	Celibe
Stato	Invalido civile, percentuale di invalidità 100%

INDIRIZZO DI LAVORO

Università del Piemonte Orientale
Dipartimento di Medicina Traslazionale
CAAD - Center for translational research on Autoimmune and Allergic Disease
Bioinformatics unit

Corso Trieste 15/A, Novara
CAP 28100
Numero di telefono ufficio: 0321 660841

ESPERIENZE LAVORATIVE

• 01/03/2019 – Oggi

- Servizio presso l'unità di bioinformatica presso il CAAD, centro di ricerca interdipartimentale dell'Università del Piemonte Orientale con il compito di interagire con diversi gruppi di ricerca per analizzare vari tipi di dati NGS; in particolare ho sviluppato, perfezionato ed automatizzato diversi workflow per l'analisi dati di primo livello e ho svolto diverse analisi di secondo livello necessarie a finalizzare il lavoro dei diversi progetti di ricerca.

• Secondo Semestre anno accademico 2020/2021 e 2021/2022

- Docente a contratto presso l'Università del Piemonte Orientale per l'insegnamento del corso "Metagenomics" (BIO/18, 12 ore di lezione, 2 CFU) facente parte del corso integrato "Structural Genomics" per il corso di laurea specialistica in lingua inglese "Medical Biotechnologies".

Il corso, in lingua inglese, tratta delle tecniche e metodologie di analisi dati per lo studio del metagenoma, in particolare da esperimenti di Whole Metagenomics Shotgun e sequenziamento 16S tramite tecnologia NGS.

• 01/03/2021 – 30/06/2022

- Borsa di studio per addestramento e perfezionamento alla ricerca post dottorato presso il Dipartimento di Medicina Traslazione dell'Università del Piemonte Orientale della durata di 12 mesi dal titolo "Effetti dei metaboliti della vitamina D sull'omeostasi del muscolo scheletrico". Responsabile Scientifico Prof.ssa N. Filigheddu.

In questo progetto il mio ruolo è quello di analizzare i dati di un esperimento di RNA-Seq in cellule murine di muscolo scheletrico trattate con metaboliti della vitamina D e BDNF, e sequenziate a diversi timepoints per comprendere quali geni siano modulati nel tempo, sul muscolo scheletrico, dai diversi metaboliti in particolare nell'insorgenza di sarcopenia, e per accertare potenziali approcci terapeutici. Mi sto occupando di tutta l'analisi bioinformatica sia primaria che secondaria del dato di RNA-Seq.

• 03/02/2020 – 03/02/2021

- Assegnista di ricerca presso il Dipartimento di Scienze della Salute dell'Università del Piemonte Orientale. Titolo dell'assegno di ricerca: "Setup e utilizzo di una pipeline bioinformatica di analisi dati metagenomica per lo studio del microbiota in un modello murino di Alzheimer (Progetto Eccellenza FOHN: MiFoMAD)". Durata 12 mesi. Responsabile Scientifico Prof. U. Dianzani e Prof. D. Corà.

In questo progetto mi sono occupato dell'analisi dati di un esperimento di metagenomica 16S svolto su un modello murino di Alzheimer. Lo studio è consistito nel caratterizzare il metagenoma intestinale batterico di topi 3xTg (modello murino di Alzheimer) tramite sequenziamento 16S di materiale fecale a diversi timepoints, dallo svezzamento fino a sei mesi, e di valutare le differenze rispetto al metagenoma di topi SPF wild-type. In questo progetto il mio ruolo è consistito nell'analisi bioinformatica di primo e secondo livello dei dati di metagenomica 16S.

• 17/06/2019 – 16/12/2019

- Borsa di studio per addestramento e perfezionamento alla ricerca post-dottorato presso il Dipartimento di Scienze e Innovazione Tecnologica dell'Università del Piemonte Orientale della durata di 6 mesi relativa al progetto "Sviluppo di un workflow di analisi bioinformatica per esomi clinici". Responsabile Scientifico Prof. F. Mignone.

Durante questo progetto ho analizzato datasets di varianti germinali del genoma umano, attraverso l'uso di software di variant calling (GATK), annotandole successivamente attraverso l'uso di più software di annotazione (Annovar e VEP), integrandone i risultati.

• Novembre 2015 - 18/02/2019

Dottorato di ricerca in Scienze e Biotecnologie mediche presso Università del Piemonte Orientale. Supervisore Prof. U. Dianzani e Prof. F. Mignone. Titolo della tesi: "*Development of two new approaches for NGS data analysis of DNA and RNA molecules and their application in clinical and research fields*". Durata legale anni 3.

Durante la mia esperienza di dottorato ho lavorato in ambito bioinformatico sulla messa a punto di un software di variant calling per la chiamata di varianti somatiche in campioni di cancro derivati da pazienti, ottimizzandone i parametri e lavorando sulle simulazioni dei dati atte a validare il software stesso. Ho svolto poi un lavoro sulla messa a punto di un software di ricostruzione *de novo assembly* di trascritti per ricerca in ambito di metatrascrittomica.

• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

Università del Piemonte Orientale

• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

- Studio ed implementazione di un sistema di variant calling custom, capace di distinguere da un'analisi su singolo campione le varianti somatiche dal rumore di fondo di un sequenziamento NGS amplicon based a scopo diagnostico.

- Studio ed implementazione di un software di metatrascrittomica *de novo assembly*, collegato ad un modulo di flux-balance analysis per lo studio della variazione di flussi metabolici.

• Qualifica conseguita

Dottorato di Ricerca (PhD), conseguito il 18/02/19 presso Università del Piemonte Orientale.

SINTESI INTERESSI DI RICERCA

Il mio principale ambito di interesse di ricerca e sviluppo consiste nello **sviluppare pipeline e software per l'analisi di dati di NGS**. In particolare negli ultimi anni ho lavorato come ricercatore post-doc nell'unità di bioinformatica presso il Center for Translational Research on Autoimmune & Allergic Diseases (CAAD) e mi sono occupato dell'analisi di primo e secondo livello di dati di sequenziamento NGS provenienti da esperimenti di RNA-Seq, da esperimenti di metagenomica shotgun e metagenomica 16S, e whole exome sequencing.

In particolare, mi sono occupato dell'implementazione di una **pipeline completa di analisi dati di tipo RNA-Seq**, implementando su un server del centro CAAD un workflow in grado di finalizzare il primo step di analisi del dato restituendo in output una matrice con i dati di espressione di ciascun gene e ciascun trascritto annotato in un genoma di riferimento a partire dai file Fastq dei vari campioni. Di questi progetti mi sono poi occupato anche dell'analisi di secondo livello principalmente volta alla definizione funzionale di geni e pathway rilevanti nei vari esperimenti di RNA-Seq, in collaborazione con vari gruppi di ricerca.

Inoltre ho progettato una **pipeline per l'analisi di dati di sequenziamento di metagenomica shotgun** atta a ricostruire il proteoma batterico, partendo da dati di sequenziamento dell'intero metagenoma da campioni differenti; in particolare ho costruito e automatizzato una pipeline in grado di ricostruire il metagenoma di una comunità batterica, o di un singolo batterio, a partire dai dati di sequenziamento, e successivamente, oltre a valutare la bontà della ricostruzione, predire i geni e le proteine del (meta)genoma ricostruito e di annotarne funzionalmente le proteine; ho testato questa pipeline su un dataset pubblico di dati di metagenomica shotgun da campioni di feci di pazienti affetti da morbo di Parkinson.

Ho inoltre partecipato allo studio del microbiota in un modello murino di Alzheimer e dell'impatto della malattia sul microbiota stesso, tramite **analisi dati di sequenziamento 16S**. Sono interessato inoltre allo studio del metatrascrittoma batterico e allo studio delle varianti somatiche del cancro in ambito diagnostico e di ricerca.

Ho inoltre collaborato all'analisi di alcuni pannelli di **whole exome sequencing**, studiando ed annotando le singole varianti con un software di machine learning (SpliceAI) focalizzandomi sul loro potenziale effetto sul meccanismo di splicing alternativo.

- **Principali progetti attualmente in corso**

a) Valutazione dell'effetto indotto sull'espressione genica di due diverse molecole costimolatorie (CD28, ICOS) tramite RNA-Seq condotto su cellule di linfociti T. L'obiettivo è quello di caratterizzare l'effetto della costimolazione di ICOS sulla modulazione genica dei linfociti T rispetto alla molecola costimolatoria maggiormente caratterizzata in letteratura, cioè CD28 (collaborazione con gruppo di Immunologia, prof. U. Dianzani).

b) Ricostruzione di genomi batterici sequenziati tramite piattaforma Illumina MiSeq da batteri isolati, e loro ricostruzione e caratterizzazione del relativo proteoma. Una prima applicazione di questo studio è stata quella di caratterizzare una specie batterica di interesse agronomico, di cui si sta finalizzando lo studio; l'obiettivo futuro è quello di sequenziare alcuni batteri che potrebbero avere una rilevanza di interesse clinico poiché ritrovati in ambienti ospedalieri, e di valutare soprattutto la presenza di alcuni geni che potrebbero indurre la farmacoresistenza (collaborazione con gruppo di Microbiologia, prof.ssa Bona).

c) Analisi di dati di metagenomica 16S relativa al progetto di eccellenza FOHN per lo studio del ruolo del microbiota nella patogenesi del morbo di Alzheimer; in questo studio sono stati raccolti e sottoposti a sequenziamento 16S alcuni campioni di materiale fecale di topi 3xTg (modello murino di Alzheimer), e altrettanti campioni di topi sani a diversi timepoints (svezzamento, 3 mesi e 6 mesi). Sto attualmente analizzando il dataset al fine di valutare quali siano le principali OTUs associate al fenotipo malato e la loro modulazione nel tempo rispetto al fenotipo sano (collaborazione con gruppo di biologia applicata, prof. Corazzari).

d) Studio della modulazione genica indotta dall'infezione di citomegalovirus su una linea cellulare renale wild-type e una linea cellulare renale tumorale tramite RNA-Seq. L'obiettivo è quello di valutare l'impatto dell'infezione da citomegalovirus sul trascrittoma delle due linee cellulari

(collaborazione con gruppo di Virologia, prof.ssa Gariglio).

e) Studio dell'effetto del trattamento con vitamina D binding protein di cellule murine di muscolo scheletrico a diversi timepoints, 3,6,9,18,24 ore, tramite RNA-Seq. L'obiettivo è quello di investigare a livello funzionale la risposta trascrittomica indotta dalla molecola di vitamin D binding protein sul fenomeno dell'atrofia muscolare (collaborazione con gruppo prof.ssa Filigheddu).

f) studio dell'effetto di varianti esoniche tramite l'utilizzo di algoritmi di machine learning (SpliceAI) per la predizione di effetti di alterazioni sul meccanismo di splicing a partire da dati di whole exome e whole genome sequencing (collaborazione con gruppo prof.ssa D'Alfonso)

PUBBLICAZIONI

- Pubblicazioni su riviste internazionali indicizzate su WoS o Scopus

1) Barizzone N, Cagliani R, Basagni C, Clarelli F, Mendozzi L, Agliardi C, Forni D, Tosi M, Mascia E, **Favero F**, Corà D, Corrado L, Sorosina M, Esposito F, Zuccalà M, Vecchio D, Liguori M, Comi C, Comi G, Martinelli V, Filippi M, Leone M, Martinelli-Boneschi F, Caputo D, Sironi M, Guerini FR, D'Alfonso S. An Investigation of the Role of Common and Rare Variants in a Large Italian Multiplex Family of Multiple Sclerosis Patients. *Genes (Basel)*. 2021 Oct 13;12(10):1607. doi: 10.3390/genes12101607. PMID: 34681001; PMCID: PMC8535321.

2) Saggese I, Bona E, Conway M, **Favero F**, Ladetto M, Liò P, Manzini G, Mignone F. STABLE: a novel approach to de novo assembly of RNA-seq data and its application in a metabolic model network based metatranscriptomic workflow. *BMC Bioinformatics*. 2018 Jul 9;19(Suppl 7):184. doi: 10.1186/s12859-018-2174-6. PMID: 30066630; PMCID: PMC6069750.

3) Clemente N, Raineri D, Cappellano G, Boggio E, **Favero F**, Soluri MF, Dianzani C, Comi C, Dianzani U, Chiochetti A. Osteopontin Bridging Innate and Adaptive Immunity in Autoimmune Diseases. *J Immunol Res*. 2016;2016:7675437. doi: 10.1155/2016/7675437. Epub 2016 Dec 20. PMID: 28097158; PMCID: PMC5206443.

4) Antona A, Varalda M, Roy K, **Favero F**, Mazzucco E, Zuccalà M, Leo G, Soggia G, Bettio V, Tosi M, Gaggianesi M, Riva B, Reano S, Genazzani A, Manfredi M, Stassi G, Corà D, D'Alfonso S, Capello D. Dissecting the Mechanism of Action of Spiperone-A Candidate for Drug Repurposing for Colorectal Cancer. *Cancers (Basel)*. 2022 Feb 2;14(3):776. doi: 10.3390/cancers14030776. PMID: 35159043; PMCID: PMC8834219.

5) Novello, G.; Gamalero, E.; Massa, N.; Cesaro, P.; Lingua, G.; Todeschini, V.; Caramaschi, A.; **Favero, F.**; Corà, D.; Manfredi, M.; Marengo, E.; Pelagi, M.; Pangaro, L.; Caffiero, G.; Milano, F.; Bona, E. Proteome and Physiological Characterization of Halotolerant Nodule Endophytes: The Case of *Rahnella aquatilis* and *Serratia plymuthica*. *Microorganisms* 2022, 10, 890. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050890>.

- Preprint

1) **Favero, F.**; Barberis, E.; Gagliardi, M.; Espinoza, S.; Contu, L.; Gunstincich, S.; Boccafoschi, F.; Borsotti, C.; Lim, D.; Rubino, V.; Mignone, F.; Pasolli, E.; Manfredi, M.; Zucchelli, S.; Corà, D.; Corazzari, M. A Metabologenomic Approach Reveals Alterations in the Gut Microbiota of a Mouse model of Alzheimer's Disease. *Preprint*.

- Abstracts

1) Title: Identification of new variants in amyotrophic lateral sclerosis patients by whole genome sequencing data.

Author(s): Corrado, L; Croce, R; Barizzone, N; Di Piero, A; Genovese, LM; Geraci, F; Mangano, E; D'Aurizio, R; Bordoni, R; Cora, D; **Favero, F**; De Marchi, F; De Bellis, G; Manzini, G; Severgnini, M; Pellegrini, M; Mazzini, L ; D'Alfonso, S

Source: EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS Meeting Abstract: P09.155.C Volume: 28 Issue: SUPPL 1 Pages: 422-423 Supplement: 1 Published: DEC 2020

Accession Number: WOS:000598482601336
ISSN: 1018-4813, eISSN: 1476-5438

2) Title: Evaluation of the prognostic value of innate immunity-related biomarkers in early breast cancer (BC).

Author(s): Martini, V; D'Avanzo, F; Platini, F; Allesina, M; **Favero, F**; Cora, D; Rua, A; Saggia, C; Rossi, V; Varughese, FM; Maggiora, PM; Ferrante, D; Boldorini, R; Gennari, A

Source: ANNALS OF ONCOLOGY Meeting Abstract: 38P Volume: 31 Pages: S1255-S1255
DOI: 10.1016/j.annonc.2020.10.058 Supplement: 6 Published: NOV 2020

Accession Number: WOS:000600988900039
Conference Title: ESMO Asia Virtual Congress
Conference Date: NOV 20-22, 2020.
Conference Location: ELECTR NETWORK.Conference Sponsors: European Soc Med Oncol
ISSN: 0923-7534, eISSN: 1569-8041

3) Title: mRNA expression level and prognostic significance of different immune-related biomarkers in early breast cancer.

Author(s): Martini, V; **Favero, F**; Cora, D; Varughese, F; Sica, A; Gennari, A

Source: CANCER RESEARCH Meeting Abstract: P3-05-09 Volume: 80 Issue: 4 DOI: 10.1158/1538-7445.SABCS19-P3-05-09 Supplement: S Published: FEB 2020

Accession Number: WOS:000527012501280
Conference Title: San Antonio Breast Cancer Symposium
Conference Date: DEC 10-14, 2019.
Conference Location: San Antonio, TX
ISSN: 0008-5472, eISSN: 1538-7445

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

• 15/07/2015

Laurea Magistrale in Biotecnologie Mediche con votazione 110/110.

Titolo della tesi: *"Potenziamento dell'attività della doxorubicina mediante incapsulamento in nanopugne di β -ciclodestrine"*.

Relatore: Prof. Umberto Dianzani

• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

Università del Piemonte Orientale

• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

Conoscenza delle principali tecniche di biologia cellulare e biologia molecolare: colture cellulari, PCR, Western blot, ELISA, clonaggi ed esperimenti in vivo.

• Qualifica conseguita

Laurea in Magistrale Biotecnologie Mediche

• 14/10/2013

Laurea in Biotecnologie conseguita il 14/10/13 con votazione 106/110.

Titolo della tesi: "Sviluppo e caratterizzazione di una piattaforma di nanoparticelle per il loro utilizzo in protocolli di vaccinazione inversa per il trattamento di malattie autoimmuni".

Relatore: Prof. Umberto Dianzani

• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

Università del Piemonte Orientale

• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

Conoscenze di genetica, biologia cellulare, biologia molecolare, biotecnologie applicate e patologia.

• 2010

Maturità Classica

• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

Istituto Superiore d'Adda

**CAPACITÀ E COMPETENZE
PERSONALI**

MADRELINGUA Italiano

ALTRE LINGUE

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale

INGLESE

buono

buono

buono

**CAPACITÀ E COMPETENZE
RELAZIONALI**

- Buona propensione a comunicare, lavorare e a rapportarsi con team multiculturali, sviluppata nell'ambiente multiculturale dell'Università del Piemonte Orientale.

**CAPACITÀ E COMPETENZE
TECNICHE**

- Ottima conoscenza dei sistemi operativi Linux, Windows
- Ottima conoscenza del pacchetto R.
- Ottima conoscenza del linguaggio di programmazione Perl.
- Capacità di organizzare e automatizzare l'analisi di big data.
- Buona conoscenza del pacchetto Office.

- Utilizzo dei principali strumenti bioinformatici per l'analisi dati di sequenziamento NGS come:

- Allineatori (STAR, bowtie2, BLAST)
- Formati di file NGS standard: Fastq, Fasta, Bam, Sam, Vcf, Bed).
- Software di controllo qualità, filtraggio e trimming di reads (Fastqc, cutadapt).
- Conoscenza dei principali tool per il riassemblaggio di genomi e metagenomi (SPAdes, metaSPAdes, Metaphlan2, CheckM, Mash).
- Conoscenza dei principali software di variant calling di varianti germline e somatiche (GATK, Mutect2, VarScan2).
- Conoscenza dei principali software per l'analisi dati RNA-Seq (RSEM).
- Conoscenza dei principali software per l'annotazione di varianti (Annovar, VEP).
- Conoscenza di software per l'annotazione di varianti di splicing (SpliceAI)
- Conoscenza dei principali database di risorse bioinformatiche (UCSC, Ensembl, SRA).
- Conoscenza di software di predizione e annotazione proteica, in particolare da batteri (Prodigal, Interproscan, Egglog).
- Conoscenza di software per l'analisi dati di 16S sequencing (QIIME 2).
- Utilizzo dei principali software per l'analisi di dati di Chip-Seq (Homer).
- Software di simulazione dati NGS (ART).
- Conoscenza di software per l'analisi dati di microRNA-Seq (Mirdeep2)

- Capacità di sviluppo di algoritmi custom per l'analisi dati NGS.

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del decreto legislativo 30 Giugno 2003, n. 196 "codice in materia di protezione dei dati personali". Dichiaro che tutte le informazioni riportate nel presente documento sono veritiere e rese ai sensi degli artt. 46/47 del D.P.R. 445/2000.

DATA e FIRMA

04/05/2022

