

Marco Ferilli

Data di nascita: 27/08/1996 | **Nazionalità:** Italiana | (+39) 3398533391 | marco.ferilli96@gmail.com |

Strada di Morgnano 3, 05100, Terni, Italia

Presentazione:
BIOINFORMATICO

● ESPERIENZA LAVORATIVA

ATTUALE – Roma, Italia

DOTTORATO DI RICERCA IN DATA SCIENCE – SAPIENZA UNIVERSITÀ DI ROMA

01/05/2021 – ATTUALE – Roma, Italia

COLLABORATORE DI RICERCA – OSPEDALE PEDIATRICO BAMBINO GESÙ

Analisi bioinformatiche e acquisizione di nuove competenze nella gestione e interpretazione di dati:

- Whole Genome Sequencing (WGS)
- Whole Exome Sequencing (WES)
- DNA methylation (DNAm)
- RNA sequencing (RNA-Seq)

Apprendimento di algoritmi di machine learning, utilizzando il linguaggio di programmazione python e R, per la classificazione e interpretazione di dati DNAm nel campo della Genetica delle malattie rare.

06/04/2020 – 10/01/2021 – Roma, Italia

TIROCINANTE – UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI ROMA TOR VERGATA

Tesi sperimentale: «CARATTERIZZAZIONE GENOMICA E TRASCRITTOMICA DELLA RISPOSTA ALLO STRESS IDRICO IN *Populus nigra*».

Miglioramento e acquisizione di nuove competenze nel campo della bioinformatica:

- Analisi ed interpretazione di dati di Next Generation Sequencing (WGS/GBS, RNA-Seq)
- Analisi e mappaggio eQTL
- Analisi network di co-espressione genica (WGCNA)
- Analisi statistiche

02/07/2018 – 24/09/2018 – Terni, Italia

TIROCINANTE – AZIENDA OSPEDALIERA SANTA MARIA DI TERNI

DIPARTIMENTO DI DIAGNOSTICA DI LABORATORIO ED IMMUNOTRASFUSIONALE.

Analisi HIV, epatite B e C, Coagulazione del sangue, virologia e parassitologia

26/02/2018 – 28/05/2018 – Viterbo, Italia

TIROCINANTE – UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DELLA TUSCIA

Tesi sperimentale: «ANALISI METATRASCRITTOMICA PER LA CARATTERIZZAZIONE DI MICRORGANISMI CELLULOLITICI DEL MICROBIOMA DEL MANZO».

Acquisizione di capacità analitiche in campo Biotecnologico, Agrario e Bioinformatico.

Applicazione di strumenti bioinformatici per effettuare:

- analisi esplorativa del dato RNA-Seq
- assemblaggio De-Novo del trascrittoma e annotazione
- allineamento di sequenze
- analisi di arricchimento Gene Ontology (GO)
- ricerche nei database.

● ISTRUZIONE E FORMAZIONE

15/10/2018 – 12/03/2021 – Roma, Italia

LAUREA MAGISTRALE IN BIOINFORMATICA – Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Indirizzo Via della Ricerca Scientifica, 1, Roma, Italia

13/10/2015 – 27/09/2018 – Viterbo, Italia

LAUREA TRIENNALE IN BIOTECNOLOGIE – Università degli Studi della Tuscia

Indirizzo Via S.M. in Gradi n.4, Viterbo, Italia

● COMPETENZE LINGUISTICHE

Lingua madre: **ITALIANO**

Altre lingue:

	COMPRESIONE		ESPRESSIONE ORALE		SCRITTURA
	Ascolto	Lettura	Produzione orale	Interazione orale	
INGLESE	B2	B2	B2	B2	B2

Livelli: A1 e A2: Livello elementare B1 e B2: Livello intermedio C1 e C2: Livello avanzato

● COMPETENZE DIGITALI

Le mie competenze digitali

Sistemi operativi Windows, Linux, Macintosh | R/R Studio/ R Markdown | Shell Linux | Microsoft Office | Programmazione: conoscenza base di Python e delle principali librerie NumPy, Pandas e Matplotlib | Conoscenza dei principali algoritmi di Machine Learning

● PUBBLICAZIONI

Adult-onset KMT2B-related dystonia

<https://doi.org/10.1093/braincomms/fcac276>
2022

Functional correlation of genome-wide DNA methylation profiles in genetic neurodevelopmental disorders

PMID: 35904121
<https://doi.org/10.1002/humu.24446> – 2022

Expanding the molecular spectrum of pathogenic SHOC2 variants underlying Mazzanti syndrome

PMID: 35348676
<https://doi.org/10.1093/hmg/ddac071> – 2022

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".

10/11/2022