

INFORMAZIONI PERSONALI

Pallocca Matteo

✉ matteo.pallocca@gmail.com

Sesso Maschile | Nazionalità Italiana

ESPERIENZA
PROFESSIONALE

2006–2017

Consulente nel campo dello sviluppo web e software

Dexma s.r.l., Velletri

Design (HTML, CSS), scripting (linguaggi: PHP, PERL, Javascript & JQuery) su piattaforma Unix, gestione database MySQL.

Sviluppo di applicazioni stand-alone in ambito C++ / Borland con tecnologie di stampa FastReport e Database Microsoft SQL Server.

06/2005–07/2005

Tirocinante

Istituto Nazionale di Fisica Nucleare, Frascati (RM)

Esperienze di laboratorio per rilevazione di raggi cosmici (basi di elettronica, analisi e trattamento dei dati sotto sistema Unix).

Attività o settore Ricerca

20/02/2009–05/06/2013

Docente

Regione Lazio e Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca

Insegnamento di programmazione WEB nel corso dei progetti SPAL erogati dalla Regione Lazio presso l' Istituto Tecnico Cesare Battisti di Velletri e la System Service Scarl di Albano Laziale.

Insegnamento di fondamenti di informatica per il Ministero dell' Istruzione nell'ambito dei progetti del Centro Territoriale Permanente di Albano Laziale.

Attività o settore Formazione

09/2009–02/2010

Tirocinante

Istituto Scienze e Tecnologie della Cognizione (CNR) e Università Sapienza di Roma, Roma

Esperimenti di robotica evolutiva in collaborazione con il prof. Stefano Nolfi (ISTC-CNR) ed il prof. Andrea Sterbini (Università Sapienza di Roma)

Attività o settore Ricerca

11/2011–07/2012

Internship bioinformatico - parzialmente completato

Cuppen Group, Hubrecht Institute, Utrecht, Olanda

Annotazione del possibile effetto funzionale di varianti genetiche su dati genomici derivanti da modelli di Ratto BN o SHR (spontaneamente ipertensivo).

supervisore: Dr. Victor Guryev

10/2012–12/2013

Assegnista di ricerca bioinformatico

Università Sapienza di Roma

Assegnista di ricerca

Sviluppo software per studi di epigenetica nell'ambito del progetto EPIGEN

Collaborazione con il centro di supercalcolo italiano CASPUR-CINECA per sviluppo pipeline di analisi

dati Next Generation Sequencing.

01/01/2014–alla data attuale

Ricercatore

Istituto Nazionale Tumori Regina Elena, Roma

- Analisi dati Next-Generation Sequencing (ChIP-seq, RNA-seq, ATAC-seq, Exome-Seq) e NanoString
- Sperimentazione e validazione dati Targeted Sequencing (Illumina & Thermo Fisher)
- Supporto alla Ricerca

10/10/2018–alla data attuale

Docente universitario e in istituti di insegnamento superiore

Università Sapienza di Roma, Roma (Italia)

Professore a Contratto del corso "Bioinformatics 2" presso il corso di laurea interfacoltà "Bioinformatics" gestito dalla facoltà di Farmacia e Medicina.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

2001–2006

Diploma di scuola media superiore (maturità scientifica) (100/100)

Liceo scientifico Ascanio Landi, Velletri

2006–2010

Laurea triennale in Informatica

Università Sapienza di Roma, Roma

Titolo tesi: "Evoluzione di robot stigmergici in evorobot"

cosa può fare una formica con pochissimi neuroni?" (Relatore: Prof. Andrea Sterbini)

2010–2013

Laurea magistrale in Informatica

Università Sapienza di Roma

Titolo tesi

Sviluppo di un framework per l'automatizzazione e la compressione di dati Next Generation Sequencing

(Relatore: Prof. Tiziana Castrignanò)

Voto finale: 110/110 cum laude

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre

italiano

Lingue straniere

	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
inglese	C1	C2	C1	C1	C1
Cambridge English CB FCE level C1					
francese	A1	A1	A2	A1	A1
Spagnolo	A1	A1	A1	A1	A1

Livelli: A1 e A2: Utente base - B1 e B2: Utente autonomo - C1 e C2: Utente avanzato
 Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue

Competenze digitali

Buona conoscenza ambiente Windows

Buona conoscenza ambiente Unix

Linguaggi conosciuti: Java, C, Perl, MySQL, PHP, Html+CSS, R, Bash, Python, C++, Matlab, Lisp, LATEX

Database: Access, MySQL

Web Server: Apache

Esperienza di sviluppo applicazioni per cluster HPC (High-Performance Computing). Particolare esperienza in analisi statistica tramite il sistema R.

Altre competenze Musicista autodidatta (chitarra, canto).
Disegnatore autodidatta.
3 anni di esperienza teatrale in un laboratorio scolastico

Patente di guida B

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni Angeli D, Fanciulli M, **Pallocca M***
Reverse Engineering Cancer: Inferring Transcriptional Gene Signatures from Copy Number Aberrations with ICARo.
Cancers 2019

Pallocca M*, Goeman F*, (...), Maugeri-Saccà, M.
Coexisting YAP expression and TP53 missense mutations delineates a molecular scenario unexpectedly associated with better survival outcomes in advanced gastric cancer.
Journal of Translational Medicine 2018

De Nicola, F., Goeman, F., **Pallocca, M.**, (...), Fanciulli, M., Maugeri-Saccà, M.
Deep sequencing and pathway-focused analysis revealed multigene oncogene signatures predicting survival outcomes in advanced colorectal cancer
Oncogenesis 2018

Manic G, Signore M, Sistigu A, Russo G, Corradi F, Siteni S, Musella M, Vitale S, De Angelis ML, **Pallocca M**, Amoreo CA, Sperati F, Di Franco S, Barresi S, Policicchio E, De Luca G, De Nicola F, Mottolese M, Zeuner A, Fanciulli M, Stassi G, Maugeri-Saccà M, Baiocchi M, Tartaglia M, Vitale I, De Maria R.
CHK1-targeted therapy to deplete DNA replication-stressed, p53-deficient, hyperdiploid colorectal cancer stem cells.
Gut 2018

Auricchio, L.*, **Pallocca, M.***, Ciliberto, G., Palombo, F.
The perfect personalized cancer therapy: Cancer vaccines against neoantigens
Journal of Experimental and Clinical Cancer Research 2018

Buglioni, S., Melucci, E., Sperati, F., (...), **Pallocca M**, (...) Ciliberto, G., Maugeri-Saccà, M.
The clinical significance of PD-L1 in advanced gastric cancer is dependent on ARID1A mutations and ATM expression
Oncoimmunology 2018

Folgiero, V., Sorino, C., **Pallocca, M.**, (...), Locatelli, F., Fanciulli, M.
Che-1 is targeted by c-Myc to sustain proliferation in pre-B-cell acute lymphoblastic leukemia
EMBO Reports 2018

Melucci, E., Casini, B., Ronchetti, L., (...), **Pallocca M**, (...) Buglioni, S., Maugeri-Saccà, M.
Expression of the Hippo transducer TAZ in association with WNT pathway mutations impacts survival outcomes in advanced gastric cancer patients treated with first-line chemotherapy
Journal of Translational Medicine 2018

Agostino, S.D., Valenti, F., Sacconi, A., (...), **Pallocca M** (...) Strano, S., Blandino, G.
Long non-coding MIR205HG depletes Hsa-miR-590-3p leading to unrestrained proliferation in head and neck squamous cell carcinoma
Theranostics, 2018

Sette, G., Salvati, V., Giordani, I., (...), **Pallocca M** (...) De Maria, R., Eramo, A.
Conditionally reprogrammed cells (CRC) methodology does not allow the in vitro expansion of patient-derived primary and metastatic lung cancer cells
International Journal of Cancer, 2018

Trisciuglio, D., Tupone, M.G., Desideri, M., (...), **Pallocca M**, (...) D'aguanno, S., Del Bufalo, D.
BCL-XL overexpression promotes tumor progression-associated properties article.
Cell Death and Disease 2017

Ronchetti L, Melucci E, De Nicola F, Goeman F, Casini B, Sperati F, **Pallocca M**, Terrenato I, Pizzuti L, Vici P, Sergi D, Di Lauro L, Amoreo CA, Gallo E, Diodoro MG, Pescarmona E, Vitale I, Barba M, Buglioni S, Mottolese M, Fanciulli M, De Maria R, Maugeri-Saccà M.
DNA damage repair and survival outcomes in advanced gastric cancer patients treated with first-line chemotherapy.
Int J Cancer. 2017

Bruno T, Valerio M, Casadei L, De Nicola F, Goeman F, **Pallocca M**, Catena V, Iezzi S, Sorino C, Desantis A, Manetti C, Blandino G, Floridi A, Fanciulli M.
Che-1 sustains hypoxic response of colorectal cancer cells by affecting Hif-1 α stabilization.
J Exp Clin Cancer Res. 2017

Catena V, Bruno T, De Nicola F, Goeman F, **Pallocca M**, Iezzi S, Sorino C, Cigliana G, Floridi A, Blandino G, Fanciulli M.
Deptor transcriptionally regulates endoplasmic reticulum homeostasis in multiple myeloma cells.
Oncotarget. 2016

Mori F, Ferraiuolo M, Santoro R, Sacconi A, Goeman F, **Pallocca M**, Pulito C, Korita E, Fanciulli M, Muti P, Blandino G, Strano S.
Multitargeting activity of miR-24 inhibits long-term melatonin anticancer effects.
Oncotarget. 2016

Agata Desantis, Tiziana Bruno, Valeria Catena, Francesca De Nicola, Frauke Goeman, Simona Iezzi, Maria Pia Gentileschi, Sabrina Germoni, Valentina Monteleone, Marsha Pellegrino, Martin Kann, Paolo D'onorio De Meo, **Matteo Pallocca**, Katja Hopker, Fabiola Moretti, Elisabetta Mattei, Christian H Reinhart, Aristide Floridi, Claudio Passananti, Thomas Benzig, Giovanni Blandino, Maurizio Fanciulli
Che-1 modulates the decision between cell cycle arrest and apoptosis by its binding to p53.
Cell Death Dis. 2015

D'Antonio M, Castrignanò T, **Pallocca M**, D'Erchia AM, Picardi E, Pesole G.
ASPicDB: a database web tool for alternative splicing analysis.
Methods Mol Biol. 2015

D'Antonio M., D'Onorio De Meo P., **Pallocca M.**, Picardi E., D'Erchia AM., Calogero R., Castrignanò T., Pesole G.
RAP: RNA-Seq Analysis Pipeline, a new cloud-based NGS web application.
BMC Genomics. 2015

D'Antonio M., D'Onorio De Meo P., **Pallocca M.**, Erbacci G., Castrignanò T., Pesole G.
ODESSA: a High Performance analysis pipeline for ultra Deep targeted Exome Sequencing data.
IEEE HPCS 2014 special issue

Goeman F, De Nicola F, Meo PD, **Pallocca M**, Elmi B, Castrignanò T, Pesole G, Strano S, Blandino G, Fanciulli M, Muti P.

VDR primary targets by genome-wide transcriptional profiling.
J Steroid Biochem Mol Biol. 2014 Apr

*D' Antonio M., D'Onorio De Meo P., Paoletti D., Elmi B., **Pallocca M.**, Sanna N., Picardi, E., Pesole G., Castrignanò T.*
WEP: an high-performance analysis pipeline for whole-exome data.
BMC Bioinformatics 2013

Abstract Angeli A, Tebaldi M, De Summa S, Casini B, Goeman F, De Nicola F, Quintarelli C, Fanciulli M, **Pallocca M**
A price-per-base comparison for hospital-based tumor targeted DNA Sequencing
Poster for BITS 2018, Turin

Pallocca M*, Goeman* F, (...), Maurizio Fanciulli, Michele Milella
Dissecting the germline background of Pancreatic Cancer: preliminary results of NGS screening for hereditary variants in DNA Damage Repair genes
Selected Oral Presentation Congresso SIC-AISP 2018, Rome

Pallocca M, Fanciulli M
Cancer CRISPr-like reverse-engineering: mining gene signatures from copy number aberrations with ICARo
Poster for BITS 2017, Cagliari

Pallocca M., Goeman F., Melucci E., De Nicola F., Fanciulli M., Mottolese M.
Next-generation sequencing techniques in colorectal and non small cell lung cancer mutation profiling for targeted therapy: diagnostic value of a small 6 gene panel.
Pathologica, 2015 SIAPEC issue

Pallocca M, Elmi B, (...), Castrignanò T, Pesole G
CANDLE: Compression Analysis for NGS Data Loss Evaluation
Selected Oral presentation 2012 NGS Workshop, Bari

Altri interessi Musica (chitarra acustica), Insegnamento e formazione, Scienza, Viaggio, Cinema d'animazione.

Interessi di Ricerca Bioinformatica: analisi dati NextGeneration Sequencing. Analisi e discovery varianti strutturali, annotazione e analisi dati Whole-Exome, targeted sequencing, ChIP-seq, RNA-seq, microRNA, ATAC-seq, DNase-seq.
Integrazione multi-omica per ricerca di biomarcatori.
Analisi dati NanoString (RNA e miRNA).
Analisi statistica di dati di genomica e trascrittomiche massiva su database pubblici (NGS e Microarray).
Esperienza nella compressione lossy e lossless di dati NGS.
Apprendimento Automatico (Machine Learning), Data Mining, Elaborazione del Linguaggio Naturale (NLP).

Partecipazione a seminari e congressi
06/2018 - BITS 2018, Docker and Reproducible Bioinformatics Workshop, Turin
09/2017 - Elixir Course, Machine Learning for Biology, Trento
06/2018 - SIBBM 2018, Rome
07/2017 - BITS 2017 and Modeling Transcription workshop, Cagliari
06/2016 - SOP and CTC phase 1 seminars, Istituto Regina Elena, Rome
05/2016 - Data On The Beach Workshop, EPIGEN young bioinformaticians workshop, Rimini
12/2015 - EPIGEN ncRNA workshop @ Hotel Mediterraneo
09/2015 - SIAPEC, Congresso Annuale della Società Italiana di Anatomia Patologica, Milan
04/2015 - From BigData to Bedside, Symposium on translational bioinformatics in cancer research, Gent (Belgio)

12/2014 - EPIGENomics and Health Care Policy: Challenges and Opportunities, Milan

09/2014 - EPIGEN & BLUEPRINT joint symposium: Exploring the Epigenome in Health and Disease, Roma

12/2012 - Next Generation Sequencing & Epigenetics Workshop, Bari

10/2012 - Giulio Pavesi - ChIP-Seq Workshop "Hands on", Roma

Riconoscimenti e premi

Giugno 2018 - Premio "Chiara D'Onofrio Giovani" come miglior presentazione Orale under 35, SIBBM 2018

Ottobre 2018 - Premio Migliore Presentazione Orale Breve Società Italiana Studio del Pancreas (SIC-AISP 2018), sessione speciale congresso SIC 2018

Trattamento dei dati personali, informativa e consenso

Il D.Lgs. 30.6.2003, n. 196 "*Codice in materia di protezione dei dati personali*" regola il trattamento dei dati personali, con particolare riferimento alla riservatezza, all'identità personale e al diritto di protezione dei dati personali; l'interessato deve essere previamente informato del trattamento.

La norma in considerazione intende come "trattamento" qualunque operazione o complesso di operazioni concernenti la raccolta, la registrazione, l'organizzazione, la conservazione, la consultazione, l'elaborazione, la modificazione, la selezione, l'estrazione, il raffronto, l'utilizzo, l'interconnessione, il blocco, la comunicazione, la diffusione, la cancellazione e la distruzione di dati, anche se non registrati in una banca dati.

In relazione a quanto riportato autorizzo il trattamento dei dati contenuti nel presente *curriculum vitae*, nel mio interesse, unicamente per la eventuale partecipazione a gare di appalti, licitazioni private, ecc. di servizi tecnici, di cui dovrò comunque essere informato, autorizzando quindi il soggetto titolare del trattamento ad altresì comunicarmi offerte ed opportunità di lavoro.

Sono consapevole che mi competono i diritti previsti all'art. 7 del citato D.Lgs n. 196/2003.