

INFORMAZIONI PERSONALI

Francesca Cordero

 Via Antonelli, 17 10099 San Mauro Torinese, Italia

 +390116706773  +393491701932

 fcordero@di.unito.it, francesca.cordero@unito.it

Sesso donna | **Data di nascita** 19/12/1980 | **Nazionalità** Italiana


ESPERIENZA
PROFESSIONALE

Da Dicembre 2011 – presente

Ricercatrice confermata

Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Torino, via Pessinetto 2, 10149, Torino, Italia.

- Principali attività e responsabilità. Sviluppo di algoritmi e pipeline di analisi dati. Sviluppi di metodologie computazionali adattabili a diverse esigenze di ricerca.
- Analisi di DNA e RNA con tecniche di sequenziamento di nuova generazione (NGS).
- Analisi e costruzione di modelli in silico per lo studio e la comprensione dei pathway molecolari.
- Disegno dello studio sperimentale; preparazione di progetti di ricerca, di manoscritti ed organizzazione dell'attività del gruppo di ricerca. Partecipazione a diversi progetti di ricerca.
- Corsi di didattica nella magistrale del Master di Molecular and Biological Sciences e presso la laurea magistrale di Informatica. Corsi di didattica di terzo livello nel dottorato di sistemi complessi. Segue il lavoro di tesi di laurea e di dottorato di diversi studenti, attività e responsabilità.

Attività o settore Ricerca di base, attività didattica universitaria

Da Novembre 2010 a
Novembre 2011

Borsista fondazione FIRMS (Fondazione Internazionale per la Ricerca in Medicina Sperimentale)

Dipartimento Scienze Cliniche e Biologiche, Università degli Studi di Torino, Regione Gonzole, Orbassano (TO), Italia.

- L'attività di ricerca si è focalizzata sullo sviluppo di librerie di R che permettono di analizzare dati high-throughput che permettono di verificare la qualità dei dati, l'analisi statistica e la definizione dei geni differenzialmente espressi ed il loro coinvolgimento in reti di molecolari.
- Disegno dello studio sperimentale; preparazione di progetti di ricerca, di manoscritti ed organizzazione dell'attività di laboratorio

Attività o settore Ricerca di base

Da Novembre 2009 a
Novembre 2010

Ricercatore Post-doc

Dipartimento Scienze Cliniche e Biologiche, Università degli Studi di Torino, Regione Gonzole, Orbassano (TO), Italia.

- L'attività di ricerca è stata svolta sul progetto "Identification of new therapeutic targets in cancer stem cells". In questo progetto si è studiato la crescita e la progressione tumorale e come queste sono influenzate dalla popolazione di cellule staminali tumorali. Ha collaborato ai progetti nazionali e internazionali del Dipartimento.
- Disegno dello studio sperimentale; preparazione di manoscritti ed organizzazione dell'attività di laboratorio

Attività o settore Ricerca di base

Da Novembre 2007 a **Assegnista di ricerca**

Novembre 2009

Dipartimento Scienze Cliniche e Biologiche, Università degli Studi di Torino, Regione Gonzole, Orbassano (TO), Italia.

- L'attività di ricerca si è svolta sul progetto di ricerca intitolato "DNA vaccination in breast cancer BALB-neuT". Nel progetto si è definito un modello multi-livello di tumori ERBB2 considerando sia aspetti molecolari sia cellulari.
- Disegno dello studio sperimentale; preparazione di progetti di ricerca, di manoscritti ed organizzazione dell'attività di laboratorio

Attività o settore Ricerca di base

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

2004-2008 **Dottorato (PhD) in "Informatica"**

Università di Torino (Torino, Italia)

1999-2004 **Laurea Magistrale (MD) in "Scienze Biologiche"**

Università di Torino (Torino, Italia)

COMPETENZE PERSONALI

Competenze comunicative

- possiedo buone competenze comunicative acquisite durante la mia esperienza di vita all'estero e lavorativa (ho vissuto e lavorato per 1 anno negli USA prima a Saint Louis (Missouri) durante il dottorato e poi a Riverside (California) durante il postDoc).
- Attiva collaborazione con laboratori scientifici internazionali in Europa e negli USA (EMBL Heidelberg con il Dr Vladimir Benes; Dept Computer Science Iowa con il Prof Gianfranco Ciardo; Dept Computer Science Riverside con il prof Stefano Lonardi, Boston University School of Medicine con Dr Maria Cardamone)

Pubblicazioni

Autore di oltre 53 pubblicazioni scientifiche su riviste di impatto e peer reviewed (vedi l' allegato "lista delle pubblicazioni). H-index =13 (da Scopus; ultimo aggiornamento Novembre 2017)

Citazioni

1737 citazioni certificate (Scopus; Novembre 2017)

Capitoli di Libro:

- Visconti A., **Cordero F.**, Ienco D., and Pensa R.G. Codustering under Gene Ontology Derived Constraints for Pathway Identification, Biological Knowledge Discovery Handbook: Preprocessing, Mining and Postprocessing of Biological Data, Mourad Elloumi and Albert Y. Zomaya (Eds.), Wiley, USA.
- **Cordero F.**, Ghignone S, Lanfranco L, Leonardi G, Meo R, Montani S, Roversi L. BIOBITS: A Study on Candidatus Glomeribacter Gigasporarum with a Data Warehouse Database Technology for Life Sciences and Medicine Claudia Plant, Christian Bohm (ed.), Chapter 10, pp. 203 - 220. World Scientific Publishing, Singapore, Summer 2011 (publication scheduled date). ISBN: 978-981-4307-70-3.

Progetti

Co-coordinatore scientifico di un progetto di ricerca finanziato dalla Lega Italiana per la Lotta contro i Tumori (LILT) 2015 (resp Dott. Cristofolini LILT di Trento).

Partecipazione come Ricercatrice al progetto americano "Advancing the Barley Genome (CRIS NUMERO: 0.218.967)". Collaborando con i gruppi di ricerca coinvolti nel progetto Francesca Cordero ha sviluppato un efficiente algoritmo per il "combinatorial sequencing". Dal 01-09-2009 al 01-09-2012

Partecipazione come Ricercatrice al progetto del 7th European Framework Program intitolato "Next Generation Sequencing platform for targeted Personalized Therapy of Leukemia" (<http://www.ngs-ptl.com/default.aspx>). Francesca Cordero ha partecipato alla definizione di approcci specifici per l'analisi e l'identificazione sia di prodotti trascrizionali di splicing sia di microRNA. Dal 01-01-2012 al 31-12-2015

Partecipazione come Ricercatrice al progetto della Società Italiana per la Ricerca sul Cancro (AIRC) intitolato "Unliganded estrogen receptor alpha" AICR-IG 2015 della durata di 36 mesi. PI Prof. Michele De Bortoli, durante il progetto Francesca Cordero coordina le analisi computazionali dei dati high-throughput generati nel progetto. Dal 01-01-2015 a oggi

Ricercatore nel progetto di ricerca finanziato dall' Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (AIRC) (IG 2015 Id.17464; PI Prof. Giuseppe Matullo). Titolo del Progetto: "Blood DNA methylation changes and plasma microRNA associated to asbestos-exposure and Malignant Pleural Mesothelioma". Francesca Cordero verrà coinvolta nello sviluppo di metodologie computazionali per l'analisi dati. Dal 01-01-2016 a oggi

Partecipazione come Ricercatrice al progetto della Società Italiana per la Ricerca sul Cancro (AIRC) intitolato "Deciphering intratumor heterogeneity in epithelial ovarian cancer using patient derived xenografts" AICR-IG 2016 della durata di 36 mesi. PI Prof. Maria Flavia Di Renzo, durante il progetto Francesca Cordero si occupa delle analisi matematiche e computazionali dei dati raccolti durante il progetto. Dal 01-01-2016 a oggi

Partecipazione come ricercatore di un progetto di ricerca finanziato dalla Grant Agency of the Czech Republic (GACR) (ID progetto 17-16857S; PI Dr Alessio Naccarati) Titolo del Progetto: "Identification and comparison of plasma/stool miRNA signatures in colorectal cancer by next generation sequencing". Nel progetto Francesca Cordero coordinerà il disegno sperimentale e l'analisi dati sviluppato soluzione computazionali ad hoc per i dati derivati da Next Generation Sequencing. Dal 31-12-2016 a oggi

Appartenenza a gruppi / associazioni

Rappresentante per l'università di Torino nel laboratorio InfoLife del Consorzio Interuniversitario Nazionale per l'Informatica (CINI) <https://www.consorzio-cini.it/index.php/it/labinfo-life-home> Dal 24-02-2014 a oggi

Ruolo da segretario della società Bioinformatica Italiana (BITS) <http://bioinformatics.it/> Dal 07-09-2016 a oggi

Visiting researcher presso la Human Genetics Foundation (HuGeF), Università di Torino. Dal 01-11-2016 a oggi

Creazione di un'associazione culturale bioinformatica per la medicina molecolare. L'associazione ha lo scopo di promuovere la formazione bioinformatica in ambito biomedico, ovvero la disciplina che utilizza strumenti informatici per descrivere dal punto di vista numerico e statistico determinati fenomeni biologici, permettendo l'analisi di dati per agevolare l'identificazione di nuovi metodi di cura nell'ambito delle malattie oncologiche e multifattoriali. Dal 08-09-2016 a oggi

Membro del collegio docenti del dottorato di Sistemi Complessi per le scienze della vita presso la scuola di Dottorato in Scienze della Vita e della Salute dell' Univesita' degli Studi di Torino. Dal 01-10-2016 a oggi

Membro del collegio docenti del dottorato di Informatica presso la scuola di Dottorato in Scienze della Natura e Tecnologie Innovative dell' Università degli Studi di Torino. Dal 01-01-2012 al 01-01-2014

Riconoscimenti e premi

Vincitrice dell'EMBO Travel Grant per partecipare all'EMBO/EMBL Workshop: Complex Systems in Immunology, in Singapore. Dal 02-12-2013 al 04-12-2013

Vincitrice del Travel Grant per partecipare alla conferenza "Mathways into Cancer" Carmona, Spain. Dal 27-05-2013 al 30-05-2013

Invitata alla Schloss Dagstuhl in Wadern, Germany. Dagstuhl Seminar 14481 Multiscale Spatial Computational Systems Biology, 2014. Dal 23-11-2014 al 28-11-2014

L' articolo "A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome" e' un Highly Cited Paper avendo ricevuto abbastanza citazioni per collocarlo tra i top 1% degli articoli nel campo della Molecular Biology & Genetics (Extracted by Web of Science). Dal 01-08-2016 a oggi

ALLEGATI

- Lista delle pubblicazioni

Dati personali

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"

.

LISTA DELLE 20 PUBBLICAZIONI PIU' IMPORTANTI

- 1- Beccuti M, **Cordero F**, Arigoni M, Panero R, Amparore EG, Donatelli S, Calogero RA. SeqBox: RNAseq/ChIPseq reproducible analysis on a consumer game computer. *Bioinformatics*. 2017 Oct 23. doi: 10.1093/bioinformatics/btx674.
- 2- Ferrero G, Miano V, Beccuti M, Balbo G, De Bortoli M, **Cordero F**. Dissecting the genomic activity of a transcriptional regulator by the integrative analysis of omics data. *Sci Rep*. 2017 Aug 17;7(1):8564. doi: 10.1038/s41598-017-08754-9.
- 3- Martina F, Beccuti M, Balbo G, **Cordero F**. Peculiar Genes Selection: A new features selection method to improve classification performances in imbalanced data sets. *PLoS One*. 2017 Aug 14;12(8):e0177475. doi: 10.1371/journal.pone.0177475. eCollection 2017.
- 4- Miano Valentina, Ferrero Giulio, Reineri Stefania, Caizzi Livia, Annaratone Laura, Ricci Laura, Cutrupi Santina, Castellano Isabella, **Cordero Francesca**, De Bortoli Michele (2016). Luminal long non-coding RNAs regulated by estrogen receptor alpha in a ligand-independent manner show functional roles in breast cancer. *ONCOTARGET*, vol. 7, p. 3201-3216, ISSN: 1949-2553, doi: 10.18632/oncotarget.6420
- 5- Fornari Chiara, Balbo Gianfranco, Halawani Sami M, Ba-Rukab Omar, Ahmad Ab, Calogero Raffaele A, **Cordero Francesca**, Beccuti Marco (2015). A versatile mathematical work-flow to explore how Cancer Stem Cell fate influences tumor progression. *BMC SYSTEMS BIOLOGY*, vol. 9 Suppl 3, p. S1, ISSN: 1752-0509, doi: 10.1186/1752-0509-9-S3-S1
- 6- Slysokova Jana, **Cordero Francesca**, Pardini Barbara, Korenkova Vlasta, Vymetalkova Veronika, Bielik Ludovit, Vodickova Ludmila, Pitule Pavel, Liska Vaclav, Matejka Vit Martin, Levy Miroslav, Buchler Tomas, Kubista Mikael, Naccarati Alessio, Vodicka Pavel (2015). Post-treatment recovery of suboptimal DNA repair capacity and gene expression levels in colorectal cancer patients. *MOLECULAR CARCINOGENESIS*, vol. 54, p. 769-778, ISSN: 0899-1987, doi: 10.1002/mc.22141
- 7- Medico E, Russo M, Picco G, Cancelliere C, Valtorta E, Corti G, Buscarino M, Isella C, Lamba S, Martinoglio B, Veronese S, Siena S, Sartore-Bianchi A, Beccuti M, Mottotese M, Linnebacher M, **Cordero F**, Di Nicolantonio F, Bardelli A (2015). The molecular landscape of colorectal cancer cell lines unveils clinically actionable kinase targets. *NATURE COMMUNICATIONS*, vol. 6, p. 1-10, ISSN: 2041-1723, doi: 10.1038/ncomms8002
- 8- Carrara M, Lum J, **Cordero F**, Beccuti M, Poidinger M, Donatelli S, Calogero RA, Zolezzi F. Alternative splicing detection workflow needs a careful combination of sample prep and bioinformatics analysis. *BMC Bioinformatics*. 2015;16 Suppl 9:S2. doi: 10.1186/1471-2105-16-S9-S2. Epub 2015 Jun 1.
- 9- **Cordero F**, Ferrero G, Polidoro S, Fiorito G, Campanella G, Sacerdote C, Mattiello A, Masala G, Agnoli C, Frasca G, Panico S, Palli D, Krogh V, Tumino R, Vineis P, Naccarati A. (2015) Differentially methylated microRNAs in prediagnostic samples of subjects who developed breast cancer in the European Prospective Investigation into Nutrition and Cancer (EPIC-Italy) cohort. *Carcinogenesis*. Oct;36(10):1144-53. doi: 10.1093/carcin/bgv102. Epub 2015 Jul 13.
- 10- Cutrupi S, Ferrero G, Reineri S, **Cordero F**, De Bortoli M (2014). Genomic lens on neuroglobin transcription.. *IUBMB LIFE*, vol. 66, p. 46-51, ISSN: 1521-6543, doi: 10.1002/iub.1235
- 11- L. Caizzi, G. Ferrero, S. Cutrupi, **F. Cordero**, C. Ballare, V. Miano, S. Reineri, L. Ricci, O. Friard, A. Testori, D. Cora, M. Caselle, L. Di Croce, M. De Bortoli (2014). Genome-wide activity of unliganded estrogen receptor- α in breast cancer cells. *PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA*, vol. 111, p. 4892-4897, ISSN: 0027-8424, doi: 10.1073/pnas.1315445111
- 12- Fornari C, Beccuti M, Lanzardo S, Conti L, Balbo G, Cavallo F, Calogero RA, **Cordero F** (2014). A mathematical-biological joint effort to investigate the tumor-initiating ability of cancer stem cells.. *PLOS ONE*, vol. 9, p. 1-10, ISSN: 1932-6203, doi: 10.1371/journal.pone.0106193
- 13- Beccuti M, Carrara M, **Cordero F**, Lazzarato F, Donatelli S, Nadalin F, Policriti A, Calogero RA (2014). Chimera: a Bioconductor package for secondary analysis of fusion products.. *BIOINFORMATICS*, vol. 30, p. 3556-3557, ISSN: 1367-4803, doi: 10.1093/bioinformatics/btu662
- 14- **Francesca Cordero**, Marco Beccuti, Chiara Fornari, Stefania Lanzardo, Laura Conti, Federica Cavallo, Gianfranco Balbo, Raffaele Adolfo Calogero (2013). Multi-level model for the investigation of oncoantigen- driven vaccination effect. *BMC BIOINFORMATICS*, vol. 14, p. 1-14, ISSN: 1471-2105, doi: 10.1186/1471-2105-14-S6-S11
- 15- Lonardi S, Duma D, Alpert M, **Cordero F**, Beccuti M, Bhat PR, Wu Y, Ciardo G, Alsaihati B, Ma Y, Wanamaker S, Resnik J, Bozdog S, Luo MC, Close TJ (2013). Combinatorial pooling enables selective sequencing of the barley gene space.. *PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY*, vol. 9, p. 1-12, ISSN: 1553-7358, doi: 10.1371/journal.pcbi.1003010
- 16- Matteo Carrara, Marco Beccuti, Fulvio Lazzarato, Federica Cavallo, **Francesca Cordero**, Susanna Donatelli, Raffaele A. Calogero (2013). State-of-the-Art Fusion-Finder Algorithms Sensitivity and Specificity. *BIOMED RESEARCH INTERNATIONAL*, vol. 2013, p. 1-6, ISSN: 2314-6133, doi: 10.1155/2013/340620
- 17- Carrara M, Beccuti M, Cavallo F, Donatelli S, Lazzarato F, **Cordero F**, Calogero RA (2013). State of art fusion-finder

- algorithms are suitable to detect transcription-induced chimeras in normal tissues?. BMC BIOINFORMATICS, vol. 14 Suppl 7, p. 1-11, ISSN: 1471-2105, doi: 10.1186/1471-2105-14-S7-S2
- 18- Marbach D., Costello C., Küffner R., Vega M., Prill J., Camacho D.M., Allison R., Kellis M., Collins J.J., Aderhold A., Stolovitzky, G.g, Bonneau R., Chen Y., **Cordero F.**, Crane M., Dondelinger F., Drt [...] nti A., Wang H., Wehenkel L., Windhager L., Zhang Y., Zimmer R. (2012). Wisdom of crowds for robust gene network inference. NATURE METHODS, vol. 9, p. 796-804, ISSN: 1548-7091, doi: 10.1038/nmeth.2016
- 19- Mayer KF, Waugh R, Langridge P, Close TJ, Wise RP, Graner A, Matsumoto T, Sato K, Schulman A, Muehlbauer GJ, Stein N, Ariyadasa R, Schulte D, Poursarebani N, Zhou R, Steuernagel B, Mascher M, Scholz U, **Cordero F** [...] auer GJ, Sato K, Close TJ, Wise RP, Stein N. (2012). A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome.. NATURE, vol. 491, p. 711-716, ISSN: 0028-0836, doi: 10.1038/nature11543
- 20- **F. Cordero**, M. Beccuti, M. Arigoni, S. Donatelli, R.A. Calogero (2012). Optimizing a Massive Parallel Sequencing Workflow for Quantitative miRNA Expression Analysis. PLOS ONE, vol. 7, p. 1-10, ISSN: 1932-6203, doi: 10.1371/journal.pone.0031630