

## STEFANO DI GIOVENALE

LinkedIn: <https://www.linkedin.com/in/stefano-di-giovenale-2490ab161/>

Email: digiovenale@diag.uniroma1.it

---

### ISTRUZIONE

**Università degli studi di Roma "La Sapienza", Roma, Italia** **Dottorando in Data Science** **Ott. 2021 – Presente**  
*Vincitore di una borsa di Dottorato della durata di 3 anni finanziata dall'Istituto nazionale tumori "Regina Elena"*

**Progetto:** Sviluppo di un metodo computazionale in grado di caratterizzare le regioni regolatorie in base al loro coinvolgimento nella progressione ed evoluzione tumorale

**Università di Roma "Tor Vergata", Roma, Italia** **Laurea Magistrale in Bioinformatica (110/110 e lode) 2019 – 2021**  
**Tesi di laurea:** "La caratterizzazione del reguloma della Leucemia Linfoblastica Acuta pediatrica rivela meccanismi di evoluzione tumorale"

**Università di Roma "Tor Vergata", Roma, Italia** **Laurea Triennale in Bioteconologie (110/110 e lode) 2016 – 2019**  
**Tesi di laurea** Identificazione della relazione tra alterazioni cellulari ed efficacia dei chemioterapici basandosi sul lavoro "A Landscape of Pharmacogenomic Interactions in Cancer" pubblicato da Francesco Iorio

---

### ESPERIENZE PROFESSIONALI

**IRCCS Istituto Nazionale Tumori "Regina Elena", Roma, Italia** **Tirocinio di Magistrale** **Sett. 2020 – Giu. 2021**  
*UOSD SAFU presso il laboratorio del Dott. Maurizio Fanciulli*

- Sviluppato e testato pipeline bash per standardizzare nuove metodologie di analisi di ATACseq
- Analisi di ATACseq e analisi differenziali di linee cellulari e pazienti
- Analizzato esperimenti di RNAseq, ChIPseq e Hi-C
- Integrazione ed analisi di dati ottenuti da database pubblici come TCGA, ENCODE e TCGA.

**Università di Roma "Tor Vergata", Roma, Italia** **Tirocinio di Triennale** **Mar. 2019 – Mag. 2019**  
*Gruppo di Bioinformatica della Professoressa Manuela Helmer Citterich*

- Analizzato dataset di differenti linee cellulari presenti sul TCGA
- Acquisito competenze base delle librerie Python pandas e numpy
- Studiato ed applicato algoritmi di machine learning come Random Forest e SVM

**Università di Roma "Tor Vergata", Roma, Italia** **Tirocinio extra-curriculare** **Sett. 2017**  
*Gruppo di genetica della professoressa Luisa Castagnoli*

- Studiato ed applicato le principali tecniche di Biologia Molecolare (Western Blot e colture cellulari)
- 

### SUMMER SCHOOL E CONFERENZE

**CGSI 2022 Summer School** **6-29 Lug. 2022**  
*Selezionato per la partecipazione al "long program summer school" presso l'università della California Los Angeles (UCLA)*

**Conferenza EMBO "The many faces of cancer evolution"** **20-22 Mag. 2022**  
*Selezionato per la presentazione di un poster all'EMBO-workshop di Rimini*

**EMBL in Italy 2021: A Brave New World of RNA** **20-21 Mag. 2021**  
*Selezionato per la presentazione di un poster alla conferenza virtuale dell'European Molecular Biology Laboratory*

**ISMB/ECCB 2021 Virtual Conference** **25-30 Lug. 2021**  
*Selezionato per la presentazione di un poster all'international society for computational biology virtual conference.*

---

### ALTRE COMPETENZE

**Competenze Informatiche:** Algoritmi di Machine Learning, Linguaggi di Programmazione (bash, R, Python), Tool Bioinformatici (Macs2, Bowtie2, samtools, bedtools, deeptools, fastqc), Analisi Bioinformatiche (RNAseq, ATACseq, ChIPseq, HiC), Linux, Programmi di Grafica (Photoshop, Illustrator, Premier), Gestione Ambienti Conda, LaTeX

**Lingue:** Inglese (Intermedio), Italiano