

Esperienza professionale

Periodo	Ente	Principali attività e responsabilità
Dicembre 2019 - in corso	Facoltà di Biologia e Farmacia – Università degli Studi di Cagliari (Responsabile Scientifico: Prof.ssa Valentina Onnis)	Tutor di Biologia Attività: organizzazione di attività di laboratorio per gli studenti delle scuole superiori (presso il Laboratorio di Biologia Molecolare, Genomica ed Epigenomica, Responsabile: Prof.ssa Patrizia Zavattari)
Novembre 2019 – Marzo 2020	Laboratorio di Biologia Molecolare, Genomica ed Epigenomica (Responsabile: Prof.ssa Patrizia Zavattari), Dipartimento di Scienze Biomediche, Università degli Studi di Cagliari	Borsa di ricerca Titolo progetto: Disegno di una piattaforma biotecnologica per lo screening epigenetico di tumori Attività: sviluppo di un algoritmo per la selezione di biomarcatori, disegno di saggi per l'applicazione di tecniche molecolari di svelamento del livello di metilazione per singoli loci CpG Supervisore: Prof.ssa Patrizia Zavattari
Novembre 2019 – Dicembre 2019	Università degli Studi di Cagliari	Tutor di Biologia Animale Attività: tutor per il corso di Biologia Animale (Prof.ssa di riferimento: Patrizia Zavattari) per gli studenti dei corsi di laurea a ciclo unico di Farmacia e Chimica e Tecnologia Farmaceutica e per gli studenti del corso di laurea triennale di Scienze Tossicologiche e Controllo di Qualità

Istruzione, formazione (es. titoli di studio, certificazioni professionali/linguistiche/informatiche)

Data	Titolo / Principali tematiche	Ente
17/02/2020	Dottorato di Ricerca in Medicina Molecolare e Traslazionale con certificazione aggiuntiva di <i>Doctor Europaeus</i>	Università degli Studi di Cagliari
07/2016	Abilitazione all'esercizio della professione di Biologo (sez.A)	Università degli Studi di Cagliari
19/05/2016	Certificazione di Inglese IELTS	British Council
23/10/2015	Laurea Magistrale in Genomica Funzionale	Università degli Studi di Trieste
25/07/2013	Laurea Triennale in Biologia	Università degli Studi di Cagliari

Pubblicazioni / Convegni**Pubblicazioni:**

1) Antonelli M*, Fadda A*, Loi E, Moi L, Zavattari C, Sulas P, Gentilini D, Cameli C, Bacchelli E, Badiali M, Arcella A, Morra I, Giangaspero F, Zavattari P. Integrated DNA methylation analysis identifies topographical and tumoral biomarkers in pilocytic astrocytomas. *Oncotarget*. 2018 Feb 12;9(17):13807-13821. doi: 10.18632/oncotarget.24480.

Oncotarget

Impact Factor (2016): 5.168

Scimago Ranking 2018: 71/368 in Oncology (Q1)

SJR 2018: 1.58

2) Fadda A*, Gentilini D*, Moi L*, Barault L, Leoni VP, Sulas P, Zorcolo L, Restivo A, Cabras F, Fortunato F, Zavattari C, Varesco L, Gismondi V, De Miglio MR, Scanu AM, Colombi F, Lombardi P, Sarotto I, **Loi E**, Leone F, Giordano S, Di Nicolantonio F, Columbano A, Zavattari P. Colorectal cancer early methylation alterations affect the crosstalk between cell and surrounding environment, tracing a biomarker signature specific for this tumor. *Int J Cancer*. 2018 Aug 15;143(4):907-920. doi: 10.1002/ijc.31380.

International Journal of Cancer

Impact Factor (2018): 4.982

Scimago Ranking 2018: 18/216 in Cancer Research (Q1)

SJR 2018: 3.28

3) Bacchelli E*, **Loi E***, Cameli C*, Moi L, Vega-Benedetti AF, Blois S, Fadda A, Bonora E, Mattu S, Fadda R, Chessa R, Maestrini E, Doneddu G, Zavattari P. Analysis of a Sardinian Multiplex Family with Autism Spectrum Disorder Points to Post-Synaptic Density Gene Variants and Identifies CAPG as a Functionally Relevant Candidate Gene. *J Clin Med*. 2019 Feb 7;8(2). pii: E212. doi: 10.3390/jcm8020212.

Journal of Clinical Medicine

Impact Factor (2018): 5.688

Scimago Ranking 2018: 125/2836 in Medicine (miscellaneous) (Q1)

SJR 2018: 2.27

4) Vega-Benedetti AF*, **Loi E***, Moi L, Blois S, Fadda A, Antonelli M, Arcella A, Badiali M, Giangaspero F, Morra I, Columbano A, Restivo A, Zorcolo L, Gismondi V, Varesco L, Bellomo SE, Giordano S, Canale M, Casadei-Gardini A, Faloppi L, Puzzone M, Scartozzi M, Ziranu P, Cabras G, Cocco P, Ennas MG, Satta G, Zucca M, Canzio D, Zavattari P. Clustered protocadherins methylation alterations in cancer. *Clin Epigenetics*. 2019 Jul 9;11(1):100. doi: 10.1186/s13148-019-0695-0.

Clinical Epigenetics

Impact Factor (2018): 5.496

Scimago Ranking 2018: 14/86 in Developmental Biology (miscellaneous) (Q1)

SJR 2018: 2.43

5) **Loi E**, Moi L, Fadda A, Satta G, Zucca M, Sanna S, Amini Nia S, Cabras G, Padoan M, Magnani C, Miligi L, Piro S, Gentilini D, Ennas MG, Southey MC, Giles GG, Wong Doo N, Cocco P, Zavattari P. Methylation alteration of SHANK1 as a predictive, diagnostic and prognostic biomarker for chronic lymphocytic leukemia. *Oncotarget*. 2019 Aug 13;10(48):4987-5002. doi: 10.18632/oncotarget.27080. eCollection 2019 Aug 13.

Oncotarget

Impact Factor (2016): 5.168

Scimago Ranking 2018: 71/368 in Oncology (Q1)

SJR 2018: 1.58

6) Baroli B*, **Loi E***, Solari P*, Kasture A, Moi L, Muroi P, Kasture S, Setzu MD, Liscia A, Zavattari P. Evaluation of oxidative stress mechanisms and the effects of phytotherapeutic extracts on Parkinson's disease *Drosophila* PINK1B9 model. *FASEB Journal*. 2019 vol: 33 (10) pp: 11028-11034. doi: 10.1096/fj.201901010

FASEB Journal

Impact Factor (2018): 5.391

Scimago Ranking 2018: 55/466 in Biochemistry (Q1)

SJR 2018: 2.07

7) **Loi E***, Moi L*, Blois S, Bacchelli E, Vega Benedetti AF, Cameli C, Fadda R, Maestrini E, Carta M, Doneddu G, Zavattari P. ELMOD3-SH2D6 gene fusion as a possible co-star actor in Autism Spectrum Disorder scenario. *Journal of Cellular and Molecular Medicine*. 2019 Dec 4. doi: 10.1111/jcmm.14733.

Journal of Cellular and Molecular Medicine

Impact Factor (2018): 4.658

Scimago Ranking 2018: 41/173 in Molecular Medicine (Q1)

SJR 2018: 1.44

8) **Loi E**, Zavattari P. CpG Islands Methylation Alterations in Cancer: Functionally Intriguing Security Locks, Useful Early Tumor Biomarkers. In: Springer, editor. DNA, RNA, Histone Methylomes, 2019 p.53–62.

* equal contribution

Congressi:

- 30 Settembre – 1° Ottobre 2016 XVII Congresso Nazionale Associazione Italiana di Biologia e Genetica Generale e Molecolare (AIBG), Cagliari, Italia
- 11-13 Maggio 2017: 2nd European Cancer Epigenetics Conference 2017, Heidelberg, Germania (presentazione poster. Authori: E. Loi, A. Fadda, L. Moi, M. Antonelli, M. Badiali, F. Giangaspero, M.G. Ennas, P. Cocco, A. Columbano, P. Zavattari. Titolo: The complex relationship between DNA methylation and gene expression)
- 24- 27 Giugno 2017: EACR-AACR-SIC SPECIAL CONFERENCE 2017, Firenze, Italia (presentazione poster. Authori: E. Loi, A. Fadda, L. Moi, M. Antonelli, M. Badiali, F. Giangaspero, P. Zavattari. Titolo: Identification of methylome alterations in pilocytic astrocytoma as potential diagnostic and prognostic biomarkers)
- 16-19 Giugno 2018: European Human Genetics Conference 2018, Milano, Italia (presentazione poster. Authori: E. Loi, M. Antonelli, A. Fadda, L. Moi, C. Zavattari, P. Sulas, D. Gentilini, C. Cameli, E. Bacchelli, M. Badiali, A. Arcella, I. Morra, F. Giangaspero, P. Zavattari. Titolo: Integrated DNA methylation analysis identifies topographical and tumoral biomarkers in pilocytic astrocytomas)
- 13-14 Settembre 2018: SIOP-LGG Preclinical Working Group Meeting, Cagliari, Italia (presentazione orale: Authori: Loi E, Moi L, Antonelli M, Fadda A, Zavattari C, Sulas P, Gentilini D, Cameli C, Bacchelli E, Badiali M, Arcella A, Morra I, Giangaspero F, Zavattari P. Titolo: TOX2 gene expression in supratentorial vs infratentorial pilocytic astrocytoma)
- 21-22 Settembre 2018: XVIII Congresso Nazionale Associazione Italiana di Biologia e Genetica Generale e Molecolare (AIBG), Ferrara, Italia (presentazione abstract. Authori: E. Loi, L. Moi, A. Fadda, D. Sproul, P. Zavattari. Titolo: Investigating the complex roles of DNA methylation).
- 04-05 Ottobre 2019: XIX Congresso Nazionale Associazione Italiana di Biologia e Genetica Generale e Molecolare (AIBG), Milano, Italia (presentazione orale. Autori: E. Loi, E. Bacchelli, C. Cameli, L. Moi, A.F. Vega Benedetti, S. Blois, A. Fadda, E. Bonora, S. Mattu, R. Fadda, R. Chessa, E. Maestrini, G. Doneddu, P. Zavattari. Titolo: Analysis of a Sardinian multiplex family with autism spectrum disorder points to post-synaptic density gene variants and identifies CAPG region as functionally relevant for the disease).

Altre attività scientifiche

Date (da-a)	1° Ottobre 2016 – 30 Settembre 2019
Qualifica conseguita	Dottorato di Ricerca in Medicina Molecolare e Traslazionale con giudizio conseguito con lode e la certificazione aggiuntiva di <i>Doctor Europaeus</i> , conseguito il 17 Febbraio 2020, con discussione di una tesi sperimentale dal titolo “DNA methylation alterations as functionally relevant mechanisms, promising tumour biomarkers and therapeutic targets”.

	<p><u>Relatore:</u> Prof.ssa Patrizia Zavattari</p> <p>Dipartimento di Scienze Biomediche, Università degli studi di Cagliari</p>
Nome e tipo di istituto di istruzione	Università degli studi di Cagliari
Attività svolte durante il dottorato	<p>Dottorato in Medicina Molecolare e Traslazionale (XXII ciclo) Borsa di dottorato da Ottobre 2016 a Settembre 2019, finanziata da Regione Sardegna (P.O.R. Sardegna F.S.E.) Attività svolte presso il laboratorio di Biologia Molecolare, Genomica ed Epigenomica (Responsabile: Prof.ssa Patrizia Zavattari), Dipartimento di Scienze Biomediche, Università degli studi di Cagliari.</p> <p><u>Principali attività:</u> studio delle alterazioni del metiloma in cellule umane tumorali al fine di elucidare il ruolo funzionale della metilazione del DNA, l'associazione tra alterazioni del pattern di metilazione ed il pattern di espressione genica ed identificare nuovi marcatori tumorali.</p> <p><u>Principali metodiche applicate:</u> analisi di metilazione genome-wide mediante tecnologie Illumina Bead-chips, analisi dei dati mediante pipeline bioinformatiche (R scripting), analisi di metilazione di specifici loci CpG (MethyLight), analisi di espressione genica (qRT-PCR).</p> <p><u>Principali risultati ottenuti:</u> identificazione di alterazioni del metiloma nel tumore colon-rettale (manoscritto pubblicato), nell'astrocitoma pilocitico (manoscritto pubblicato), nelle leucemie linfatiche croniche (manoscritto pubblicato), nel tumore delle vie biliari, identificazione di alterazioni di metilazione di isole CpG associate al cluster genico delle protocaderine in diversi tipi di cancro (manoscritto pubblicato).</p> <p><u>Supervisore:</u> prof.ssa Patrizia Zavattari</p>
Date (da-a)	24 Gennaio 2020
Nome e tipo di istituto di istruzione	Lind Guro Elisabeth Lab, Oslo University Hospital, Cancer Medicine, Institute for Cancer Research, Department of Molecular Oncology, Oslo, Norvegia
Attività	Visiting del Laboratorio della prof.ssa Guro Elisabeth Lind per l'apprendimento di approcci metodologici per l'analisi di alterazioni di metilazione del DNA tramite digital droplet PCR
Date (da-a)	1° Aprile 2019 – 28 Giugno 2019
Nome e tipo di istituto di istruzione	Sergio Alonso Lab, Institut d'Investigació, Germans Trias I Pujol (IGTP), Badalona, Spagna
Attività	<p>Borsa di mobilità Placedoc (3 mesi)</p> <p>Periodo all'estero all'interno del Corso di Dottorato in Medicina Molecolare e Traslazionale (Università degli Studi di Cagliari).</p>

	<p><u>Titolo del progetto:</u> Computational analysis of genome-wide DNA methylation data of normal and cancer samples.</p> <p><u>Principali attività:</u> analisi bioinformatica del metiloma di tumori dell'apparato gastro-intestinale e validazione delle alterazioni della metilazione identificate in database pubblici.</p> <p><u>Principali metodiche applicate:</u> sviluppo di pipeline bioinformatiche (R scripting) ed applicazione di metodi statistici per l'analisi dei dati di metilazione genome-wide.</p> <p><u>Supervisore:</u> Dr. Sergio Alonso</p>
Date (da-a)	4 Ottobre 2018 – 28 Dicembre 2018
Nome e tipo di istituto di istruzione	Daniel Worthley Lab, Cancer Theme (SAHMRI) & School of Medicine (University of Adelaide), Adelaide, Australia
Attività	<p>Borsa di mobilità Globusdoc (3 mesi) Periodo all'estero all'interno del Corso di Dottorato in Medicina Molecolare e Traslazionale (Università degli Studi di Cagliari).</p> <p><u>Titolo del progetto:</u> Application of the CRISPR-dCas9 system to methylate/demethylate target genes to understand the molecular effects resulting from these epigenetic changes that contribute to the tumorigenesis of colon rectal cancer.</p> <p><u>Principali attività:</u> applicazione del sistema CRISPR-dCas9 per metilare/demetilare specifici in linee cellulari 2D e 3D.</p> <p><u>Principali metodiche applicate:</u> colture di linee cellulari tumorali, isolamento, espansione e modificazione epigenetica di colture di organoidi di colon, clonaggio, preparazione plasmidi, generazione e concentrazione di particelle virali, preparazione di campioni per il pyrosequencing. Analisi dei risultati di pyrosequencing.</p> <p><u>Supervisore:</u> Dr. Susan Woods</p>
Date (da-a)	10 Gennaio 2018 – 12 Aprile 2018
Nome e tipo di istituto di istruzione	Duncan Sproul Lab, MRC IGMM, MRC Human Genetics Unit, University of Edinburgh, Edimburgo, Regno Unito
Attività	<p>Borsa di mobilità Placedoc (3 mesi) Periodo all'estero all'interno del Corso di Dottorato in Medicina Molecolare e Traslazionale (Università degli Studi di Cagliari).</p> <p><u>Titolo del progetto:</u> Understanding DNA methylation dynamics in cancer</p> <p><u>Principali attività:</u> studio del meccanismo di mantenimento della metilazione nel cancro mediante trasposoni.</p>

	<p><u>Principali metodiche applicate</u>: colture di linee cellulari tumorali, bisulfite PCR e sequencing, FACS, analisi dei dati.</p> <p><u>Supervisori</u>: Dr. Duncan Sproul and Dr. Francesca Taglini</p>
Date (da-a)	Ottobre 2013- Ottobre 2015
Nome e tipo di istituto di istruzione	Università degli studi di Trieste – Corso di laurea magistrale in Genomica Funzionale
Principali materie oggetto dello studio	Genomica, Proteomica, Trascrittomica, Oncologia molecolare, Diagnostica molecolare, Genetica umana, Farmacogenetica
Qualifica conseguita	<p>Laurea magistrale in Genomica Funzionale, conseguita il 23 Ottobre 2015, con discussione di una tesi sperimentale dal titolo “Detection of genetic variants correlated to pharmacologic treatments resistance of juvenile idiopathic arthritis”.</p> <p><u>Relatore</u>: Prof.ssa Anna Savoia; correlatore: Prof. Adamo Pio d’Adamo Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Trieste</p>
Valutazione	110/110 e lode
Tirocinio per preparazione tesi	<p>Tirocinio per preparazione tesi di Laurea Magistrale in Genomica Funzionale (da Febbraio 2015 a Ottobre 2015) presso i laboratori di Genetica medica (Responsabile Prof. Adamo Pio d’Adamo) dell’Ospedale materno infantile Burlo Garofolo (Trieste).</p> <p><u>Principali attività</u>: ricerca di varianti genetiche in geni correlati alla refrattarietà ai trattamenti farmacologici utilizzati per la terapia di pazienti affetti da artrite idiopatica giovanile.</p> <p><u>Principali metodiche applicate</u>: Illumina SNP-array (protocollo “Infinium HD Assay Super”, analisi dei dati), targeted resequencing (mediante “Ion Torrent Technology”, analisi dei dati) e analisi bioinformatica dei dati di Whole-exome sequencing.</p> <p><u>Supervisore</u>: Prof. Adamo Pio d’Adamo</p>
Date (da-a)	Ottobre 2010 - Luglio 2013
Nome e tipo di istituto di istruzione	Università degli studi di Cagliari – Corso di laurea triennale in Biologia
Principali materie oggetto dello studio	Genetica, Biologia molecolare, Anatomia, Patologia

Qualifica conseguita	<p>Laurea triennale in Biologia, conseguita il 25 Luglio 2013, con discussione di una tesi sperimentale dal titolo: “Caratterizzazione molecolare della specie <i>Papilio hospiton</i> (Lepidoptera: Papilionidae) basata sull’analisi del gene della NADH-deidrogenasi 5 mitocondriale”.</p> <p><u>Relatore</u>: Prof.ssa Annalisa Marchi; <u>Correlatore</u>: Dr. Matteo Falzoi</p> <p>Dipartimento di Scienze della Vita e dell’Ambiente, Facoltà di Biologia e Farmacia, Università degli Studi di Cagliari</p>
Valutazione	110/110 e lode
Tirocinio per preparazione tesi	<p>Tirocinio per preparazione tesi di Laurea Triennale in Biologia (da Aprile 2013 a Luglio 2013) presso i laboratori di Laboratorio di Genetica (Responsabile Prof.ssa Annalisa Marchi), Dipartimento di Scienze della Vita e dell’Ambiente, Università degli Studi di Cagliari.</p> <p><u>Principali attività</u>: amplificazione e sequenziamento del gene codificante la subunità 5 della NADH deidrogenasi mitocondriale per la successiva analisi delle sequenze.</p> <p><u>Principali metodiche applicate</u>: estrazione e quantificazione del DNA, elettroforesi su gel di agarosio e PCR, analisi dati di sequenziamento.</p> <p><u>Supervisori</u>: Prof. Annalisa Marchi, Dott. Matteo Falzoi</p>

Ulteriori informazioni pertinenti

Capacità e competenze tecniche	<ul style="list-style-type: none"> • Estrazione e quantificazione degli acidi nucleici • Elettroforesi su gel di agarosio • PCR, PCR multiplex e Real Time PCR • Sequenziamento Sanger del DNA • Illumina SNP-array (protocollo “Infinium HD Assay Super”, analisi dei dati) • Next Generation Sequencing: Targeted Resequencing mediante “Ion Torrent Technology” (piattaforma Ion Torrent PGM) (preparazione delle librerie, preparazione dei templati, sequenziamento, analisi dei dati); Whole exome sequencing (analisi dei dati) • Colture di linee cellulari tumorali 2D • Illumina Infinium Methylation Array • Analisi di metilazione di specifici loci CpG (Bisulfite PCR e sequenziamento, MethyLight, qMSP, pyrosequencing) • Clonaggio e preparazione plasmidi
---------------------------------------	---

	<ul style="list-style-type: none"> • Generazione e concentrazione di particelle virali • Allestimento di organoidi da tessuti di colon • Methylation editing (CRISPR-dCas9) • Utilizzo della piattaforma Wes Protein Simple (Western Blot automatizzato)
<p>Conoscenze competenze informatiche bioinformatiche</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Ottima conoscenza del sistema operativo MS Windows™ • Discreta conoscenza del sistema operativo UNIX • Ottime capacità di ricerca e navigazione sul WEB • Ottima conoscenza del pacchetto Microsoft Office™ (Word™, Excel™, Power Point™, Outlook™) • Discreta conoscenza del software R <p>Buona conoscenza di database pubblici (NCBI, PDB, Swiss-Prot, UCSC, Ensembl, TCGA, ICGC, 1000Genomes project, Exome Sequencing project)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Buona capacità di utilizzo di tools bionformatici • Ottima capacità di utilizzo dei motori di ricerca più diffusi • Analisi dati derivanti da Next Generation sequencing mediante l'utilizzo di: software per l'allineamento delle sequenze (Bowtie2); controllo della qualità dei dati di sequenza (FastQC); software per la chiamata di varianti genetiche (GATK, Picard tools, Samtools); software per l'annotazione (Annovar); scrittura di procedure per l'analisi delle sequenze (BASH scripting); progettazione, sviluppo e mantenimento di database relazionali (PostgreSQL); sviluppo di workflow per l'analisi completa di dati di Targeted Resequencing e Whole Exome Sequencing • Analisi dati derivanti da SNP-array: software di analisi dati (GenomeStudio, PennCNV) • Analisi del metiloma a partire dai dati grezzi: RnBeads, script in linguaggio R • Analisi dati <i>in silico</i> di genomica ed epigenomica