

FORMATO EUROPEO  
PER IL CURRICULUM  
VITAE



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome **DI BELLA SEBASTIANO**  
Indirizzo **VIALE PASTEUR 10, 20132 NERVIANO (MI)**  
Telefono **02 90 00 00 00**  
Pec **[sebastianodibella83@pec.it](mailto:sebastianodibella83@pec.it)**  
E-mail **[sebydibella@gmail.com](mailto:sebydibella@gmail.com)**  
Nazionalità **Italiana**  
Data di nascita **01/07/1983**

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da - a) 01/07/2022 - 30/06/2024
- Nome e indirizzo del datore di lavoro AUOP Paolo Giaccone Palermo
- Tipo di azienda o settore AUOP
- Tipo di impiego Bioinformatico / Ricerca
- Principali mansioni e responsabilità
  - PROGETTO OBIETTIVO PSN 2015 AZIONE 6.2 DAL TITOLO "BIOMARCATORI SPECIFICI PER LA RISPOSTA ALLE TERAPIE DI PRECISIONE"
  
- Date (da - a) 01/11/2022 - 07/03/2023
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Università degli Studi di Palermo - Via del Vespro 131
- Tipo di azienda o settore Università
- Tipo di impiego Bioinformatico / Ricerca
- Principali mansioni e responsabilità
  - Bioinformatico / Ricercatore nel progetto di ricerca dal titolo "Screening molecolare delle patologie oncologiche-chirurgiche" sul Progetto "Mapping Genotype to phenotype for breast and colorectal cancer stem cells: implications and perspective in cancer therapy" Codice Progetto CON-0172
  
- Date (da - a) 01/06/2015 - 30/06/2022
- Nome e indirizzo del datore di lavoro NERVIANO MEDICAL SCIENCES, Viale Pasteur 10, Nerviano (MI)
- Tipo di azienda o settore Azienda Farmaceutica

- Tipo di impiego
  - Principali mansioni e responsabilità
- Ricercatore / Bioinformatico
- Sviluppo Pipeline DNaseq e Data Analysis
  - Sviluppo Pipeline RNASeq e Data Analysis
  - Sviluppo Pipeline miRNASeq e Data Analysis
  - Data Analysis con R/Bioconductor e Python

- Integration Omics Data (CCLE, DepMap, TCGA, COSMIC ect)
  - Machine Learning / AI Analysis
  - Statistical Analysis
- Date (da - a) 01/11/2012 - 30/05/2013
  - Nome e indirizzo del datore di lavoro Bench srl, Catania
  - Tipo di azienda o settore Spin-off Università di Catania
  - Tipo di impiego Programmatore
  - Principali mansioni e responsabilità
    - Sviluppo di un algoritmo per la gestione e ottimizzazione delle giacenze nei magazzini
- Date (da - a) 15/11/2012 - 14/12/2012
  - Nome e indirizzo del datore di lavoro Dipartimento di Scienze Politiche e Sociali, Università degli Studi di Catania
  - Tipo di azienda o settore Università di Catania
  - Tipo di impiego Programmatore / Consulente
  - Principali mansioni e responsabilità
    - Sviluppo del Software E-liot, in collaborazione con il comune di Catania e l'Università di Scienze Sociali, per il perfezionamento di un sistema per l'attribuzione di voucher per minori disagiati.
- Date (da - a) 03/05/2011 - 03/08/2011
  - Nome e indirizzo del datore di lavoro Dipartimento dei Processi Formativi dell'Università degli Studi di Catania
  - Tipo di azienda o settore Università di Catania
  - Tipo di impiego Ricercatore / Bioinformatico
  - Principali mansioni e responsabilità
    - Studio del ruolo dei micro-RNA nel trattamento della Sclerosi Tuberosa (TS)

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Date (da - a) 01/06/2013 - 30/05/2015
  - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione NERVIANO MEDICAL SCIENCES (PON 01\_02418)
  - Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio
    - Bioinformatica
    - Biostatistica
    - Genomica e Farmacogenomica
    - Biologia Molecolare
  - Qualifica conseguita Nuove figure di specialisti di tecnologie avanzate per l'identificazione e analisi di biomarcatori nel settore oncologico
- Date (da - a) 01/01/2010 - 31/10/2012
  - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Università degli studi di Catania
  - Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio
    - Database di miRNA circolanti (miRandola)
    - Creazione di un sistema per l'integrazione di informazioni biologiche (geni, miRNA, drug, side effect, transcription factor, proteine), in network.
    - Assistente della Prof.ssa Rosalba Giugno (Corso Basi di Dati AA2011/2012)
    - Collaboratore:
      - Progetto PRIN per creazione bot/spider per raccolta dati automatica da pagina web
      - Progetto con il Comune di Catania per un sistema di rilascio di voucher
  - Qualifica conseguita Dottorato di Ricerca in Patologia e Ematologia, Clinica, Sperimentale e Computazionale

- Date (da - a) 29/04/2009
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Università degli studi di Catania
- Qualifica conseguita Laurea Specialistica in Informatica Votazione 110/110  
Tesi: Tecniche di Data Mining per l'identificazione di pattern ripetuti in sequenze biologiche
  
- Date (da - a) 01/04/2006
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Università degli studi di Catania
- Qualifica conseguita Laurea Triennale in Informatica Votazione 106/110  
Tesi: Sviluppo di tool per algoritmi di web mining e testing

## CAPACITÀ E COMPETENZE

### PERSONALI

*Acquisite nel corso della vita e della carriera ma non necessariamente riconosciute da certificati e diplomi ufficiali.*

MADRELINGUA

**ITALIANO**

ALTRE LINGUA

### INGLESE

Buono

PROFICUO

PROFICUO

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale

CAPACITÀ E COMPETENZE  
RELAZIONALI

Possiedo buone competenze comunicative acquisite durante la mia esperienza di tutor svolte durante le attività di stage e nelle diverse esperienze professionali citate

CAPACITÀ E COMPETENZE  
ORGANIZZATIVE.

Sono in grado di organizzare autonomamente il lavoro, definendo priorità e assumendo responsabilità acquisite durante le attività professionali e di dottorato nelle quali mi è sempre stato richiesto di gestire autonomamente le diverse attività rispettando le scadenze e gli obiettivi prefissati.

CAPACITÀ E COMPETENZE  
TECNICHE

- Strumenti Office (Microsoft, Open e WPS)
- Sistemi Operativi: Windows, Linux (Ubuntu e CentOS)
- Grafica: Photoshop
- Linguaggi di programmazione:
  - Python
  - R/Bioconductor
  - Ruby
  - Java
  - C/C++
  - CSS
  - HTML
  - PHP
  - Perl

PATENTE O PATENTI

A, B

- **EBF1, MYO6 and CALR expression levels predict therapeutic response in diffuse large B-cell lymphomas**
  - Alice Turdo, Miriam Gaggianesi, Caterina D'Accardo, Gaetana Porcelli, Sebastiano Di Bella, Dario Cricchio, Irene Pillitteri, Rossana Porcasi, Melania Lo Iacono, Francesco Verona, Chiara Modica, Narges Roozafzay, Ada Maria Florena, Giorgio Stassi, Salvatrice Mancuso, Matilde Todaro, *Frontiers in Immunology*, 2023
- **Recapitulating thyroid cancer histotypes through engineering embryonic stem cells**
  - V. Veschi, A. Turdo, C. Modica, F. Verona, S. Di Franco, M. Gaggianesi, E. Tirrò, S. Di Bella, M. Lo Iacono, V. D. Pantina, G. Porcelli, L.R. Mangiapane, P. Bianca, A. Rizzo, E. Sciacca, I. Pillitteri, V. Vella, A. Belfiore, M.R. Bongiorno, G. Pistone, L. Memeo, L. Colarossi, D. Giuffrida, C. Colarossi, P. Vigneri, M. Todaro, G. Stassi [*Nature Communications* , 10.1038/s41467-023-36922-1, 2023]
- **RNAdetector: a free user-friendly stand-alone and cloud-based system for RNA-Seq data analysis**
  - A. La Ferlita, S. Alaimo, **S. Di Bella**, E. Mariorana, G. I. Laliotis, F. Bertoni, L. Cascione, P. N. Tsihliis, A. Ferro, R. Bosotti, A. Pulvirenti [*BMC Bioinformatics* <https://doi.org/10.1186/s12859-021-04211-7>, 2021]
- **Mining potentially actionable kinase gene fusions in cancer cell lines with the kuNG FU database**
  - **S. Di Bella** , A. Somaschini, C. Cusi, A. Leone, G. Carapezza, T. Mazza, A. Isacchi, R. Bosotti [*Scientific Data* <https://doi.org/10.1038/s41597-020-00761-2> 2020]
- **A benchmarking of pipelines for detecting ncRNAs from RNA Seq data**
  - **S. Di Bella**, A. La Ferlita, G. Carapezza, S. Alaimo, A. Isacchi, A. Ferro, A. Pulvirenti, R. Bosotti [*Briefing in bioinformatics* <https://doi.org/10.1093/bib/bbz110> 2020]
- **Kung Fu (kinase Gene Fusion): An Interactive Database Of Validated Kinase Gene Fusions In Human Cancer Cell Lines**
  - A. Somaschini, A. Leone, C. Cusi, G. Carapezza , L. Raddrizzani, T. Mazza, A. Isacchi, R. Bosotti, **S. Di Bella** [Poster BITS June 2019]
- **Rnadetector: A Comprehensive Rna seq Pipeline For Gene Expression And Non coding Rnas Analysis**
  - A. La Ferlita, **S. Di Bella** , S. Alaimo S , G. Carapezza, A. Isacchi, A. Ferro, R. Bosotti, A. Pulvirenti [Poster BITS June 2019]
- **King rex (kinase Gene Rna Expression): A Ngs Targeted Rna Custom Panel For Comprehensive Whole Kinome Gene Expression Profiling**
  - G. Carapezza, C. Cusi, E. Rizzo, L. Raddrizzani, **S. Di Bella**, A. Somaschini, A. Leone, R. Lupi, M. Mutarelli, V. Nigro, D. di Bernardo, P. Magni, A. Isacchi, R. Bosotti [Poster BITS June 2019]
- **Comprehensive kinome KGS targeted expression profiling by KING REX**
  - G. Carapezza, C. Cusi, E. Rizzo, L. Raddrizzani, **S. Di Bella**, A. Somaschini, A. Leone, R. Lupi, M. Mutarelli, V. Nigro, D. di Bernardo, P. Magni, A. Isacchi, R. Bosotti [*BMC Genomics* <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5676-3> April 2019]
- **Investing miRNA lncRNA Interactions: Computational Tools and Resources**
  - D. Veneziano, GP Marceca, **S. Di Bella** , G. Nigita, R. Distefano, CM Croce [*MicroRNA Target Identification* 251 277 <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-92072-14>]
- **PATRI, a Genomics Data Integration Tool for Biomarker Discovery**
  - G. Ukmar, G. E. M. Melloni, L. Raddrizzani, P. Rossi, **S. Di Bella**, M. R. Pirchio, M. Vescovi, A. Leone, M. Callari, M. Cesarini, A. Somaschini, G. Della Vedova, M. G. Daidone, M. Pettenella, A. Isacchi, and R. Bosotti [*BioMed Research International* Volume 2018, Article ID 2012078, 13 pages, <https://doi.org/10.1155/2018/2012078>]
- **Establishment and genomic characterization of the new chordoma cell line Chor IN 1**
  - Bosotti R., Magnaghi P., **Di Bella S.**, Cozzi L., Cusi C., Bozzi F., Beltrami N., Carapezza G., Ballinari D., Amboldi N., Lupi R., Somaschini A., Raddrizzani L., Salom B., Galvani A., Stacchiotti S., Tamborini E., Isacchi A. [*Scientific Reports* doi: 10.1038/s41598-017-10044-3 Dec 2017]
- **miRandola 2017: a curated knowledge base of non invasive biomarkers**
  - Russo F., **Di Bella S.**, Vannini F., Berti G., Scoyni F., V. Cook H., Santos A., Giovanni N. N., Bonnici V., Laganà A., Geraci F., Pulvirenti A., Giugno R., De Masi F., Belling K., J. Jensen L., Brunak S., Pellegrini M., Ferro A. [*Nucleic Acids Research* doi: 10.1093/nar/gkx854 Sept 2017]
- **Non coding RNA: current deep sequencing data analysis tools and challenges**
  - Veneziano D., **Di Bella S.**, Nigita G., Laganà A., Ferro A., Croce C. M. [*Human Mutation: Variation, Informatics and Disease* doi : 10.1002/humu.23066]
- **KAOS: a new automated computational method for the identification of overexpressed genes**
  - Nuzzo A., Carapezza G., **Di Bella S.**, Pulvirenti A., Isacchi A., Bosotti R., [*BMC Bioinformatics*. 2016; 17(Suppl 12): 5-14 doi: 10.1186/s12859-016-1188-1]
- **miRandola 2016: the latest versione of the circulating RNA database**
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Vannini F., Berti G., Scoyni Laganà A., Pulvirenti A., Giugno R., Pellegrini M., Belling K., Brunak S., Ferro A. [*Research* 2016, 5:724 {doi: 10.7490/f1000research.1111760.1} [Poster: Biocuration2016]

- Cloud based NGS data analysis of KM12 cell line
  - Rizzo E., Bosotti R., Carapezza G., Di Bella S., Isacchi A., Bellazzi R., [UCSC COAT RNA Informatics Summer School 2015, University of California, Santa Cruz, US]

## PUBBLICAZIONI

- miRandola database: The future of non invasive diagnosis through circulating miRNA biomarkers
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Laganà A., Scoyni F., Vannini F., Berti G., Pulvirenti A., Giugno R., Pellegrini M., Ferro A. [Poster: EACR AACR SIC 2015 Special Conference, Firenze, Italia]
- The Gatekeeper through evolution
  - **Di Bella S.**, Alli C., Carapezza G., Pulvirenti A., Isacchi A., Bosotti R. [Poster: BITS 2015]
- A new automated computation method for the identification of everexpressed genes in public knowledge bases
  - Nuzzo A., Carapezza G., **Di Bella S.**, Pulvirenti A., Isacchi A., Bosotti R., [Poster: BITS 2015]
- Establishment and characterization of the new sacral chordoma cell line Chor IN 1
  - Magnagni P., Bosotti R., Amboldi N., Cozzi L., Somaschini A., Stacchiotti S., Bozzi F., Tamborini E., Conca E., Pilotti S., Pierotti M. A., **Di Bella S.**, Cusi C., Ballinari D., Galvani A., Salom B., Isacchi A. [Poster: AACR2015 Philadelphia]
- A knowledge base for the discovery of function, diagnostic potential and drug effects on cellular and extracellular miRNAs
  - **Di Bella S.**, Russo F., Bonnici V., Pulvirenti A., Giugno R. R., Ferro A. [BMC Genomics 2014, doi : 10.1186/1471 2164 15 S3 S4]
- miMETA: an online meta analysis tool for the miRandola database
  - **Di Bella S.**, Russo F., Nigita G., Pulvirenti A., Giugno R., Ferro A., [Poster: BITS 2014]
- miRandola: towards a comprehensive resource for non invasive biomarkers
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Laganà A., Pulvirenti A., Giugno R., Pellegrini M., Ferro A. [Poster: FBBS Workshop, Decoding non coding RNAs in development and cancer, Capri 2014]
- Biological network annotation tool with cellular and extracellular miRNA data
  - Russo F., **Di Bella S.**, Bonnici V., Laganà A., D'Aurizio R., Pellegrini M., Pulvirenti A., Giugno R., Ferro A., [ Poster: 10 th Annual Network Biology Symposium & Cytoscape Workshop, Institut Pasteur, Paris: 10/12/2013]
- Extracellular circulating viral microRNAs: current knowledge and perspective
  - Laganà A., Russo F., Veneziano D., **Di Bella S.**, Giugno R., Pulvirenti A., Croce C. M.M., Ferro A. [Frontiers , doi 10.3389/fgene.2013.00120]
- Cellular and Extracellular microRNAs: a systematic comparison of expression profiles and the role of drugs in circulating miRNA levels.
  - **Di Bella S.**, Russo F., Bonnici V., Pulvirenti A., Giugno R., Ferro A. [Poster: BITS 2013]
- The miRandola Database: Function and Diagnostic Potential of Extracellular microRNAs
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Macca V., Laganà A., Giugno R., Pulvirenti A., Ferro A. [Poster: Cambridge 2013]
- miRandola: extracellular circulating microRNAs database
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Laganà A., Giugno R., Pulvirenti A., Ferro A. [PLoS ONE, doi:10.1371/journal.pone.004777]
- An Integrated system for mining relations among microRNA, drugs and phenotype
  - Pulvirenti A., Giugno R., **Di Bella S.**, Nigita G., Macca V., Giummarra A., Garofalo D., Caruso G., Bonnici V., Ferro A. [Poster: BITS 2012]
- miRandola: extracellular circulating microRNAs database
  - Russo F., **Di Bella S.**, Nigita G., Laganà A., Giugno R., Pulvirenti A., Ferro A., [ Poster BITS 2012]

- Presentazioni
- **“Network analysis in systems pharmacology”**
    - Lipari School in collaborazione con la Prof.ssa Rosalba Giugno (Dipartimento di Informatica dell'Università di Catania) e la Prof.ssa Giuseppina Cantarella (Dipartimento di Farmacologia dell'Università di Catania)
  - **“Analysis of TSC pathway by a new miRNA-drug-phenotype tool”**
    - Macca V., Nigita G., **Di Bella S.**, Giugno R., Ferro A., Pulvirenti A. Ruggieri M. – Progetto Superare 2012 – International TSC Congress, Castel Dell'Ovo, Napoli, 2012
- Scuole, Conferenze e Seminari
- Lipari School 2017: Computational Drug Science and High-Precision Medicine
  - Illumina: “Illumina Clinical, Genetic Disease and Microbiology Seminar” 29/Ottobre/2014
  - Illumina: “Using new Technologies to Study the Genetics of Disease” 3/Ottobre/2013
  - Lipari School 2012: Pharmacogenomics
  - “9<sup>th</sup> Annual Meeting of the Bioinformatic Italian Society” 2-4/Maggio/2012
  - “XIV Congress of the Italian Society for Neuroscience” 19-22/Aprile/2012
- 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”.