



● ESPERIENZA LAVORATIVA

PUNTOZERO SCARL – PERUGIA, ITALIA

DATA SCIENTIST – 01/02/2022 – ATTUALE

Elaborazione e analisi dati per la realizzazione di dashboard e report con strumenti di data visualization. Gestione e modellazione di flussi di dati on premise e in cloud.

ICT4LIFE SRL

RICERCATRICE NELLE SCIENZE DELL'INFORMAZIONE – 01/11/2019 – 31/01/2022

Attività principali:

Sviluppo e test di un applicativo per la gestione di progetti e dell'amministrazione contabile.

Configurazione e utilizzo di strumenti cloud per lo storage dei dati e lo sviluppo di applicativi.

Sviluppo di un sistema Optical Character Recognition (OCR) per la lettura automatica di certificati.

Modellazione, stima di parametri e robustezza di modelli matematici di reti biologiche e modelli epidemiologici su COVID-19.

ICT4LIFE SRL

RICERCATRICE NELLE SCIENZE DELL'INFORMAZIONE - PART TIME – 20/09/2018 – 19/09/2019

Attività di ricerca in collaborazione con il laboratorio di Systems Biology del Prof. Andrea Califano (Columbia University, New York).

CALIFANO LAB, DEPARTMENT OF SYSTEMS BIOLOGY, COLUMBIA UNIVERSITY

STAFF ASSOCIATE - VISITING PHD STUDENT – 09/2018 – 08/2019

Attività principali: applicazione e sviluppo di algoritmi per l'analisi di dati di genomica e proteomica di campioni di tumore al polmone, nel settore della Cancer Systems Biology.

DIPARTIMENTO DI INGEGNERIA, UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PERUGIA

TUTOR UNIVERSITARIA PER IL CORSO DI ANALISI 1 DI INGEGNERIA INFORMATICA ED ELETTRONICA – 21/09/2017 – 15/12/2017

Attività principali: svolgimento di esercitazioni in classe e supporto agli studenti.

LABORATORIO DI BIOLOGIA MOLECOLARE, ONCOLOGIA MEDICA DELL'AZIENDA OSPEDALIERA DI PERUGIA

BORSA DI RICERCA DI AVANTI TUTTA ONLUS IN CANCER SYSTEMS BIOLOGY – 01/04/2016 – 31/08/2016

Borsa di studio di Avanti Tutta Onlus per attività di ricerca nel settore della Cancer Systems Biology in collaborazione con la George Mason University (Manassas, Virginia, USA) e il Dipartimento di Ingegneria dell'Università di Perugia. Progetto: "KRAS pathway activation in lung ADs: clinical implication and development of computational models for target therapy".

Attività principali: sviluppo di una pipeline basata su tecniche di machine learning per l'analisi dati di proteomica. Costruzione di modelli matematici di reti di proteine nel tumore al polmone.

GEORGE MASON UNIVERSITY

BORSA DI STUDIO DI AVANTI TUTTA ONLUS – 09/10/2015 – 07/01/2016

Periodo di ricerca presso il Center for Applied Proteomics and Molecular Medicine (CAPMM, Prof.ssa Mariaelena Pierobon) della George Mason University in collaborazione con il Laboratorio di Biologia Molecolare dell'Oncologia Medica dell'Ospedale di Perugia e il Dipartimento di Ingegneria dell'Università di Perugia.

Progetto: "KRAS pathway activation in lung ADs: clinical implication and development of computational models for target therapy".

Attività principali: sviluppo di una pipeline basata su tecniche di machine learning per l'analisi dati di proteomica.
Costruzione di modelli matematici di reti di proteine nel tumore al polmone.

● **ISTRUZIONE E FORMAZIONE**

30/07/2021 Roma, Italia

ABILITAZIONE ALL'INSEGNAMENTO PER LA CLASSE DI CONCORSO A-041 SCIENZE E TECNOLOGIE INFORMATICHE Ministero dell'Istruzione

Indirizzo Viale Trastevere, 76/a, 00153, Roma, Italia

01/11/2016 – 31/10/2019 Perugia, Italia

DOTTORATO DI RICERCA INTERNAZIONALE IN INGEGNERIA INDUSTRIALE E DELL'INFORMAZIONE - XXXII CICLO Dipartimento di Ingegneria, Università degli Studi di Perugia

Progetto di ricerca: "Metodi e tecniche di Computational Systems Biology per la modellazione, la simulazione, l'analisi e l'inferenza di reti biologiche, basati su dati omici per lo sviluppo di nuove terapie per l'oncologia".

Corsi seguiti: "Machine learning e data mining" e "Models and technologies for Big Data".

Attività principali: applicazione di tecniche di machine learning per la classificazione delle proteine nel tumore al polmone.

Progettazione e sviluppo di un algoritmo per la stima di parametri e l'analisi di robustezza di reti biologiche rappresentate da modelli matematici.

Terzo anno presso il Systems Biology Lab (Columbia University, New York, USA): sviluppo e applicazione di algoritmi per l'analisi di dati di genomica e proteomica.

Tesi Systems Biology approaches for personalized medicine: parameter estimation of dynamical mathematical models and network based enrichment analysis in proteomic data

07/2016 Italia

ABILITAZIONE ALL'ESERCIZIO DELLA PROFESSIONE DI INGEGNERE, SETTORE ICT. Università degli Studi di Perugia

11/2013 – 19/02/2016 Perugia, Italia

LAUREA MAGISTRALE IN INGEGNERIA INFORMATICA E DELL'AUTOMAZIONE Dipartimento di Ingegneria, Università degli Studi di Perugia

Basi di dati, reti di telecomunicazioni, robotica e automazione, ingegneria del software

Voto finale 110/110 e lode | **Tesi** Automatic methods for modeling biochemical cellular network based on proteomic data.

09/2010 – 13/11/2013 Perugia, Italia

LAUREA DI PRIMO LIVELLO IN INGEGNERIA INFORMATICA ED ELETTRONICA Dipartimento di Ingegneria, Università degli Studi di Perugia

Informatica, automatica, elettronica e telecomunicazioni.

Voto finale 110/110 e lode |

Tesi Strumenti software per la elaborazione automatica di immagini derivanti da processi di immunofluorescenza e verifica sperimentale.

14/05/2010 Perugia, Italia

FIRST CERTIFICATE IN ENGLISH (LEVEL B2) University of Cambridge

2005 – 2010 Perugia, Italia

DIPLOMA DI MATURITÀ CLASSICA Liceo Classico Statale "Annibale Mariotti"

Voto finale 100/100

● **COMPETENZE LINGUISTICHE**

Lingua madre: **ITALIANO**

Altre lingue:

	COMPRESIONE		ESPRESSIONE ORALE		SCRITTURA
	Ascolto	Lettura	Produzione orale	Interazione orale	
INGLESE	B2	B2	B2	B2	B2

Livelli: A1 e A2: Livello elementare B1 e B2: Livello intermedio C1 e C2: Livello avanzato

● PUBBLICAZIONI

Pubblicazioni in riviste internazionali

C. Antonini, S. Calandrini, F. Bianconi (2022) : "Robustness analysis for quantitative assessment of vaccination effects and SARS-CoV-2 lineages in Italy". BMC Infectious Diseases

<https://doi.org/10.1186/s12879-022-07395-2>

C. Antonini, S. Calandrini, F. Bianconi, (2021), "A Modeling Study on Vaccination and Spread of SARS-CoV-2 Variants in Italy", Vaccines, 9(8), 915.

<https://doi.org/10.3390/vaccines9080915>

C. Antonini, S. Calandrini, F. Stracci, C. Dario, F. Bianconi, (2020). Mathematical Modeling and Robustness Analysis to Unravel COVID-19 Transmission Dynamics: The Italy Case. Biology, 9(11), 394.

<https://doi.org/10.3390/biology9110394>

F. Bianconi, C. Antonini, L. Tomassoni, P. Valigi, (2020). Application of conditional robust calibration to ordinary differential equations models in computational systems biology: A comparison of two sampling strategies. IET systems biology, 14(3), 107-119.

[10.1049/iet-syb.2018.5091](https://doi.org/10.1049/iet-syb.2018.5091)

F. Bianconi, L. Tomassoni, C. Antonini, P. Valigi, (2020). A new Bayesian methodology for nonlinear model calibration in Computational Systems Biology. Frontiers in Applied Mathematics and Statistics, 6, 25.

<https://doi.org/10.3389/fams.2020.00025>

F. Bianconi, C. Antonini, L. Tomassoni, P. Valigi, (2019). CRA toolbox: Software package for conditional robustness analysis of cancer systems biology models in MATLAB. BMC bioinformatics, 20(1), 1-19.

<https://doi.org/10.1186/s12859-019-2933-z>

F. Bianconi, C. Antonini, L. Tomassoni, P. Valigi, (2018). Robust Calibration of High Dimension Nonlinear Dynamical Models for Omics Data: An Application in Cancer Systems Biology. IEEE Transactions on Control Systems Technology, (99), 1-12.

[10.1109/TCST.2018.2844362](https://doi.org/10.1109/TCST.2018.2844362)

V. Ludovini, R. Chiari, L. Tomassoni, C. Antonini, E. Baldelli, S. Baglivo, ... , E. Petricoin (2017). Reverse phase protein array (RPPA) combined with computational analysis to unravel relevant prognostic factors in non- small cell lung cancer (NSCLC): a pilot study. Oncotarget, 8(47), 83343.

[10.18632/oncotarget.18480](https://doi.org/10.18632/oncotarget.18480)

C. Antonini, S. Calandrini, F. Stracci, C. Dario, F. Bianconi, (2020, October), "Dynamical modeling, calibration and robustness analysis of COVID-19 using Italian data", In 2020 IEEE 20th International Conference on Bioinformatics and Bioengineering (BIBE) (pp. 452-457). IEEE.

10.1109/BIBE50027.2020.00079

Articoli in conferenze

Abstract e poster in conferenze

C. Antonini, S. Calandrini, F. Bianconi, "Model calibration with Italian data to study the impact of SARS-CoV-2 lineages and the vaccination plan on transmissibility", MCHBS2021 Virtual Workshop, Mathematical Modelling and Control for Healthcare and Biomedical Systems, 28-30 September 2021

(Presentazione orale)

C. Antonini, S. Calandrini, F. Bianconi, Modeling vaccinations and the transmission dynamics of SARS-CoV-2 variants in Italy, AUTOMATICA.IT 2021 Workshop, Virtual Edition, September 8-9-10 Catania

(Presentazione orale)

C. Antonini, G. Rosenberger, F. Bianconi, L. Tomassoni, V. Ludovini, S. Baglivo, S. Calandrini, E. Baldelli, M. Pierobon, EF. Petricoin, A. Califano. "Quantitative assessment of drug combination effects in NSCLC cell lines through network-based analysis of functional protein activity "[abstract]. In: Proceedings of the Annual Meeting of the American Association for Cancer Research 2020; 2020 Apr 27-28 and Jun 22-24. Philadelphia (PA): AACR; Cancer Res 2020;80(16 Suppl):Abstract nr 4384.

(Poster)

C. Antonini, S. Calandrini, F. Stracci, C. Dario, F. Bianconi, P. Valigi, Model calibration and robustness analysis of COVID-19 with Italian data, AUTOMATICA.IT Workshop 2020 Virtual Edition, 9-11 Settembre

(Presentazione orale)

L. Tomassoni, C. Antonini, P. Valigi, F. Bianconi: "CRA Toolbox: a Matlab package for conditional robustness analysis of mathematical models in Cancer Systems Biology". 19th International Conference on Systems Biology, September 2018, Lyon, France.

(Poster)

C. Antonini, L. Tomassoni, S. Baglivo, E. Baldelli, E. Petricoin, M. Pierobon, L. Crinò, V. Ludovini, P. Valigi, F. Bianconi: "Machine learning pipeline for pathways analysis with reverse phase microarray data of non-small cell lung cancer cell lines and different drugs". 19th International Conference on Systems Biology, September 2018, Lyon, France

(Presentazione orale).

C. Antonini, L. Tomassoni, E. Baldelli, V. Ludovini, S. Baglivo, M. Pierobon, EF. Petricoin, L. Crinò, P. Valigi, F. Bianconi. "Dynamic network topologies analysis in proteomics data of NSCLC cell lines using a new pipeline based on machine learning tools" [abstract]. In: Proceedings of the American Association for Cancer Research Annual Meeting 2018; 2018 Apr 14-18; Chicago, IL. Philadelphia (PA): AACR; Cancer Res 2018;78(13 Suppl):Abstract nr 2254

(Poster)

F. Bianconi, L. Tomassoni, C. Antonini, R. Chiari, E. Baldelli, M. Pierobon, S. Baglivo, E. F Petricoin, P. Valigi, L. Crinò, V. Ludovini: "A case series study using RPPA data and computational analysis underscores the complex signaling pathways in lung cancer". 17th International Conference on Systems Biology, September 2016, Barcelona, Spain .

(Poster)

F. Bianconi, L. Tomassoni, C. Antonini, L. Crinò, E. Baldelli, M. Pierobon, S. Baglivo, E. F Petricoin, P. Valigi, R. Chiari, V. Ludovini: "Calibration of predictive mathematical models for cancer signaling using Reverse Phase Protein Microarray cell lines data". 17th International Conference on Systems Biology, September 2016, Barcelona, Spain.

(Poster)

F. Bianconi, R. Chiari, C. Antonini, L. Tomassoni, E. Baldelli, M. Pierobon, S. Baglivo, E.F Petricoin, P. Valigi, L. Crinò, V. Ludovini: "Automatic methods for modeling biochemical cellular networks based on proteomic data". 17th International Conference on Systems Biology, September 2016, Barcelona, Spain.

(Poster)

● **PATENTE DI GUIDA**

Patente di guida: B

● **CORSI, SEMINARI E CONVEGNI**

09/09/2020 – 11/09/2020

AUTOMATICA.IT 2020 Virtual edition, Società Italiana Docenti e Ricercatori in Automatica (SIDRA)

24/04/2020

"Modeling and control of the COVID-19 outbreak", online workshop, IEEE CSS Italy e Consiglio Nazionale delle Ricerche

25/07/2018 – 29/07/2018

5th International Synthetic & Systems Biology Summer School, Certosa di Pontignano, Siena, Italy.

09/05/2018 – 11/05/2018

3rd SYSBIO School on Computational Systems Biology, IASI-CNR, Roma, Italia.

14/04/2018 – 18/04/2018

American Association for Cancer Research (AACR) Annual Meeting 2018, Chicago, Illinois (USA)

22/01/2018 – 26/01/2018

Winter School On Biotechnology, Polo Didattico di Medicina, Università di Perugia, Perugia, Italia.

16/11/2017

Design of Molecular Circuits for the Realization of Synthetic Biological Control Systems", Prof. Carlo Cosentino, IASI-CNR, Roma, Italia.

17/09/2017 – 23/09/2017

SMARTER ENGINEERING FOR INDUSTRY 4.0: 3RD IEEE ITALY SECTION PHD SUMMER SCHOOL, Dipartimento di Ingegneria, Università di Perugia, Perugia, Italia.

04/04/2017

"Data Science, una scienza per la crescita sociale ed economica", Dipartimento di Ingegneria, Università di Perugia, Perugia, Italia.

08/03/2017

"Epigenetic programming of human hematopoietic stem cells in health and disease", Prof. M.E.Figueroa, Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università di Perugia, Perugia, Italia.

13/07/2016

"Immuno-oncology: state of art and update", Associazione Italiana di Oncologia Medica (AIOM), Centro di Ricerca Emato-Oncologico (CREO), Perugia, Italia.

04/05/2016 – 06/05/2016

Training for HiSeq2500 System, Illumina, Inc., Ospedale Santa Maria della Misericordia, Perugia, Italia.

27/04/2016 – 29/04/2016

Personal Genome Machine (PGM) system operational training, Ospedale Santa Maria della Misericordia, Perugia, Italia.

21/04/2016

Multicolor Flow Cytometry, Didactic Workshop, Dipartimento di Medicina, Università di Perugia, Italia.

12/10/2015 – 13/10/2015

5th Global Reverse Phase Protein Array (RPPA) Workshop, George Mason University, Manassas, Virginia, USA.

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel CV ai sensi dell'art. 13 d. lgs. 30 giugno 2003 n. 196 - "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 GDPR 679/16 - "Regolamento europeo sulla protezione dei dati personali".

