

# Curriculum Vitae

## BACCHI SARA

 Viale Montegrappa 3, 27100, Pavia (PV), Italia

 3939171566

 sara.bacchi01@gmail.com

Data di nascita: 09/03/1992

Nazionalità: Italiana

### ISTRUZIONE E FORMAZIONE

---

2011 presso voto conseguito	<b>Maturità scientifica</b> Liceo Enrico Fermi di Pavia 94/100
Nov 2014 – Feb 2015 presso	<b>Tirocinio curriculare di laboratorio</b> Laboratorio di Microbiologia e Microbiologia Clinica del Dipartimento di Scienze Clinico-Chirurgiche, Diagnostiche e Pediatriche dell'Università degli Studi di Pavia
Apr 2015 presso titolo tesi voto conseguito	<b>Laurea Triennale in Biotecnologie</b> Laboratorio di Microbiologia e Microbiologia Clinica del Dipartimento di Scienze Clinico-Chirurgiche, Diagnostiche e Pediatriche dell'Università degli Studi di Pavia <i>Diagnostica delle beta-lattamasi a spettro esteso nelle Enterobacteriaceae</i> 91/110
Feb 2017 – Nov 2017 presso	<b>Tirocinio per tesi sperimentale di Laurea Magistrale</b> Laboratorio di Analisi Genetiche del Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente (D.STA) dell'Università degli Studi di Pavia
Nov 2017 presso titolo tesi voto conseguito	<b>Laura Magistrale in Biotecnologie Mediche e Farmaceutiche</b> Laboratorio di Analisi Genetiche del Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente (D.STA) dell'Università degli Studi di Pavia. <i>Analisi metagenomica del microbiota intestinale in soggetti affetti da malattia di Alzheimer</i> 110/110

# Curriculum Vitae

Nov 2017 - Mag 2018 presso attività svolta	<b>Collaboratore volontario</b> Laboratorio di Analisi Genetiche del Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente (D.STA) dell'Università degli Studi di Pavia Metodiche di estrazione di materiale genetico (DNA, RNA) da diverse matrici biologiche e da tracce; produzione di ampliconi metagenomici; analisi di sequenza; elaborazione di dati bioinformatici e statistici. Partecipazione al progetto di ricerca STUDY OF THE MICROBIOTA COMPOSITION IN ADULT CELIAC DISEASE finanziato da AIC (FC Call for Proposals 2015), P.I. Rachele Ciccocioppo
Mag 2018 - Lug 2018 presso attività svolta	<b>Stage lavorativo retribuito</b> LabAnalysis s.r.l. di Casanova Lonati PV (laboratorio per controlli chimici, fisici, microbiologici), sezione ricerca e sviluppo Ricerca ed identificazione di contaminati batterici e fungini in campioni ad uso alimentare, identificazione e dosaggio di allergeni, ricerca di nitrosammine, valutazione della stabilità di preparati farmaceutici, determinazione della dimensione particellare di campioni del settore farmaceutico ed alimentare
Ago 2018 - oggi presso attività svolta	<b>Collaboratore volontario</b> Laboratorio di Analisi Genetiche del Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente (D.STA) dell'Università degli Studi di Pavia Analisi statistiche per la stesura della relazione finale del progetto di ricerca STUDY OF THE MICROBIOTA COMPOSITION IN ADULT CELIAC DISEASE finanziato da AIC (FC Call for Proposals 2015). Collaborazione ad una ricerca relativa i funghi patogeni responsabili di onicomicosi: analisi dei dati derivati da sequenziamento NGS ed elaborazione statistica
Nov 2018 - oggi presso attività svolta	<b>Segreteria organizzativa master</b> Università degli Studi di Pavia, Dipartimento di Medicina Interna e Terapia Medica Attività di segreteria organizzativa per i master di II livello in "Ossigeno-Ozono Terapia" e "Medicina geriatrica e cardiologia territoriale e coordinatore di RSA" e per il master di I livello in "Management delle Emergenze sanitarie in ambienti ostili".
5 Feb 2019 - 8 Feb 2019 Promosso da Temi affrontati	<b>Corso "Bioinformatica per 16S-NGS"</b> BMR Genomics, spin-off dell'Università di Padova Introduzione alle analisi bioinformatiche per dati NGS <ul style="list-style-type: none"><li>- Introduzione al corso</li><li>- Utilità dell'ambiente Linux per le analisi</li></ul>

# Curriculum Vitae

- Modalità di analisi con modello client/server
- Formato FASTA
- Formato FASTQ
- Formato SAM
- Formato BED
- Formato GFF/GTF
- Formato VCF
- Comandi per la manipolazione dei file di testo

## Introduzione alla programmazione in Python

- Introduzione a Python
- Strutture dati
- Istruzioni per il controllo del flusso (if, for e while)
- Scrittura di un programma per modificare il formato di un database di sequenze 16S

## Analisi di Qualità di una corsa

- Output del demultiplexing
- Uso di FastQC da riga di comando
- Fusione di paired end reads
- Rimozione degli adattatori con cutadapt

## Analisi di ampliconi 16S

- Introduzione alla metodica e teoria
- Introduzione a QIIME e a USEARCH come ambiente di lavoro
- Introduzione all'esperimento
- Analisi con QIIME 2
- Analisi con USEARCH 10
- Comparazione dei risultati

## COMPETENZE PERSONALI

---

### Conoscenze acquisite

- Metodi di estrazione di acidi nucleici da diverse matrici biologiche (sangue, tessuto, feci, suolo)
- Analisi quantitativa e qualitativa degli estratti di DNA e RNA (metodo spettrofotometrico e colorimetrico)
- Metodiche di amplificazione tramite PCR, PCR real time, PCR-RFLP e PCR nested
- Approccio metagenomico per amplificazione selettiva di comunità batteriche e fungine per analisi NGS su illumina
- Analisi elettroforetica dei prodotti di amplificazione ed estrazione di acidi nucleici da banda
- Sequenziamento Sanger e ripulitura delle sequenze grezze tramite software dedicato
- Identificazione delle sequenze nucleotidiche tramite algoritmo

# Curriculum Vitae

BLAST (NCBI)

- Analisi finale dei risultati del sequenziamento di ampliconi metagenomici: analisi tassonomica, statistica (test t di Student, ANOVA) e di biodiversità (alpha diversità con conoscenza pratica di species richness ed indice di Shannon e comprensione della metrica Chao1; beta diversità con comprensione della metrica UniFrac e della tecnica PCoA)

Strumenti conosciuti ed utilizzati: termociclatore, termociclatore per analisi real time, fluorimetro, spettrofotometro, SDS page, analisi elettroforetica DNA, saggio ELISA, granulometro, gascromatografo, sequenziatore metodo Sanger.

Conoscenza di base della shell, di linguaggio R, python, di comandi qiime2 e usearch10

Lingua inglese Discreta

Competenze digitali Buone

Partecipazione ad attività di ricerca Componente del gruppo di lavoro del Laboratorio di Analisi Genetiche del Dipartimento di Scienze della Terra e dell'Ambiente – Università degli studi di Pavia, coinvolto nel progetto: *STUDY OF THE MICROBIOTA COMPOSITION IN ADULT CELIAC DISEASE* finanziato da AIC (FC Call for Proposals 2015), P.I. Rachele Ciccocioppo, di durata biennale

Pubblicazioni *Study of the bacteriome composition in Alzheimer disease*, Bacchi S. et al., articolo in preparazione

*Metagenomic analysis as a support to clinical diagnosis of onychomycosis*, Guglielminetti M.L., Bacchi S., Lupo G., Capelli E. 2018, articolo in preparazione

## ULTERIORI INFORMAZIONI

---

Mi trovo bene a lavorare sia in team che in modo autonomo ed apprendo volentieri eventuali nuove procedure. Sono automunita e non ho stringente necessità del rispetto di orari.

Patente di guida Patente B

# *Curriculum Vitae*

## Dati personali

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel cv ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 “Codice in materia di protezione dei dati personali” e del GDPR (Regolamento UE 2016/679).