

**Barbara PUCCIO**

Via Roma 86, Tiriolo, CZ

(+39) 339 649 2903

[barbarapuccio.95@gmail.com](mailto:barbarapuccio.95@gmail.com)

<https://www.linkedin.com/in/barbara-puccio-809762b0/>

### **Profilo professionale**

Neolaureata in Ingegneria Biomedica. Non ho esperienza lavorative ma mi ritengo una ragazza molto determinata, riesco ad apprendere velocemente e a fare lavoro di squadra. Riesco a gestire bene il mio tempo e ritengo di avere ottime capacità relazionali. Il mio percorso formativo mi ha permesso di acquisire competenze nel campo delle applicazioni dell'informatica e dell'ingegneria biomedica , sotto l'aspetto del controllo di processi singoli, sotto l'aspetto dell'integrazione di sistemi all'interno dell'intero processo produttivo aziendale o clinico-ospedaliero e per ciò che riguarda la modellizzazione e descrizione di sistemi e segnali anche di interesse medico- biologico.

### **Capacità e competenze**

Informatica/Linguaggi di programmazione/IDE : Microsoft Office, Python, Java, XML, SQL, Eclipse, Geany Sistemi Operativi/ DB: Windows, MacOS, Oracle, MySQL Application Server: Tomcat Altro : Jupyter, Matlab, Copasi, Colab

LINGUE Inglese: livello B2 Italiano: madrelingua

### **Istruzione e formazione**

Giugno 2021

**Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica Università Magna Graecia Di Catanzaro** Elaborazione della tesi sperimentale in ambito di Tecnologie Avanzate di Bioinformatica (Febbraio/Giugno 2021) Titolo Tesi: Network Embedding per l'analisi di Protein Contact Network: Applicazione al Complesso ACE2-SPIKE di SARS-CoV-2. Descrizione Progetto di Tesi: La tesi ha avuto come obiettivo quello di fornire una metodologia alternativa per lo studio delle Protein Contact Network, ossia una

rappresentazione alternativa della struttura proteica sottoforma di grafo ,con lo scopo di rilevare comunità (cluster di nodi) che rappresentano regioni allosteriche (sulle quali poter agire dal punto di visto farmacologico). La rete proteica studiata consiste nel complesso ACE2/Spike, la cui formazione è responsabile dell' ingresso del virus SarsCov2 nelle cellule umane. Attività: - Studio delle Protein contact network(PCN): essa viene costruita a partire dalla posizione dell'alfa- carbonio a cui viene fatta corrispondere la posizione dell'intero aminoacido e si costruisce la matrice di adiacenza del grafo corrispondente alla PCN - Applicazione del Graph embeddings: il grafo viene trasformato in uno spazio di dimensione ridotta, in modo tale da poter accelerare le analisi, preservando al massimo le sue proprietà -

---

Applicazione di vari algoritmi di clustering agli embeddings con l' obiettivo di individuare regioni allosteriche -Utilizzo del software PyMOL per ottenere una rappresentazione della rete proteica. Principali tools utilizzati: Jupyter Notebook, PyMOL, Algoritmo DeepWalk, Algoritmo di Louvain, Algoritmo K-means. Competenze tecniche sviluppate: Lo studio di tesi mi ha aiutato ad aumentare le mie conoscenze degli algoritmi descritti grazie alla loro applicazione a dati reali e inoltre ho migliorato le mie competenze del pacchetto Microso (in particolare Excel e PowerPoint).

Voto laurea 108/110

Marzo 2019

**Laurea Triennale in Ingegneria Informatica e Biomedica Università Magna Graecia Di Catanzaro** Elaborazione della tesi sperimentale in ambito delle Bioimmagini (Novembre 2018/ Marzo 2019) Titolo Tesi: Analisi quantitativa della variazione della risoluzione spaziale in immagini volumetriche TC per la pianificazione pre-operatoria. Descrizione del Progetto di Tesi: L'elaborato ha avuto come obiettivo l'analisi e la valutazione, in termini geometrici e dosimetrici, dell'accuratezza dell'interpolazione su immagini segmentate per la pianificazione pre-operatoria e radioterapica. Nel contesto della pianificazione pre-operatoria la delineazione accurata degli organi (appunto la segmentazione) è una condizione indispensabile, sia per la buona riuscita dell'operazione che per l'ottimizzazione della logistica operativa.

Attività: - Analisi geometrica basata sul campionamento di 4 strutture segmentate, secondo 4 livelli di campionamento e successiva interpolazione per ottenere il volume reale (il livello di campionamento si riferisce alla frequenza con cui vengono segmentate le slice delle immagini TC). - Confronto tra strutture di riferimento e strutture interpolate mediante il calcolo della distanza di Hausdorff, distanza media e coefficiente di dice. - Analisi dosimetrica durante la quale è stato simulato un piano protonterapico. Inizialmente è stato disegnato un target tumorale, le strutture sono state raggruppate in due set (strutture originali e strutture interpolate) e in esse sono stati utilizzati due beam da 16 GY per passare intenzionalmente sulle strutture (ciò è stato effettuato utilizzando un software open source chiamato 3DSlicer). Principali tools utilizzati: 3DSlicer Competenze tecniche sviluppate: Ho approfondito il mio studio sulle immagini di tomografia computerizzata e sulla terapia proton-terapica e ho imparato ad utilizzare un nuovo software (la cui conoscenza mi è servita durante il percorso della magistrale) Voto laurea: 98/110

#### **Additional Information**

AUTORIZZAZIONE ALLA PRIVACY Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel cv ai sensi dell'art. 13 del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 Codice in materia di protezione dei dati personali e dell'art. 13

*Barbara Paoletti*