



## INFORMAZIONI PERSONALI

**Erika Salvi**

 Fondazione IRCCS Istituto Neurologico Carlo Besta  
 UO Neurologia 3  
 Indirizzo: Via Giovanni Antonio Amadeo, 42, 20133 Milano MI, Italia  
 [erika.salvi@istituto-besta.it](mailto:erika.salvi@istituto-besta.it)  
 Sesso: F | *Nazionalità*: Italiana  
 ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2724-2291>

**ESPERIENZA  
PROFESSIONALE**

16/04/2022 – 15/04/2027

**Contratto a tempo determinato di Ricercatore Sanitario**

Neurologia 3 - Cefalee e Neuroalgologia. Fondazione IRCCS Istituto Neurologico Carlo Besta

Coordinamento analisi biopinformatica dei dati applicata alla genomica e alla trascrittomica, utilizzando approcci di associazione genome-wide e di sequenziamento per geni target, esoma, RNA e miRNA. Attività all'interno del Data Science Center per supporto all'analisi dei dati dell'intero Istituto.

05/09/2018 – 31/12/2021

**Contratto di Collaborazione Coordinata Continuativa (co.co.co.)**

Neurologia 3 - Cefalee e Neuroalgologia. Fondazione IRCCS Istituto Neurologico Carlo Besta.

Analisi bioinformatica applicata sia alla genomica che alla trascrittomica, utilizzando il sequenziamento target o dell'esoma applicato alle neuropatie periferiche dolorose. Attiva collaborazione con altre UO fornendo expertise bioinformatica per lo studio di diverse patologie quali Miastenia gravis, Sclerosi laterale amiotrofica, Atrofia muscolare spinale e Demenze.

01/12/2016 – 31/03/2018

**Assegno di ricerca (tipo B)**

Dip. di Scienze della Salute, Università degli Studi di Milano, Milano, Italia

Identificazione di sigature trascrittomiche (Cancro del colon-retto). Analisi dei dati di sequenziamento mirato e esoma (gammopatie monoclonali, dolore neuropatico). Studi farmacogenomici (Consorzio Internazionale di Studi Farmacogenomici per l'ipertensione-ICAPS).

01/01/2012 – 30/11/2016

**Assegno di ricerca (tipo A)**

Dip. di Scienze della Salute, Università degli Studi di Milano, Milano, Italia

Analisi bioinformatica di dati relativi a studi di associazione sull'intero genoma (Ipertensione, Demenza Frontotemporale), farmacogenomica (Consorzio Internazionale degli Studi Farmacogenomici per l'ipertensione) o nutrigenomica. Identificazione di profili genetici per approcci di medicina personalizzata. Partecipazione attiva al gruppo di analisti del Consorzio CKDGen.

01/03/2010 – 31/12/2011

**Assegno di ricerca (tipo B)**

Dip. di Medicina, Chirurgia e Odontoiatria, Università degli Studi di Milano, Milano, Italia

Analisi statistiche per l'identificazione di varianti genetiche comuni responsabili della patogenesi dell'ipertensione essenziale e dei danni d'organo. Identificazione di score genetici di rischio. Partecipazione attiva al gruppo di analisti del Consorzio CKDGen. Sviluppo di un sistema informativo dedicato alla conservazione e gestione dei dati genomici attraverso un database relazionale.

01/12/2006 – 30/11/2009

**Dottorato di Ricerca in Medicina Molecolare**

Dip di Scienze e Tecnologie Biomediche, Università degli Studi di Milano, Milano, Italia

Analisi dei dati in studi di farmacogenomica e GWAS per disturbi cardiovascolari e psichiatrici.

01/09/2006 – 30/11/2007

**Contratto di collaborazione a progetto (co.co.pro)**

Istituto di tecnologie biomediche (ITB), Consiglio Nazionale delle Ricerche(CNR), Segrate (MI), Italia

Modellistica molecolare e analisi dell'interazione proteina-ligando applicando tecniche di docking e dinamica molecolare

- 01/12/2005 – 31/08/2006 **Borsa di Studio**  
Dip. di Scienze dell'ambiente e del territorio (DISAT), Università degli Studi di Milano-Bicocca, Milano, Italia.  
Modellistica molecolare per la caratterizzazione e manipolazione di strutture proteiche 3-D
- 01/01/2003 – 30/04/2003 **Stage**  
Unità di anatomia patologica. Ospedali Riuniti Bergamo - Bergamo  
Approccio sperimentale e computazionale per la correlazione genotipo-fenotipo nella diagnosi molecolare della Sindrome di Alagille e dell'X-fragile.

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

---

- 30/01/2021 **Master di II livello**  
Epidemiologia Genetica Molecolare, Università degli Studi di Pavia, Pavia, Italia  
Thesis: "Incidence of Hypertension and Blood Pressure Changes in Relation to eNOS polymorphism — A Prospective Population Study". Acquisite competenze per le analisi dell'epidemiologia genetica applicata a dati longitudinali.
- Ottobre 2011 **Visiting fellow**  
Biomedical Science Dept. of Cardiovascular Diseases, Sint Rafaël Campus (Leuven, Belgium), mentor Prof. Jan Staessen  
Acquisite competenze per le analisi epidemiologiche su dati longitudinali
- 15/12/2009 **Dottorato di ricerca in Medicina Molecolare**  
Curriculum: Genomica Proteomica e Tecnologie correlate, Università degli studi di Milano, Milano, Italia  
Thesis: "Case-control and pharmacogenomics studies in hypertension. Genome-wide and candidate gene strategies". Acquisite competenze per l'analisi epidemiologica genetica delle malattie complesse e della farmacogenomica
- 08/11/2005 **Laurea magistrale in bioinformatica (110 e lode)**  
Classe 8/S delle lauree specialistiche/magistrali in biotecnologie industriali  
Università degli studi di Milano-Bicocca, Milano, Italia  
Tesi: "Modelling the interaction of steroid receptors with endocrine disrupting chemicals". Acquisita un'approfondita conoscenza dei sistemi biologici e dell'integrazione di discipline informatiche e chimico-biologiche. Acquisite competenze di bioinformatica relative agli approcci in-silico di docking e dinamica molecolare.
- 05/11/2003 **Laurea Triennale in Biotecnologie molecolari (107/110)**  
Università degli studi di Milano-Bicocca, Milano, Italia  
Tesi: Genetic Analysis on Alagille Syndrome. Genotype-phenotype correlation for the molecular diagnosis of Alagille Syndrome. Acquisite competenze tecniche per la diagnosi genetica molecolare.
- Luglio 2000 **Diploma di maturità**  
Liceo Scientifico "Lorenzo Mascheroni", Bergamo (Italia)

## RISULTATI E PREMI

---

- Premi** *Lodewikk Sandkuijl Prize* per una presentazione giudicata eccezionale nel campo della genetica delle malattie complesse e della genetica statistica alla Conferenza europea di genetica umana 2008.
- Attività editoriale** Dal 2011 ad oggi – Reviewer per lavori di giornali scientifici: *Frontiers in genetics*, *Frontiers in neurology*, *Journal of the Peripheral Nervous System*, *Ophthalmic Research*, *Neurological Sciences*, *Scientific reports*, *Journal of hypertension*, *Journal of human hypertension*, *Gene reports*
- Finanziamenti** Fondi 5XMILLE 2018 – RC 2018 progetto: PAIN RISK - Risk stratification of painful peripheral neuropathies (Principal Investigator) - (Rif. Int. RC18.4), 1/10/2021-30/09/2024

**ATTIVITÀ DI INSEGNAMENTO**

11/11/2018	Bioinformatica at Summer School BIO.TRA.IN, Dip. DETO, Università degli Studi di Bari
28/11/2017- 29/11/2017	"Next Generation Sequencing: data-analysis, bioinformatics tools and databases" Laurea Magistrale in Computer Science, Università Ca' Foscari (Venezia)
07/03/2017	"Farmacogenomica: razionale, metodologia e applicazioni", Dottorato medicina molecolare, Università degli Studi di Milano (Milano)
03/10/2016-04/10/2016	" SNP Data Analysis Training Course" - Istituto di Neuroscienze, CNR, (Padova)
30/04/2013	"Pharmacogenomics: Personalized Medicine. Translational research from bench to bedside", Dottorato in Biotecnologie, Università degli Studi dell'Insubria, (Varese)
31/01/2011	"Genome Wide Association Studies", Scuola di specialità in genetica medica, Università degli studi di Milano, (Milano)
12/04/2010	"Pharmacogenomic study in Hypertension using Genome-Wide and Candidate genes Strategies", Scuola di Specialità di Nefrologia, Università degli studi di Milano, (Milano)

**COMPETENZE TECNICHE**

- Applicazione di analisi statistiche ed epidemiologiche per studi di associazione genome-wide o di farmacogenomica
- Competenza nell'implementazione di pipeline di analisi di dati di sequenziamento di ultima generazione (NGS) per approcci di target o exome sequencing: controllo qualità, allineamento, chiamata delle varianti e annotazione
- Competenza nell'implementazione di pipeline di analisi di dati di NGS per approcci di RNA o miRNA sequencing
- Capacità di interrogazione di database per l'annotazione in-silico delle varianti genetiche e per l'analisi delle ontologie o pathways molecolari
- Esperienza nella gestione di grandi quantità di dati provenienti da tecnologie di genotyping o NGS
- Competenza nelle metodologie di docking molecolare
- Utilizzo di cluster di calcolo linux
- Programmazione: buona conoscenza per R e unix