

## ANDREA BONOMO

OCCUPAZIONE DESIDERATA	bioinformatico
ESPERIENZA PROFESSIONALE	
Mag 2022 - alla data attuale	<p><b>Bioinformatico</b> Gestione e manutenzione dello Sporothrix Genome DataBase (SGDB - <a href="http://sporothrixgenomedatabase.unime.it/">http://sporothrixgenomedatabase.unime.it/</a>) Analisi di qualità e pulizia di dati di sequenziamento provenienti da Next e Third Generation Sequencing (NGS/TGS) Sviluppo di pipeline ad hoc per De novo/Hybrid whole genome assembly Allineamento di sequenze nucleotidiche e amminoacidiche Analisi genica correlata alla selezione genica (pressione genica selettiva) Annotazione strutturale e funzionale di genomi e trascrittoni Filogenesi (sia a livello di singolo target che multilocus) Sviluppo di codici in Python / R / bash Creazione di Database biologici Università degli Studi di Messina , Viale Ferdinando Stagno d'Alcontres, 31 - MESSINA (ME) ITALIA <i>Attività o settore</i> R&amp;D e brevetti , istruzione, formazione, ricerca e sviluppo</p>
Mar 2021 - Mar 2022	<p><b>Tirocinio</b> Titolo di tesi: Binding analysis of cyclopeptides using Peptide-Gaussian Accelerated Molecular Dynamics: insight and future perspectives. Relatore : Contini Alessandro. Materia: Bioinformatica strutturale e modellistica molecolare. Votazione finale: 110/110 con lode</p> <p>Analisi 200+ PDBs, Parametrizzazione amminoacidi non naturali, Simulazioni di Dinamica Molecolare e di Peptide-Gaussian Accelerated Molecular Dynamics(Pep-GaMD) Ottimizzazione protocollo Pep-GaMD specifico per ciclopeptidi Utilizzo di AMBER20 e di MOE2020, Docking, Studio e creazione/modifica di script in Bash, Perl, Python Analisi dei dati con Xmgrace, gnuplot e Visual Molecular Dynamics (VMD) Utilizzo di SLURM Utilizzo di tLEAP e xLEAP Università degli studi di Milano - MILANO (MI) ITALIA <i>Attività o settore</i> R&amp;D e brevetti , chimica-farmaceutica</p>
Gen 2018 - Lug 2018	<p><b>Tirocinio Curriculare</b> Titolo della tesi: Valutazione dell'espressione di Insulin-like Growth Factor-Binding Protein 3 (IGFBP-3) nei melanomi cutanei. Relatore: Catalano Teresa. Materia: Patologia generale e molecolare Votazione finale: 107/110</p> <p>Estrazione di DNA e RNA, Retrotrascrizione di RNA e qPCR, Real Time PCR, Colture cellulari (linee di melanoma), Sequenziamento con bisolfito e PCR metilazione-specifica (MSP) Policlino Messina (ME) ITALIA</p>

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

2019 - 2022	BIOTECNOLOGIE DEL FARMACO Università degli Studi di MILANO - Facoltà di Scienze del Farmaco Laurea magistrale (2 anni)	Livello QEQ 7
2015 - 2018	BIOTECNOLOGIE Università degli Studi di MESSINA - Dipartimento di Scienze Biomediche, Odontoiatriche e delle Immagini Morfologiche e Funzionali Laurea di primo livello (3 anni)	Livello QEQ 6

## COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Lingue straniere

Inglese

COMPRESIONE				PARLATO				SCRITTO	
Ascolto		Lettura		Interazione orale		Produzione orale			
C1	Avanzato	C1	Avanzato	C1	Avanzato	C1	Avanzato	C1	Avanzato
Livelli: A1/2 Livello base - B1/2 Livello intermedio - C1/2 Livello avanzato									
Quadro comune europeo di riferimento per le lingue									

Competenze digitali

AUTOVALUTAZIONE				
ELABORAZIONE DELLE INFORMAZIONI	COMUNICAZIONE	CREAZIONE DI CONTENUTI	SICUREZZA	RISOLUZIONE DEI PROBLEMI
Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato

Competenze digitali - Scheda per l'autovalutazione

**Competenze informatiche di base:****OFFICE AUTOMATION**

**Elaborazione testi:** (Avanzato) | **Fogli elettronici:** (Avanzato) | **Suite da ufficio:** (Avanzato) | **Web Browser:** (Altamente specializzato)

**GESTIONE SISTEMI E RETI**

**Sistemi Operativi:** (Altamente specializzato)

**GRAFICA E MULTIMEDIA**

(Altamente specializzato)

Patente di guida B

## PUBBLICAZIONI

Atti di convegni	"Sporothrix genome database update and whole phylogenomic analysis." ; Bonomo A, Rigano G, Lui M, Giuffrè L, Aiese Cigliano R, Romeo O, Giosa D. ; University of Messina (2022) doi.org/10.7490/f1000research.1119311.1
	"Bioinformatics analysis of six Candida parapsilosis genome assemblies obtained using whole-genome optical maps and Illumina short-read data." ; Lui M, Rigano G, Bonomo A, Giuffrè L, Romeo O, Giosa D. ; University of Messina (2022) doi.org/10.7490/f1000research.1119306.1