

CURRICULUM VITAE ET STUDIORUM



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome Letterio Giuffrè
Telefono
E-mail **Leo.giuffre88@gmail.com**

ESPERIENZA LAVORATIVA

- 01/10/2016 - 30/09/2019 Internato presso l'unità di produzione animale del dipartimento di Scienze veterinarie dell'Università degli studi di Messina, per lo svolgimento della tesi sperimentale di dottorato, dal titolo "Caratterizzazione tassonomica e funzionale del microbiota di suini di razza Nero Siciliano mediante Shotgun Metagenome Sequencing". Tutor: Prof. Enrico d'Alessandro
- 07/03/2019 – 30/05/2019 **Trainee presso Sequentia Biotech**
Sequentia Biotech, Barcellona (Spagna)

Durante questo secondo periodo formativo effettuato presso il Sequentia biotech SL ho arricchito le mie conoscenze bioinformatiche applicate all'analisi dati NGS. In particolare ho approfondito le mie conoscenze relative ad analisi metagenomiche effettuate sia con approccio *target sequencing* che *whole metagenome shotgun sequencing* per la caratterizzazione tassonomica e funzionale di campioni di diversa origine. Inoltre ho appreso le principali tecniche utilizzate per l'assembly di genomi eucariotici e quelli inerenti l'analisi d'espressione genica differenziale per caratterizzazione di trascrittomi (dati RNA-seq).
- 21/03/2018-26/07/2018 **Trainee presso Sequentia Biotech**
Sequentia Biotech, Barcellona (Spagna)

Durante questo periodo formativo ho appreso le principali tecniche di analisi di dati derivanti da sequenziamento NGS. In particolare questo periodo formativo ha riguardato in maniera più specifica la comprensione delle diverse strategie di analisi applicate a dati di sequenziamento NGS derivanti da uno studio metagenomico; ho appreso dunque le principali metodiche impiegate per la caratterizzazione tassonomica e funzionale a partire da diverse strategie di sequenziamento (*target sequencing* e *whole metagenome shotgun sequencing*).

- 16 Marzo 2016 - 30 Settembre 2016
 Biologo Ricercatore volontario presso il laboratorio di Microbiologia degli Alimenti e Micologia Generale del Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali dell'Università degli Studi di Messina.
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
 Università degli Studi di Messina
- Tipo di azienda o settore
 Università
- Tipo di impiego
 Biologo Ricercatore
- Principali mansioni e responsabilità
 Durante questa esperienza professionale, il mio lavoro ha riguardato lo studio di miceti clinicamente rilevanti ascrivibili ai generi *Candida*, *Sporothrix* e *Cryptococcus*. Lo studio di questi miceti è stato eseguito sia applicando le metodiche colturali tradizionali, che le più moderne tecniche molecolari come estrazione e purificazione degli acidi nucleici (DNA/RNA), amplificazione in vitro di specifici target molecolari (PCR, RT-PCR, qRT-PCR), elettroforesi in gel d'agarosio, sequenziamento di frammenti di DNA con metodica Sanger, analisi di elettroferogrammi, allineamento di sequenze nucleotidiche e/o proteiche mediante MEGA7, tecniche di genotipizzazione con MultiLocus Sequence Typing (MLST) e analisi di microsateliti, analisi di dati di Next Generation Sequencing (NGS), filogenesi molecolare, primer design.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 12/11/2019
Dottorato di Ricerca in Scienze Veterinarie
 Università degli studi di Messina, Messina (Italia)
 Tesi: "Caratterizzazione tassonomica e funzionale del microbiota intestinale di suini di razza Nero Siciliano mediante Shotgun Metagenome Sequencing."
 Tutor: Chiar.mo Prof. Enrico D'Alessandro
- 16/01/2017
Abilitazione Professione Biologo
 Università degli Studi di Messina, Messina (Italia)
 Voto: 140/150
- 2012 – 15/03/2016
Laurea Magistrale in Biologia LM-06
 Università degli Studi di Messina - Italia

 Tesi in Genetica: Sequenziamento e analisi del profilo d'espressione dei geni coinvolti nel metabolismo dell'N-acetilglucosammina in *Candida africana*.
 Relatore Chiar.mo Prof Orazio Romeo
 Voto: 110/110 con Lode e Menzione Accademica
- 2007 – 17/12/2012
Laurea Triennale in Biologia LM-13
 Università degli Studi di Messina - Italia
 Tesi in Genetica: Genomica e patogenicità di *Candida parapsilosis* species complex.
 Relatore Chiar.mo Prof Giuseppe Criseo
 Voto: 108/110

**CAPACITÀ E COMPETENZE
PERSONALI**

MADRELINGUA

ITALIANA

ALTRE LINGUA

INGLESE

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale

OTTIMO

OTTIMO

OTTIMO

**CAPACITÀ E COMPETENZE
RELAZIONALI**

Ottime capacità relazionali acquisite durante tutto il mio percorso di formazione scientifica.

Mi inserisco adeguatamente nelle dinamiche del lavoro di gruppo, e presento un'ottima capacità di confronto con l'ambiente scientifico.

**CAPACITÀ E COMPETENZE
ORGANIZZATIVE**

Durante il mio percorso formativo ho acquisito importanti competenze gestionali e organizzative del lavoro scientifico in un laboratorio e a livello computazionale. Sono in grado di svolgere i miei compiti in maniera assolutamente indipendente e sono molto abile nella gestione di un ristretto gruppo di lavoro.

**CAPACITÀ E COMPETENZE
TECNICHE**

Tecniche di microbiologia classica: preparazione di terreni colturali semplici, complessi e selettivi, coltura di cellule sia batteriche che fungine, isolamento di microrganismi patogeni e ambientali, studio della sensibilità in vitro agli antimicrobici, identificazione di microrganismi mediante analisi biochimiche, fenotipiche e sierologiche.

Tecniche microbiologiche applicate all'analisi di campioni di acqua: filtrazione con apparati filtranti, conta microbica su filtro, Most probabil number (MPN), identificazione dei principali contaminanti microbiologici quali, coliformi totali e fecali, streptococchi fecali, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Legionella pneumophila*.

Tecniche microbiologiche applicate alla valutazione della carica microbica di superfici mediante campionamento con piastre rodac o tamponi.

Determinazione dei microrganismi aerodispersi mediante campionamento attivo con sistema SAS (Surface Air System) Super IAQ.

Tecniche di biologia molecolare: estrazione e purificazione di acidi nucleici (DNA/RNA); digestioni con enzimi di restrizione e frazionamento su gel di agarosio (RFLP); purificazione di frammenti di DNA; amplificazione in vitro del DNA (PCR, Rt-PCR, qRt-PCR); sequenziamento del DNA e analisi di elettroferogrammi;

Tecniche molecolari di identificazione e genotipizzazione microbica: (fragment length analysis), MLST (Multi Locus Sequence Typing), analisi di Microsatelliti; analisi bioinformatiche per lo studio di sequenze genomiche e proteiche con l'ausilio di specifici software bioinformatici quali MEGA7, BLAST, FINCH TV, primer design. Analisi bioinformatiche applicate allo studio di trascrittomi, genomi e metagenomi: Genome assembly con approccio *de novo* e *reference guided*, annotazione

funzionale de novo e reference guided, analisi di dati metagenomici ottenuti con strategie di sequenziamento NGS *target-sequencing* e *whole metagenome shotgun sequencing*, assembly di trascrittomi, analisi di espressione differenziale, ricerca di long non coding RNA, tRNA, asRNA.

COMPETENZE DIGITALI

Ottima capacità di utilizzo di computer desktop o notebook.
Ottima padronanza nell'utilizzo dei sistemi operativi Windows 7, Windows 8, Windows 10.
Ottima conoscenza di R! per analisi statistiche.
Ottima padronanza nell'utilizzo dei sistemi operativi basati su Linux.
Ottima capacità nell'utilizzo di strumenti compresi nel pacchetto di Microsoft Office.

PATENTE O PATENTI

B

ESPERIENZE INERENTI L'ATTIVITÀ
DI RICERCA

ELENCO DEI PRODOTTI DI
RICERCA

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE
INTERNAZIONALI

2019

1. Felice MR, Giuffrè L, El Aamri L, Hafidi M, Criseo G, Romeo O, Scordino F.

Looking for new antifungal drugs from flavonoids: impact of the genetic diversity of *Candida albicans* on the in-vitro response. *Curr Med Chem*. 2017 Dec 25. doi: 10.2174/0929867325666171226102700. PubMed PMID: 29278204

2. Scordino F, Giuffrè L, Felice MR, Orlando MG, Medici MA, Merlo FM, Romeo O.

Genetic diversity of *Candida albicans* isolates recovered from hospital environments and patients with severe acquired brain injuries. *Infect Genet Evol*. 2019 Oct 12:104068. doi: 10.1016/j.meegid.2019.104068.

3. E. D'Alessandro, I. Sapienza, D. Giosa, L. Giuffrè, A. Zumbo.

In silico analysis of meat quality candidate genes among Nero Siciliano, and Italian heavy pigs genomes. *Large Animal Review* 2019; 25: 137-140.

4. E. D'Alessandro, D. Giosa, I. Sapienza, L. Giuffrè, R. Aiese Cigliano, O. Romeo, A. Zumbo.

Whole genome SNPs discovery in Nero Siciliano pig. *Genetics and Molecular Biology*. Accepted: 04-Jan-2019

2018

4. Scordino F, Giuffrè L, Barberi G, Marino Merlo F, Orlando MG, Giosa D, Romeo O.

Multilocus Sequence Typing Reveals a New Cluster of Closely Related *Candida tropicalis* Genotypes in Italian Patients With Neurological Disorders.

Front Microbiol. 2018 Apr 6;9:679. doi: 10.3389/fmicb.2018.00679. eCollection 2018. PubMed PMID: 29696003

2017

5. Giosa D, Felice MR, Lawrence TJ, Gulati M, Scordino F, Giuffrè L, Lo Passo C, D'Alessandro E, Criseo G, Ardell DH, Hernday AD, Nobile CJ, Romeo O.

Whole Genome RNA-Sequencing and Transcriptome Assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under Chlamyospore-Inducing Conditions. *Genome Biol Evol*. 2017 Jul 1;9(7):1971-1977. Doi:10.1093/gbe/evx143.

7. Chowdhary A, Hagen F, Sharma C, Al-Hatmi AMS, Giuffrè L, Giosa D, Fan S, Badali H, Felice MR, de Hoog S, Meis JF, Romeo O.

Whole Genome-Based Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis Reveals Genetic Diversity in *Candida africana*. *Front Microbiol*. 2017 Apr 3;8:556.

doi:10.3389/fmicb.2017.00556

2016

8. Felice MR, Gulati M, **Giuffrè L**, Giosa D, Di Bella LM, Criseo G, et al. (2016) Molecular Characterization of the N-Acetylglucosamine Catabolic Genes in *Candida africana*, a Natural NAcetylglucosamine Kinase (HXK1) Mutant. PLoS ONE 11(1): e0147902. doi:10.1371/journal.pone.0147902.

9. Rharmitt S, Hafidi M, Hajjaj H, Scordino F, Giosa D, **Giuffrè L**, Barreca D, Criseo G, Romeo O. Molecular characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples from Morocco. Int J Food Microbiol. 2016 Jan 18;217:137-40. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2015.10.019.

PRESENTAZIONI A CONVEGNO

2019

1. **L. Giuffrè**. NGS e bioinformatica per la caratterizzazione di microbiomi umani ed animali. Biologi in-silico: una nuova generazione di professionisti nell'era della post-genomica e bioinformatica. Messina, 14 Giugno 2019.

2018

2. Scordino, G. Galeano, M.G. Orlando, G. Barberi, D. Giosa, **L. Giuffrè**, F. Marino Merlo, G. Criseo, O. Romeo.

Molecular surveillance of healthcare-associated *Candida* infections in a rehabilitation center for patients with severe acquired brain injuries. Medical Mycology, 2018, 56, S1-S159 doi: 10.1093/mmy/myy036

3. **L. Giuffrè'**, I Sapienza, G Criseo, O Romeo, E D'Alessandro.

The Intestinal Mycobiota of Nero Siciliano Pig, Medical Mycology, 2018, 56, S1-S159 doi: 10.1093/mmy/myy036

4. SAPIENZA Irene, GIOSA Domenico, **GIUFFRÈ' Letterio**, ROMEO Orazio, CHIOFALO Vincenzo, ZUMBO Alessandro, D'ALESSANDRO Enrico

In silico comparison of meat quality candidate genes among Nero Siciliano, Duroc, Large White and Landrace genomes. XII Convegno nazionale Biodiversità, Ambienti, Salute, Università degli Studi di Teramo 13-14-15 Giugno 2018.

2017

5. **L. Giuffrè**, D. Giosa, F. scordino, I. Sapienza, G. Criseo, O. Romeo, E. D'Alessandro.

Nero Siciliano pig's intestinal mycobiota: phenotypic and molecular characterization. Journal of Biological Research 2017; 90:s1.

6. D. Giosa, Zumbo, I. Sapienza, **L. Giuffrè**, R. Aiese Cigliano, O. Romeo, E. D'Alessandro.

Whole SNPs Discovery and Analysis of Genetic Diversity in Nero Siciliano Pig. Journal of Biological Research 2017; 90:s1.

7. D. Giosa, **L. Giuffrè**, R. Aiese Cigliano, M.R. Felice, G. Criseo, E. D'Alessandro, O. Romeo.

Bioinformatics Analysis of Next Generation Sequencing Data in Microbiology. . Journal of Biological Research 2017; 90:s1.

8. I. Sapienza, M. Pugliese, L. Sinagra, D. Giosa, **L. Giuffrè**, O. Romeo, E. D'Alessandro.

Analysis of the titin-cap gene as candidate for dilated cardiomyopathy in Great Dane. Journal of Biological Research 2017; 90:s1.

9. I. Sapienza, C. Rifici, A. Sanfilippo, **L. Giuffrè**, D. Giosa, O. Romeo, E. D'Alessandro.

c-KIT mutation analysis and its relationship with degree of aggression in mast cell tumors in two dog breeds. . Journal of Biological Research 2017; 90:s1.

2016

10. D. Giosa, M.R. Felice, **L. Giuffré**, F. Scordino, C. Lo Passo, G. Criseo, E. D'Alessandro, O. Romeo.

Whole mRNA Sequencing and Transcriptome Assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under Chlamydospores-Inducing Conditions. Journal of Biological Research 2016; 89:s1

11. D. Giosa, I. Sapienza, **L. Giuffré**, O. Romeo, E. D'Alessandro.

Towards KIT and RXFP2 Genes Snps Discovery in Goat (*Capra hircus*) using NGS Technology Approach. Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

12. **L. Giuffré**, D. Giosa, F. Scordino, G. Criseo, E. D'Alessandro, O. Romeo, M.R. Felice.

Sequencing and Preliminary Analysis of Genes Involved in Iron Metabolism in *Candida africana* CBS 11016 strain. Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

13. L. El Aamri, M. Hafidi, G. Criseo, **L. Giuffre**, H. Ghalfi, C. Barresi, M.G. Orlando, A. Lebrihi, D. Giosa, O. Romeo.

Molecular Identification of Lipase Producing Yeast Isolated from Moroccan Strawberry and Olive Pomace.

Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

2015

14. Rharmitt S, Hafidi M, Hajjaj H, Giosa D, **Giuffrè L**, Barreca D, Criseo G, Scordino F, Romeo O. Molecular and biochemical characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apple fruits from Morocco. 37th Mycotoxin workshop, 1-3 June 2015, Bratislava, Slovakia.

15. F. Scordino, D. Delfino, A.D. van Diepeningenc, **L. Giuffrè**, C. Lo Passo, A. Cascio, G. Criseo, O. Romeo. Microsatellite-based genotyping of *Candida glabrata* isolates reveals close genetic relatedness among African and Italian genotypes. 25th ECCMID; 25-28 April 2015 Copenhagen, Denmark. Session EV33 Mycology.

CORSI

1. Biologi in-silico: una nuova generazione di professionisti nell'era della post-genomica e bioinformatica. Messina, 14 Giugno 2019.
2. 20th Congress of the International Society for Human and Animal Mycology Amsterdam, Olanda, 30 June - 4 July, 2018
3. 90° Convegno SIBS - BIOLOGIA SPERIMENTALE NELLA RICERCA DI BASE E APPLICATA ALL'AMBIENTE E ALL'UOMO 27-28 Ottobre 2017 - Università degli Studi di Palermo - Polo Territoriale Universitario di Trapani.
4. Convegno: SMART SCIENCE "Le nuove frontiere del sequenziamento NGS: tecnologie e prodotti a confronto". Catania (Italia), 18 Maggio 2017
5. 89° Convegno SIBS (Società Italiana di Biologia Sperimentale) "Clima e Vita". Ozzano dell'Emilia (Bo), 1-2 Dicembre 2016.
6. Corso "Next Generation Sequencing and Bioinformatics: Methods, Tools and Applications in Basic Research, Clinical Diagnostics and much more".
Messina 27-28/05/2016
7. Seminario "Entomologia Forense". Messina 18/06/2015
8. Corso "Gastroenteriti ad eziologia batterica".
Messina 28/06/2015
9. Corso "Biologia Forense nel Processo Civile e Penale".
Reggio Calabria 20/06/2014

10. Corso "Il Biologo: figura dinamica nel mondo del lavoro". Messina 06/11/2013

Sequenze Depositare su GeneBank

KP052779.1	KP052780.1	KP165328.1	KP165330.1.
KP165331.1	KP193952.1	KP193954.1	KP193955.1
KP193956.1	KP193958.1	KP193959.1	GEVV00000000.2
GEVW00000000.2	MF972225.1		
MF972224.1	MF598756.1	MF598755.1	KX512297.1
KY971462.1	KY971461.1	KX512302.1	KX512300.1
KX512299.1	KX512298.1	KX512296.1	KX431900.1

DATI PERSONALI

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali".

Messina, 30/06/2020

Firma

Il sottoscritto Letterio Giuffrè nato a Messina (ME) il 22/02/1988 dichiara di essere consapevole della responsabilità penale prevista, dall'art. 76 del .P.R. 445/2000, per le ipotesi di falsità in atti e dichiarazioni mendaci ivi indicate.

Messina, 12/02/2020

Firma

