

# CURRICULUM VITAE ET STUDIORUM



## INFORMAZIONI PERSONALI

Nome	Domenico Giosa
Nazionalità	ITALIANA
Luogo di nascita	Potenza (PZ)
Sesso	M
ORCID number	0000-0002-3893-5296
SCOPUS ID	56940924600

## ESPERIENZA PROFESSIONALE

01/02/2020 - 30/07/2020

**Attività di ricerca presso Genomix4Life s.r.l. (PON DOT1314013 – Borsa 1)**  
Genomix4Life s.r.l. Baronissi (SA), Italia

Durante il periodo di ricerca svolto presso l'azienda Genomix4Life s.r.l. (01/02 – 13/03 in sede e 14/03 – 30/07 in smartworking) l'attività di ricerca si è focalizzata sulla caratterizzazione degli eventi di integrazione del HBV-DNA nel genoma umano mediante analisi *ad hoc* mirate all'identificazione di *hot-spot* genomici, a livello telomerico e centromerico di dati di sequenziamento provenienti da resezioni epatiche provenienti da tessuti tumorali ed adiacenti non tumorali di pazienti HBsAg+ affetti da carcinoma epatocellulare (HCC). È stata caratterizzata la presenza di integrazione virale in diverse linee cellulari (Vero ed HepAD38). Sono stati analizzati i dati di sequenziamento mitocondriale, proveniente dai sopra menzionati tessuti, per verificare una possibile correlazione tra omoplasma/eteroplasma e tipologia tissutale, con l'ausilio di strumenti bioinformatici dedicati e mediante inferenza statistica.

05/10/2019

**Docente del corso "Ruolo emergente della bioinformatica negli studi informatici di epigenetica e implicazioni per le patologie" (4 ore) presso l'Università degli Studi di Messina, Messina.**

Docente del corso "Ruolo emergente della bioinformatica negli studi informatici di epigenetica e implicazioni per le patologie" del Master di I livello in "Occupational and Environmental Risk Management" presso l'Università degli Studi di Messina, Messina, in cui sono stati trattati i seguenti argomenti:

- Vantaggi e Svantaggi della *Next Generation Sequencing* (NGS) rispetto alla metodica di sequenziamento di Sanger;
- *Overview* sulle attuali piattaforme di sequenziamento di NGS;
- Formato FASTQ e qualità del sequenziamento (*Phred Score*);
- Analisi di qualità dei prodotti di sequenziamento (*Pulizia delle reads*);
- *Assembly de novo* e reference-guidato di genomi e trascrittomi;
- *Mapping* delle *reads* su un genoma di riferimento ed *output* (SAM/BAM);
- *Variant calling* ed *output* (vcf/bcf);
- Annotazione Strutturale e Funzionale ed *output* (GTF/GFF3);
- Panoramica sul RNA-seq;
- Panoramica sulla Metagenomica;
- Panoramica sulla Methyl-seq;
- Filogenesi molecolare di dati di sequenziamento Sanger e NGS;

21/03/2018-26/07/2018

**Attività di Ricerca presso Sequentia Biotech SL (PON DOT1314013 – Borsa 1)**  
Sequentia Biotech, Barcellona (Spagna)

Durante il periodo di ricerca all'estero è stata sviluppata una pipeline bioinformatica per la ricerca di chimere dovute all'integrazione del virus HBV nel genoma umano a partire da dati di DNA- e RNA-seq di origine tumorale, non tumorale, di linee cellulari e controlli sani di biopsie epatiche. Inoltre è stata effettuata l'analisi di espressione genica differenziale con analisi funzionale e ricerca di gene-fusion tra vari gruppi sperimentali. Infine sono stati valutati i livelli di omoplasia/eteroplasma di DNA mitocondriale estratto dai suddetti campioni biologici.

12/03/2018-16/03/2018

**Corso di Bioinformatica presso University Moulay Ismail (Marocco)**  
University Moulay Ismail, Meknes (Marocco)

Docente nell'ambito del corso di Bioinformatica presso il Corso di Laurea "Master of Plant Protection and Biotechnology" presso la Facoltà di Scienze dell'Università Moulay Ismail di Meknes, per una durata pari a 12 ore.

Nel corso sono stati trattati i seguenti argomenti:

- Sequenziamento di Sanger ed analisi di sequenze geniche amplificate con la suddetta metodica;
- Genotipizzazione ed epidemiologia microbica basata su metodiche molecolari come analisi di micro satelliti e MLST genotyping;
- Next Generation Sequencing (NGS), vantaggi e svantaggi rispetto alle precedenti metodiche di sequenziamento;
- Analisi dati NGS: pulizia dell'output e workflow di analisi;
- Assembly genomico e trascrittomico, *de novo* e reference-guided;
- Applicazioni NGS per le scienze "omiche".

23/01/2017-23/03/2017

**Trainee presso Sequentia Biotech SL**  
Sequentia Biotech, Barcellona (Spagna)

Durante il periodo formativo sono state migliorate le conoscenze in ambito bioinformatico applicato all'analisi di dati NGS. In particolare lo studio è stato incentrato su:

- Annotazione *ab initio* di genomi eucariotici;
- Identificazione ed annotazione funzionale di varianti genomiche (*variant calling*) a partire da dati di risequenziamento genomico;
- Identificazione di siti di integrazioni virali all'interno del genoma umano a partire da dati di risequenziamento;
- Analisi differenziale di espressione genica ed annotazione funzionale a partire da dati RNA-seq;

01/03/2016-01/03/2017

**Borsista di ricerca con qualifica di Biologo (LM-6)**  
IRCCS Centro Neurolesi "Bonino Pulejo, Messina

Progetto Giovani Ricercatori 2011 "Application of molecular methodologies including multi locus sequence typing (MLST) and microsatellite-based genotyping to determine the frequency and distribution of clinically important *Candida* species in hospital care units and use of the whole genome mapping (WGM) technology as tool for comparative genome analysis of *Candida parapsilosis* epidemic clones".

27/02/2015 - 27/05/2015

**Erasmus Trainee**  
CBS-KNAW FUNGAL BIODIVERSITY CENTRE, Utrecht (Paesi Bassi)

Durante i mesi di traineeship sono state acquisite le metodiche colturali di funghi microscopici di interesse biomedico e ambientale, estrazione del DNA e analisi molecolari così come svolte presso l'Istituto "CBS-KNAW FUNGAL BIODIVERSITY CENTRE" di Utrecht (Olanda). Sono state apprese le metodiche di analisi di dati bioinformatici derivanti da sequenziamento di seconda generazione (Next Generation Sequencing) riguardanti *Sporothrix pallida*, micete appartenente al complesso criptico "*Sporothrix schenckii* complex". È stato inoltre condotto uno studio dei geni coinvolti nella resistenza agli antimicotici azolici in specie appartenenti al genere *Fusarium*, a cui appartengono vari miceti di interesse biomedico e fitopatogeno.

01/03/2011 - 30/05/2011

**Tirocinio Universitario**  
Azienda Ospedaliera Bianchi - Melacrino - Morelli di Reggio Calabria

Gli argomenti trattati durante il tirocinio della durata di 150 ore sono stati i seguenti: metodiche di estrazione del DNA da campioni biologici (nella fattispecie sangue), PCR e RealTime-PCR, visualizzazione ed analisi di risultati mediante lettura di elettroferogrammi per la diagnosi di patologie genetiche ereditarie.

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

01/10/2017 - 30/11/2020

**Dottorato di Ricerca (PON DOT1314013 – Borsa 1)**  
XXXIII Ciclo in Biotecnologie Mediche e Chirurgiche (DT102)  
Università degli studi di Messina, Messina (Italia)  
Relatore Prof. Teresa Pollicino  
voto: summa cum laude  
CUP: J78G17000110007

Progetto "Studio dell'integrazione del virus dell'epatite B e dei geni di fusione virus/ospite nei tumori primitivi del fegato attraverso analisi genome- e transcriptome-wide".

09/01/2017

**Abilitazione Professione Biologo**  
Università degli Studi di Messina, Messina (Italia)

2012 - 21/10/2015

**Laurea Magistrale in Biologia LM-6**  
Università degli Studi di Messina, Messina (Italia)

Tesi in Genetica: "Sequenziamento parallelo massivo dell'intero genoma di *Sporothrix pallida*"

Relatore Prof. Orazio Romeo  
voto: 110/110 cum laude

2006 - 17/12/2012

**Laurea Triennale in Scienze Biologiche LM-13**  
Università degli Studi di Messina, Messina (Italia)

Tesi in Biochimica: "Struttura e funzioni della proteina basica della mielina"  
Relatrice Prof. Ersilia Bellocchio  
voto: 103/110

## CAPACITÀ E COMPETENZE

MADRELINGUA

ITALIANO

ALTRE LINGUE

INGLESE

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

B1

B1

B1

SPAGNOLO

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

A1

A1

A1

COMPETENZE PROFESSIONALI

Analisi bioinformatica di dati di sequenziamento prodotto sia attraverso metodiche classiche (Sanger), che attraverso piattaforme di Next Generation Sequencing (Illumina, IonTorrent) e Third Generation Sequencing (PacBio, Oxford Nanopore).

Analisi bioinformatiche di sequenze genomiche e amminoacidiche; Analisi di dati di *Next Generation Sequencing* di DNA-seq, RNA-seq, Methyl-seq; Assembly *de-novo* e reference-guided di genomi e trascrittomi; Variant calling; SNP discovery; Annotazione strutturale e funzionale sia genomica (*de novo* e *liftover*) che trascrittomica; Comparazione di interi genomi, epigenomi, trascrittomi e proteomi o porzioni di essi (sequenze biologiche o varianti genetiche) per studi filogenetici e molecolari comparativi; Analisi metagenomica sia di campioni di origine clinica che ambientale; Ricerca di siti di integrazione virale all'interno del genoma umano e relativa filogenesi virale molecolare, mediante lo sviluppo e/o l'utilizzo di specifici software bioinformatici ed attraverso inferenze statistiche. Gli studi sono stati rivolti ad organismi di diversi *taxon* tra cui principalmente virus (HBV, HCV, SARS-CoV-2) e funghi ascriviti a complessi criptici (*Sporothrix spp.*, *Candida spp.*, *Cryptococcus spp.*, *Fusarium spp.*, *Hortaea spp.*), ma anche batteri (*Staphylococcus aureus*) e mammiferi (*Homo sapiens sapiens*, *Sus scrofa*, *Capra hircus*). Metodologie di base in microbiologia e micologia biomedica, sia colturali che molecolari. Analisi coltura dipendenti: coltivazione di cellule fungine e batteriche, preparazione di terreni di coltura, semplici, complessi e selettivi; isolamento ed identificazione di microrganismi patogeni; studio della sensibilità in vitro agli antimicrobici comprese alcune sostanze naturali, approfondimento di tecniche fenotipiche convenzionali di identificazione microbica e di quelle più recentemente impiegate in ambito scientifico come le tecniche di biologia molecolare. Estrazione e purificazione di acidi nucleici; digestioni con enzimi di restrizione e frazionamento su gel di agarosio (RFLP); purificazione di frammenti di DNA; amplificazione in vitro del DNA (PCR); sequenziamento del DNA e analisi di elettroferogrammi; tecniche di genotipizzazione (*fragment length analysis*), MLST (MultiLocus Sequence Typing):

#### COMPETENZA DIGITALE

Diploma ECDL (European Computer Driving Licence), conseguito in data 24 Novembre 2014. Identificativo: IT2033330

Ottima padronanza degli strumenti della suite Microsoft Office.

Ottima padronanza nell'utilizzo di sistemi operativi quali Windows XP, Windows Vista, Windows 7, Windows 8, Windows 10.

Ottima padronanza nell'utilizzo di sistemi operativi basati su Linux.

Ottima conoscenza di linguaggi di programmazione, tra cui bash, awk, sed.

Buona conoscenza del linguaggio di programmazione R.

#### PATENTE DI GUIDA

A,B

#### ELENCO DEI PRODOTTI DI RICERCA PUBLICAZIONI SU RIVISTE INTERNAZIONALI

- |      |  |
|------|--|
| 2021 | 1. Chen C, D'Alessandro E, Murani E, Zheng Y, <b>Giosa D</b> , Yang N, Wang X, Gao B, Li K, Wimmers K, Song C. SINE jumping contributes to large-scale polymorphisms in the pig genomes. <i>Animals</i> 2021, 11, 1136. DOI: 10.3390/ani11041136.  |
| 2020 | 2. <b>Giosa D</b> , Felice MR, Giuffrè L, Aiese Cigliano R, Paytuví-Gallart A, Lo Passo C, Barresi C, D'Alessandro E, Huang H, Criseo G, Mora-Montes HM, de Hoog S, Romeo O. Transcriptome-wide expression profiling of <i>Sporothrix schenckii</i> yeast and mycelial forms and the establishment of the <i>Sporothrix</i> Genome DataBase. <i>Microb Genom.</i> 9.10 (2020). doi: 10.1099/mgen.0.000445. |
|      | 3. Romeo O, Marchetta A, <b>Giosa D</b> , Giuffrè L, Urzì C, De Leo F. Whole Genome Sequencing and Comparative Genome Analysis of the Halotolerant Deep Sea Black Yeast <i>Hortaea werneckii</i> . <i>Life (Basel)</i> . 2.10 (2020), 10(10):E229. doi: 10.3390/life10100229.8.  |
|      | 4. Lombardo, D., Saitta, C., <b>Giosa, D.</b> , Casuscelli di Tocco, F., Musolino, C., Caminiti, G., Chines, V., Franzè, M. S., Alibrandi, A., Navarra, G., Raimondo, G., Pollicino, T. "Frequency of somatic mutations in TERT promoter, TP53 and CTNNA1 genes in patients with hepatocellular carcinoma from Southern Italy". <i>Oncology Letters</i> 19.3 (2020): 2368-2374.                            |

- 2019
5. Nnadi, N.E., **Giosa, D.**, Ayanbimpe, G.M. *et al.* Whole-Genome Sequencing of an Uncommon *Cryptococcus neoformans* MLST43 Genotype Isolated in Nigeria. *Mycopathologia* **184**, 555–557 (2019). <https://doi.org/10.1007/s11046-019-00376-1>
  6. D'Alessandro, E., Sapienza, I., **Giosa, D.**, Giuffrè, L., & Zumbo, A. (2019). In silico analysis of meat quality candidate genes among Nero Siciliano, and Italian heavy pigs genomes. *Large Animal Review*, *25*(4), 137-140.
  7. D'Alessandro E, **Giosa D**, Sapienza I, Giuffrè L, Cigliano RA, Romeo O, Zumbo A. Whole genome SNPs discovery in Nero Siciliano pig. *Genet Mol Biol*. 2019;pii: S1415-47572019005021102.
- 2018
8. D'Aliberti D, Cacciola I, Musolino C, Raffa G, Filomia R, Alibrandi A, Benfatto S, Beninati C, Saitta C, **Giosa D**, Romeo O, Raimondo G, Pollicino T. NS3 Variability in Hepatitis C Virus Genotype 1A Isolates from Liver Tissue and Serum Samples of Treatment-Naïve Patients with Chronic Hepatitis C. July 2018 *Intervirology* *61*(1):1-8. DOI: 10.1159/000489307
  9. Scordino F., Giuffrè L., Barberi G., Marino Merlo F., Orlando M. G., **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.*, 06 April 2018 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00679>.
- 2017
10. **Giosa, D.**, Felice, M. R., Lawrence, T. J., Gulati, M., Scordino, F., Giuffrè, L., Lo Passo, C., D'Alessandro, E., Criseo, G., Ardell, D. H., Hernday, A. D., Nobile, C. J., Romeo, O. (2017). Whole RNA-sequencing and transcriptome assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under chlamydospore-inducing conditions. *Genome Biology and Evolution*, *9*(7), 1971-1977.
  11. Chowdhary, A., Hagen, F., Sharma, C., Al-Hatmi, A. M. S., Giuffrè, L., **Giosa, D.**, Fan, S., Badali, H., Felice, M. R., de Hoog, S., Meis, J. F., Romeo, O. (2017). Whole Genome-Based Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis Reveals Genetic Diversity in *Candida africana*. *Frontiers in microbiology*, *3*:8:556. doi: 10.3389/fmicb.2017.00556.
- 2016
12. Huang, L., Gao, W., **Giosa, D.**, Criseo, G., Zhang, J., He, T., Huang, X., Sun, J., Sun, Y., Huang, J., Zhang, Y., Brankovics, B., Scordino, F., D'Alessandro, E., van Diepeningen, A., de Hoog, S., Huang, H., Romeo, O. (2016). Whole-genome sequencing and in silico analysis of two strains of *Sporothrix globosa*. *Genome biology and evolution*, *8*(11), 3292. doi:10.1093/gbe/evw230.
  13. D'Alessandro, E., **Giosa, D.**, Huang, L., Zhang, J., Gao, W., Brankovics, B., Oliveira, M. M. E., Scordino, F., Lo Passo, C., Criseo, G., van Diepeningen, A. D., Huang, H., de Hoog, G. S., Romeo, O. (2016). Draft genome sequence of the dimorphic fungus *Sporothrix pallida*, a nonpathogenic species belonging to *Sporothrix*, a genus containing agents of human and feline sporotrichosis. *Genome announcements*, *4*(2), e00184-16. doi:10.1128/genomeA.00184-16.
  14. Felice, M. R., Gulati, M., Giuffrè, L., **Giosa, D.**, Di Bella, L. M., Criseo, G., Nobile, C. J., Romeo, O., Scordino, F. (2016) Molecular Characterization of the N-Acetylglucosamine Catabolic Genes in *Candida africana*, a Natural N-Acetylglucosamine Kinase (HXK1) Mutant. *PLoS ONE* *11*(1): e0147902. doi:10.1371/journal.pone.0147902
  15. Rharmitt, S., Hafidi, M., Hajjaj, H., Scordino, F., **Giosa, D.**, Giuffrè, L., Barreca, D., Criseo, G., Romeo, O. (2016). Molecular characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples from Morocco. *International journal of food microbiology*, *217*, 137-140. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2015.10.019.

PRESENTAZIONI A  
CONVEGNI INTERNAZIONALI

- 2020 1. Tricomi G., **Giosa D.**, Merlino G., Romeo O., Longo F. Toward a Function-as-a-Service Framework for Genomic Analysis. *SmartSys 2020 workshop in Smartcomp 2020*.
- 2019 2. **D. Giosa**, F. Casuscelli di Tocco, G. Raffa, C. Musolino, D. Lombardo, C. Saitta, R. Aiese Cigliano, W. Sanseverino, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Comprehensive characterization of HBV in tumor and non-tumor liver tissues from patients with HBV related-HCC. *Digestive and Liver Disease* 52, e3-e4. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2019.12.014>
3. D. Lombardo, C. Saitta, **D. Giosa**, F. Casuscelli di Tocco, C. Musolino, G. Caminiti, V. Chines, M.S. Franzè, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Frequency of TP53, CTNNB1, and TERT promoter mutations in patients with hepatocellular carcinoma. *Digestive and Liver Disease* 52, e52-e53. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2019.12.055>
- 2018 4. C. Barresi, L. Moreno, M. G. Orlando, M. R. Felice, D. Barreca, **D. Giosa**, G. Criseo, B. G. van den Ende, A. van Diepeningen, S. de Hoog, O. Romeo. Susceptibility to hydrogen peroxide and molecular characterization of catalase-encoding genes in different *Sporothrix* species. *ISHAM 2018*, Luglio 2018, Amsterdam (Olanda).
5. D. D'aliberti, **D. Giosa**, G. Raffa, C. Musolino, G. Tripodi, D. Lombardo, F.C.D. Tocco, C. Saitta, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Analysis of HBV DNA integration in tumor and non-tumor liver tissues by a high-throughput viral integration detection method. *EASL LiverTree™*, Ginevra (Svizzera), 14 Aprile 2018. *Journal of Hepatology* 68:S688. DOI: 10.1016/S0168-8278(18)31636-2.
- 2015 6. D. A. van Diepeningen, A. al-Hatmi, B. Dalyan Cilo, **D. Giosa**, W. J. Bartstra and G. S. de Hoog. Azole susceptibility and resistance in *Fusarium* spp. *Mycoses* 2015 Blackwell Verlag GmbH, 58 (Suppl. 4), 51–226.
7. S. Rharmitt, M. Hafidi, H. Hajjaj, **D. Giosa**, L. Giuffrè, D. Barreca, G. Criseo, F. Scordino, O. Romeo. Molecular and biochemical characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples fruits from Morocco. Conference: *37th Mycotoxin Workshop*, At Bratislava, Slovakia. doi:10.13140/RG.2.1.2439.9208

PRESENTAZIONI A  
CONVEGNI NAZIONALI

- 2018 1. **Domenico Giosa**, Deborah D'Aliberti, Francesca Casuscelli di Tocco, Giuseppina Raffa, Cristina Musolino, Gianluca Tripodi, Daniele Lombardo, Carlo Saitta, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Giuseppe Navarra, Giovanni Raimondo, Teresa Pollicino. Characterization of Hepatitis B Virus integration landscape patients with Hepatocellular Carcinoma and in PLC/PRF/5 cell lines. "34th SIPMeT National Congress, 4th Joint Meeting of Pathology and Laboratory Medicine, Second Joint Meeting in collaboration with ASIP-AMP-UEMS-WASPALM, Patologia e Medicina di Laboratorio 4.0". 23-25 Ottobre 2018, Aci Castello (Ct).
2. D. D'Aliberti, **D. Giosa**, G. Raffa, C. Musolino, G. Tripodi, D. Lombardo, F. Casuscelli di Tocco, C. Saitta, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Characterization of HBV integration landscape in tumor and non-tumor liver tissues by a high-throughput viral integration detection method. Febbraio 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dld.2018.01.095>. *51th Annual Meeting A.I.S.F.* Roma, 22-23 Febbraio 2018.
- 2017 3. 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. *90° Convegno SIBS "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana"*, Trapani (27-28 Ottobre 2017).

- 2016
4. 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. *90° Convegno SIBS "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana"*, Trapani (27-28 Ottobre 2017).
  5. I. Sapienza, C. Rifìci, 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. *90° Convegno SIBS "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana"*, Trapani (27-28 Ottobre 2017).
  6. **D. Giosa**, M.R. Felice, L. Giuffrè, 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 chlamydospore-inducing conditions. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1
  7. **D. Giosa**, I. Sapienza, L. Giuffrè, O. Romeo, E. D'Alessandro. Toward KIT and RXFP2 genes SNPs discovery in goat (*Capra hircus*) using NGS technology approach. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1.
  8. L. Giuffrè, **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* CBS11016 strain. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1
  9. F. Scordino, **D. Giosa**, G. Barberi, O. Romeo. Molecular epidemiology of pathogenic *Candida* species in hospital environments. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1
  10. L. El Aamri, M. Hafidi, G. Criseo, L. Giuffrè, H. Ghalfi, C. Barresi, M.G. Orlando, A. Lebrihi, **D. Giosa**, O. Romeo. Molecular identification of lipase producing yeasts isolated from moroccan strawberry and olive pomace. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1

COMUNICAZIONI ORALI A  
CONVEGNI INTERNAZIONALI

- 2018
1. **Domenico Giosa**, Deborah D'Aliberti, Francesca Casuscelli di Tocco, Giuseppina Raffa, Cristina Musolino, Gianluca Tripodi, Daniele Lombardo, Carlo Saitta, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Giuseppe Navarra, Giovanni Raimondo, Teresa Pollicino. Study of HBV DNA integration in patients with HCC and PLC/PRF/5 cells by a high-throughput viral integration detection method. 2018 *International HBV Meeting*, 03-06 Ottobre 2018, Taormina (Messina).
- 2015
2. **Domenico Giosa**, Enrico D'Alessandro, Fabio Scordino, Francesca Bertolini, Salvatore Brosio, Leandro F. Moreno, Balazs Brankovics, Manoel Marques Evangelista Oliveira, Giuseppe Criseo, Carla Lo Passo, Anne D. van Diepeningen, Sybren de Hoog, Orazio Romeo. Draft genome of *Sporothrix pallida*, a non-pathogenic member of the genus *Sporothrix*. *Workshop "Genomics of Neglected Pathogens"* (Utrecht 20,21 April. 2015).

COMUNICAZIONI ORALI A  
CONVEGNI NAZIONALI

- 2019
1. **Domenico Giosa**. Applicazioni NGS nello studio delle infezioni virali. Bioinformatics new generation professional: biologists in-silico ENPAB conference, 14 June 2019 Messina, Italy.
- 2018
2. **D. Giosa**, F Casuscelli di Tocco, G Raffa, C Musolino, D Lombardo, C Saitta, R Aiese Cigliano, W Sanseverino, O Romeo, G Navarra, G Raimondo, T Pollicino. Comprehensive characterization of HBV in tumor and non-tumor liver tissues from patients with HBV related-HCC.

- 2017 3. **Domenico Giosa**, Letterio Giuffrè, Riccardo Aiese Cigliano, Maria Rosa Felice, Giuseppe Criseo, Enrico D'alessandro, Orazio Romeo. Bioinformatics analysis of Next-Generation Sequencing data in microbiology. 90° *Convegno SIBS* "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani (27-28 Ottobre 2017).
4. **Domenico Giosa**, Alessandro Zumbo, Irene Sapienza, Letterio Giuffrè, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Enrico D'alessandro. Whole genome SNPs discovery and analysis of genetic diversity in Nero Siciliano Pig. 90° *Convegno SIBS* "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani (27-28 Ottobre 2017).
- 2016 5. **Domenico Giosa**, Maria Rosa Felice, Letterio Giuffrè, Fabio Scordino, Carla Lo Passo, Giuseppe Criseo, Enrico D'alessandro, Orazio Romeo. Whole mRNA sequencing and transcriptome assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under chlamyospore-inducing conditions. 89° *Convegno SIBS* "Clima e Vita", (Bologna 1-2 Dicembre 2016).
- 2015 6. **Domenico Giosa**. Next Generation Sequencing (NGS): una rivoluzione nella biologia di base e applicata. *Corso "Genomica, proteomica e bioinformatica per lo studio e l'identificazione dei microrganismi"* (Messina, 29/05/2015).

## CORSI

- 2019 1. Convegno: ENPAB, Bioinformatics new generation professional: biologists in-silico. 14 Giugno 2019 Messina.
- 2018 2. Convegno: 34th SIPMeT National Congress, 4th Joint Meeting of Pathology and Laboratory Medicine, Second Joint Meeting in collaboration with ASIP-AMP-UEMS-WASPALM, Patologia e Medicina di Laboratorio 4.0". 23-25 Ottobre 2018, Aci Castello (Ct).
3. Congresso: 4° Congresso Nazionale SIPMeL, 34° Congresso Nazionale SIPMeT, 4° Congresso dell'Area di Patologia e Medicina di Laboratorio "PATOLOGIA E MEDICINA DI LABORATORIO 4.0" "PATHOLOGY AND LABORATORY MEDICINE 4.0". 23-25 Ottobre 2018, Acicastello (CT).
4. Convegno: 51ª Riunione Generale Annuale A.I.S.F. Roma 22-23 Febbraio 2018.
5. Convegno: 20th A.I.S.F. Pre-Meeting Course "Invasive procedures in Hepatology". Roma, 21 Febbraio 2018.
6. Convegno: "2018 International HBV Meeting, The Molecular Biology of Hepatitis B Viruses". 03-06 Febbraio 2018, Taormina (Messina).
- 2017 7. Convegno: "Update on Biology and Clinical Impact of Occult Hepatitis B Virus Infection". 01-02 Febbraio 2018, Taormina (Messina).
8. Convegno: SMART SCIENCE "Le nuove frontiere del sequenziamento NGS: tecnologie e prodotti a confronto". Catania (Italia), 18 Maggio 2017.
9. Convegno: 6th CNAG Symposium on Genome Research: Agrigenomics. Barcellona (Spain), 23 Marzo 2017.
- 2016 10. Convegno: 89° Convegno SIBS (Società Italiana di Biologia Sperimentale) "Clima e Vita" Ozzano dell'Emilia (Bo), 1-2 Dicembre 2016.
11. Corso: Microb&co 7th International course in Microbial Ecology, "Publishing does and don't for microbial ecologists". Catania, 24-27 Ottobre 2016.
12. Convegno: 6th International Meeting of ISHAM (International Society for Human and Animal Mycology) "Working Groups on Bleack Yeast and Chromoblastomycosis". Viterbo, 15-17 Settembre 2016.
13. Convegno: IRCCS "Bonino-Pulejo" "Next Generation Sequencing and Bioinformatics: Methods, Tools and Applications in Basic Research, Clinical Diagnostics and much more". Messina, 27-28 Maggio 2016.



2015  
2014

2013

PROGETTI E DATI  
DEPOSITATI SU DATABASE  
PUBBLICI

14. Corso: F.I.Bio. (Federazione Italiana Biotecnologi) "Analisi trascrittomiche mediante RNA-seq" Napoli, 11-12 Marzo 2016
15. Convegno: San Carlo (Azienda Ospedaliera Regionale) "Le infezioni ospedaliere da batteri gram negativi con esteso spettro di resistenza". Potenza, 26 Febbraio 2016.
16. Meeting: "Illumina User Group Meeting". Catania, 3-4 Novembre 2015.
17. Corso: "Gastroenteriti ad eziologia batterica". Messina, 28 Giugno 2014.
18. Corso: "La biologia forense nel processo civile e penale". Reggio Calabria, 20 Giugno 2014.
19. Corso: "Il Biologo: figura dinamica nel mondo del lavoro". Messina, 06 Novembre 2013.

Genomi depositati in GenBank:

JNEX02000000; LVYW01000000; LVYX01000000; GCA\_006511355.1;  
CP025717-CP025731; JACSRB000000000; JACSRC000000000;  
JADMNF000000000; JADMNG000000000; JADMNH000000000;  
JADMNI000000000; CP071552-CP71572;

Trascrittomi depositati in GenBank:

GEVW00000000.2, GEVV00000000.2

Bioprojects in GenBank:

PRJNA650273; PRJNA539953; PRJNA641248; PRJNA428229;  
PRJNA327736; PRJNA327731; PRJNA633855; PRJNA418771.

Sottomissioni in GEO di dati di espressione:  
GSE145856.

Database pubblici:

<http://sporothrixgenomedatabase.unime.it/>

#### ATTIVITÀ DI REVISORE

- Le infezioni in medicina (EDIMES)

#### DATI PERSONALI

Ai sensi del D. Lgs. 196/03, il sottoscritto DOMENICO GIOSA autorizza il destinatario del presente al trattamento e cessione a terzi dei dati personali sopra riportati, ai fini dell'attribuzione di incarichi professionali e/o altre proposte di lavoro. Dichiaro inoltre di essere a conoscenza dei diritti a lui riservati dalla citata legge in materia di accesso, modifica, blocco e cancellazione dei suoi dati personali.

Messina, 05 Giugno 2021

Firma