

**CURRICULUM VITAE
ET STUDIORUM**



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome Letterio Giuffrè
 Indirizzo
 Telefono
 Fax
 E-mail
 Nazionalità
 Data di nascita

ESPERIENZE PROFESSIONALI

- 01/07/2020 – 30/06/2022 Borsista Ricercatore presso il Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali (ChiBioFarAm) dell'Università degli Studi di Messina coinvolto nello svolgimento del progetto di ricerca "Genotipizzazione di ceppi clinici e ambientali di specie microbiche coinvolte nelle infezioni ospedaliere".
- 27/04/2022
• 06/05/2022 Attività didattica integrativa nell'ambito del progetto di alternanza scuola lavoro (PCTO) "Insieme per nuovi orizzonti" 2022, attuato dal Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali dell'Università degli Studi di Messina e l'istituto d'istruzione superiore Borghese Faranda
- 22/01/2020 Attività didattica integrativa per l'insegnamento "Genetica Molecolare" del corso di Laurea Magistrale "Biologia" dell'Università degli studi di Messina
- 28/10/2018
• 27/11/2018
• 11/12/2018 Attività didattica integrativa per l'insegnamento "Genomica animale e selezione Zootecnica" del corso di Laurea Triennale "Scienze, Tecnologie e Sicurezza delle Produzioni Animali" dell'Università degli studi di Messina
- 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

• 08/03/2019 – 29/05/2019

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

- 03/09/2020 **Cultore della Materia in Biologia Molecolare S.S.D. BIO/11**
Nomina "Cultore della Materia" per la disciplina Biologia Molecolare (S.S.D. BIO/11) presso il Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali (ChiBioFarAm) dell'Università degli studi di Messina per il triennio accademico dal 1° ottobre 2020 al 30 settembre 2023.

- 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 Whole Shotgun Metagenome Sequencing"

- 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 Probable 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 o Surface Air System (DUO-SAS).

Campionamento dell'aria mediante strumento Sartorius MD8 Airport Portable Air Sampler e relativa determinazione della comunità microbica mediante tecniche metagenomiche e bioinformatiche.

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 per lo studio di specie microbiche quali *Candida* spp, *Cryptococcus* spp, *Fusarium* spp., *Hortaea* spp., *Penicillium* spp. e batteriche quali *Staphylococcus aureus*, *Legionella pneumophila*, *Acinetobacter baumannii*;

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, mRNA, rRNA.

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

- 2022
1. Dougue AN, El-Kholy MA, Giuffrè L, Galeano G, D'Aleo F, Kountchou CL, Nangwat C, Paul DJ, Giosa D, Pernice I, Shawky SM, Ngouana TK, Boyom FF, Romeo O.
Multilocus sequence typing (MLST) analysis reveals many novel genotypes and a high level of genetic diversity in *Candida tropicalis* isolates from Italy and Africa. *Mycoses*. 2022 Jun 17. doi: 10.1111/myc.13483. Epub ahead of print. PMID:35713604.
2. Lanza M, Filippone A, Casili G, Giuffrè L, Scuderi SA, Paterniti I, Campolo M, Cuzzocrea S, Esposito E.
Supplementation with SCFAs Re-Establishes Microbiota Composition and Attenuates Hyperalgesia and Pain in a Mouse Model of NTG-Induced Migraine. *Int J Mol Sci*. 2022 Apr 27;23(9):4847. doi: 10.3390/ijms23094847. PMID: 35563235.
- 2021
3. Giuffrè L, Giosa D, Galeano G, Aiese Cigliano R, Paytuví-Gallart A, Sutera A M, Tardiolo G, Zumbo A, Romeo O, D'Alessandro E (2021). Whole-metagenome shotgun sequencing of pig faecal microbiome. *Italian Journal of Animal Science*, 20(1), 1147-1155. doi:10.1080/1828051X.2021.1952910
- 2020
4. Giosa D, 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 *Sporothrix schenckii* yeast and mycelial forms and the establishment of the *Sporothrix* Genome DataBase. *Microb Genom*. 2020 Oct;6(10):mgen000445. doi: 10.1099/mgen.0.000445.
5. Romeo O, Marchetta A, Giosa D, Giuffrè L, Urzì C, De Leo F. Whole Genome Sequencing and Comparative Genome Analysis of the Halotolerant Deep Sea Black Yeast *Hortaea werneckii*. *Life (Basel)*. 2020 Oct 2;10(10):229. doi: 10.3390/life10100229. PMID: 33023088; PMCID: PMC7601665.
- 2019
6. 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.
7. 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.

8. 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. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2018-0169>
- 2018 9. 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 10. 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.
11. 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 RNA-Sequencing and Transcriptome Assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under Chlamydospore-Inducing Conditions. Genome Biol Evol. 2017 Jul 1;9(7):1971-1977. Doi:10.1093/gbe/evx143.
12. 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 13. 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 N-Acetylglucosamine Kinase (HXK1) Mutant. PLoS ONE 11(1): e0147902. doi:10.1371/journal.pone.0147902.
14. 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.

COMUNICAZIONI ORALI

- 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.
- 2017 2. 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). Journal of Biological Research 2017; 90:s1

PRESENTAZIONI A CONVEGNO

- 2022 1. Domenico Giosa, Letterio Giuffrè, Gabriele Rigano, Maria Lui, Orazio Romeo
Whole-transcriptome analysis of *Sporothrix brasiliensis* grown in mould- and yeast-inducing conditions. 21st Congress of the International Society for Human and Animal Mycology (ISHAM), 20-24 September 2022, Hotel the Ashok, New Delhi, India
2. Viviana Floridaia, Grazia Galeano, Letterio Giuffrè, Alessandro Zumbo, Orazio Romeo and Enrico d'Alessandro
Exploring the fecal microbiota of Ragusano donkey
75° Convegno Sisvet, 2022, 15-18 Giugno, Lodi.
- 2019 3. 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 4. 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. ISHAM 2018, Luglio 2018, Amsterdam (Olanda). Medical Mycology, 2018, 56, S1-S159. doi: 10.1093/mmy/myy036
5. L. Giuffrè, I Sapienza, G Criseo, O Romeo, E D'Alessandro.
The Intestinal Mycobiota of Nero Siciliano Pig. ISHAM 2018, Luglio 2018, Amsterdam (Olanda). Medical Mycology, 2018, 56, S1-S159. doi: 10.1093/mmy/myy036

2017

6. 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.

7. 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). 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. 90° Convegno SIBS "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani (27-28 Ottobre 2017). 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. 90° Convegno SIBS "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani (27-28 Ottobre 2017). Journal of Biological Research 2017; 90:s1

10. D. Giosa, A. Zumbo, I. Sapienza, L. Giuffrè, R. Aiese Cigliano, O. Romeo, E. 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). Journal of Biological Research 2017; 90:s1

11. 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.
"Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani (27-28 Ottobre 2017). Journal of Biological Research 2017; 90:s1

2016

12. 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 Chlamydo-spores-Inducing Conditions. 89th SIBS National Congress on Climate and Life Ozzano dell'Emilia (BO), Italy, 1-2 December 2016. Journal of Biological Research 2016; 89:s1

13. 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. 89th SIBS National Congress on Climate and Life Ozzano dell'Emilia (BO), Italy, 1-2 December 2016.
Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

14. 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. 89th SIBS National Congress on Climate and Life Ozzano dell'Emilia (BO), Italy, 1-2 December 2016. Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

15. 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. 89th SIBS National Congress on Climate and Life Ozzano dell'Emilia (BO), Italy, 1-2 December 2016. Journal of Biological Research 2016; 89:s1.

2015

16. 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.

17. 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. Seminario: Nuove piattaforme genetiche nella ricerca e nella diagnostica. Messina, 23 settembre 2015
7. 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 Depositate su GenBank

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 KX512301.1
KX512300.1 KX512299.1 KX512298.1 KX512296.1
KX431900.1 SRX9490434 SRX9490433 SRX9490432

Genomi depositati su GenBank

GCA_016097085.2 GCA_016097105.2 GCA_016097115.2
GCA_016097075.2 JAENJK000000000.1 JACSRB010000001.1

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, 01/07/2022

Firma

Il sottoscritto Letterio Giuffrè nato a Messina (ME) il [redacted], residente a Messina (ME) in Via [redacted] n° [redacted], dichiara di essere consapevole della responsabilità penale prevista, dall'art. 76 dell'art del D.P.R. 445/2000, per le ipotesi di falsità in atti e dichiarazioni mendaci ivi indicate.

Messina, 01/07/2022

Firma