

## ALLEGATO B

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

selezione pubblica per n.\_1\_ posto/i di Ricercatore a tempo determinato ai sensi dell'art.24, comma 3, lettera a) della Legge 240/2010 nell'ambito del Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza (PNRR), per il settore concorsuale \_\_\_\_05/12 - MICROBIOLOGIA\_\_\_\_\_, settore scientifico-disciplinare \_\_BIO/19 - MICROBIOLOGIA\_\_\_\_\_ presso il Dipartimento di \_\_SCIENZE FARMACOLOGICHE E BIOMOLECOLARI\_\_\_\_\_  
(avviso bando pubblicato sulla G.U. n. \_26\_\_\_ del \_04/04/2023\_\_) Codice concorso \_\_5280\_\_

## David Pinzauti CURRICULUM VITAE

### INFORMAZIONI PERSONALI (NON INSERIRE INDIRIZZO PRIVATO E TELEFONO FISSO O CELLULARE)

COGNOME	PINZAUTI
NOME	DAVID
DATA DI NASCITA	12/03/1993

### COMPETENZE

#### COMPETENZE TECNICHE

**Tecniche Standard di microbiologia:** sterilizzazione, preparazione terreni di coltura, isolamento ed identificazione microorganismi, microscopia, test di sensibilità ad antimicrobici, esperienza in laboratori biosicurezza (BSL-2)

**Isolamento Acidi Nucleici** (DNA e RNA), isolamento DNA ad alto peso molecolare, validazione della qualità (purezza, quantità, peso molecolare)

**Tecniche di Biologia Molecolare:** PCR e real-time PCR, disegno e validazione primer PCR

**Next Generation Sequencing (NGS):** tecnologie di sequenziamento Oxford Nanopore e Illumina; sequenziamento genomi microbici, sequenziamento ampliconi, sequenziamento RNA messaggero (mRNA), sequenziamento genomi virali (es. SARS-CoV-2), metagenomica, sequenziamento dell'operone Ribosomiale e 16S rRNA per la caratterizzazione di comunità microbiche

**Bioinformatica:** controllo qualità, trimming e filtering, assemblaggio genomi tramite approccio de novo o basato su riferimento, identificazione di variazione a singolo nucleotide o variazione su larga scala, identificazione e caratterizzazione di fattori di virulenza e geni di resistenza ad antimicrobici, analisi di genomica comparativa, filogenesi, metagenomica, genomica di popolazioni. Differential gene expression, principal component analysis, gene enrichment da dati sequenziamento RNA messaggero

#### SOFTWARES

Microsoft Office (Excel, Outlook, PowerPoint and Word) e suite OpenOffice

Artemis e Artemis Comparison Tool (ACT), DNAPlotter, Tablet, Blast Ring Image Generator (BRIG), Mauve, Bandage, VectorNTI, BioEdit, Chromas, GraphPadPrism

Siti web, banche dati e programmi inerenti all'analisi bioinformatica dati NGS

Sistemi operativi Linux (Ubuntu, Debian) e Windows (XP, 7, 8, 10)

Linguaggio di programmazione R e R-Studio. Conoscenza base di python

## **ESPERIENZE LAVORATIVE**

### **ESPERIENZE LAVORATIVE**

#### **Ruolo Microbiota Scientist**

Presso The BioArte Ltd (C94222), San Gwann (Malta)

Data inizio 01/03/2022

Data termine In corso

Titolo del progetto "Nasal biomarkers identification and characterization to reduce severity and transmissibility of COVID19, in vaccinated and not vaccinated population"

Progetto BIOMEVACn Ref. 16023/24102/1 Malta Enterprise

#### **Ruolo Assegnista di Ricerca**

Dipartimento di Biotecnologie Mediche, Università di Siena

Data inizio 15/01/2021

Data termine 28/02/2022

Titolo del progetto "Characterization of antibiotic resistance determinants in bacterial genomes by sequencing and bioinformatic analysis"

Progetto PRIN 2017 n. 20177J5Y3P

P.I. Prof. Pozzi Gianni

## **TITOLI**

### **TITOLO DI STUDIO**

#### **Laurea Magistrale in Medical Biotechnologies (LM-9)**

Università di Siena

25/09/2017

titolo della tesi "Bacterial Genome Sequencing using the MinION Nanopore Sequencer"

relatore Dr. Santoro Francesco

voto 110/110 e Lode

#### **Laurea Triennale in Biotecnologie Medico-Farmaceutiche**

Università di Firenze

8/10/2015

titolo della tesi "*In vitro* screening of novel antimicrobial compound"

relatore Prof.ssa Azzi Alberta, correlatore Prof. Rossolini Gian Maria

voto 103/110

### **TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA O EQUIVALENTI, OVVERO, PER I SETTORI INTERESSATI, DEL DIPLOMA DI SPECIALIZZAZIONE MEDICA O EQUIVALENTE, CONSEGUITO IN ITALIA O ALL'ESTERO**

#### **Dottorato in Biotecnologie Mediche (XXXIII° ciclo)**

Dipartimento di Biotecnologie Mediche, Università di Siena

13/04/2021

titolo della tesi "Implementation of a flexible Oxford Nanopore sequencing platform for microbial genomics"

relatore Dr. Santoro Francesco

## CONTRATTI DI RICERCA, ASSEGNI DI RICERCA O EQUIVALENTI

**Assegnista di Ricerca** presso il Dipartimento di Biotecnologie Mediche  
Università di Siena (SSD MED/07)  
Data inizio 15/01/2021  
Data termine 28/02/2022  
Titolo del progetto: “Characterization of antibiotic resistance determinants in bacterial genomes by sequencing and bioinformatic analysis”  
Progetto PRIN 2017 n. 20177J5Y3P  
P.I. Prof. Pozzi Gianni

## ATTIVITÀ DIDATTICA A LIVELLO UNIVERSITARIO IN ITALIA O ALL'ESTERO

Anno Accademico 2020-2021  
Università di Siena  
Corso di Laurea Magistrale Medical Biotechnologies (LM-9)  
Lezione frontale “Nucleic Acid Detection and Analysis”  
Lezione frontale integrata nel corso “Next Generation Genetics and Genomics”  
responsabile Dr. Santoro Francesco

Anno Accademico 2021/22  
Università di Siena  
Corso di Laurea Triennale in Scienze Biologiche (L-13)  
Attività Correlatore Tesi  
Candidato Conti Giulia  
Titolo tesi “Identificazione Rapida di Microrganismi da Emocolture Positive tramite Nanopore Sequencing”

Anno Accademico 2020/21  
Università di Siena  
Corso di Laurea Magistrale in Medical Biotechnologies (LM-9)  
Attività Correlatore Tesi  
Candidato Bollini Riccardo  
Titolo tesi “Genomic Analysis of 10 *Enterococcus faecalis* isolates obtained from patients with periapical lesions”

Anno Accademico 2020/21  
Università di Siena  
Corso di Laurea Magistrale in Medical Biotechnologies (LM-9)  
Attività Correlatore Tesi  
Candidato Salwan Menka  
Titolo tesi “Complete genome sequence of a *Winkia neuvi* (formerly *Actinomyces neuvi*) strain isolated from a blood sample”

Anno Accademico 2017/2018  
Università di Siena  
Corso di Laurea Magistrale in Medical Biotechnologies (LM-9)  
Attività Correlatore Tesi  
Candidato Colombini Lorenzo  
Titolo tesi “Complete genome sequences of the *Lactobacillus crispatus* probiotic strain M247 and its isogenic non-aggregating mutant Mu5”

**DOCUMENTATA ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA PRESSO QUALIFICATI ISTITUTI ITALIANI O STRANIERI;**

Johns Hopkins University  
corso di specializzazione **“Genomic Data Science Specialization”**  
Data Inizio 28/01/2023  
Data prevista termine 05/2023  
corso erogato tramite piattaforma online Coursera ([genomic-data-science](#))

Technical University of Denmark - DTU  
corso **“Metagenomics applied to surveillance of pathogens and antimicrobial resistance”**  
Data conseguimento 07/05/2020  
corso erogato tramite piattaforma online Coursera ([metagenomics](#))

Technical University of Denmark - DTU  
corso **“Whole genome sequencing of bacterial genomes - tools and applications”**  
Data conseguimento 21/04/2020  
corso erogato tramite piattaforma online Coursera ([wgs-bacteria](#))

Università di Siena  
progetto “Toscana Start Up Academy 4.0” ALMALE (2018DU0092)  
corso **“Introduction to Machine Learning Algorithm”**  
Data conseguimento 05/2019

**ATTIVITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI**

31° European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID)  
Congresso virtuale (9-12 Luglio 2021)  
Poster **“In-host evolution of a *Staphylococcus fleurettii* strain cause of a recalcitrant elbow prosthetic joint infection for defective AgrA pathotype”**  
Autori Bidossi A, Santoro F, [Pinzauti D](#), Bottagisio M, De Vecchi E

39° congresso annuale European Bone and Joint Infection Society (EBJIS)  
Lubiana, Slovenia (7-9 Ottobre 2021)  
Poster **“In-host evolution of a *Staphylococcus fleurettii* strain cause of a recalcitrant elbow prosthetic joint infection for defective AgrA pathotype”**  
Autori Bidossi A, Santoro F, [Pinzauti D](#), Bottagisio M, De Vecchi E

48° Congresso Virtuale Nazionale della Società Italiana Di Microbiologia (SIM)  
Congresso virtuale (21-22 Settembre 2020)  
Poster **“Whole genome sequence of the SARS-CoV-2 Siena-1/2020 viral isolate”**  
Autori Cusi MG, [Pinzauti D](#), Gandolfo C, Anichini G, Pozzi G, Santoro F

XXXIII° Congresso Società Italiana di Microbiologia Generale e Biotecnologie Microbiche (SIMGBM)  
Firenze, Italia (19-22 Giugno 2019)  
Poster **“DNA isolation methods for Nanopore sequencing of *Streptococcus mitis* genome”**  
Autori [Pinzauti D](#), Iannelli F, Pozzi G, Santoro F

XXXIII° Congresso Società Italiana di Microbiologia Generale e Biotecnologie Microbiche (SIMGBM)  
Firenze, Italia (19-22 Giugno 2019)  
Poster **“Complete Genome Sequence of *Lactobacillus crispatus* M247 strain and its derivative Mu5 lacking the auto-aggregation phenotype”**  
Autori Colombini L, Santoro F, Cuppone AM, [Pinzauti D](#), Pozzi G, Iannelli F

London Calling 2019  
Londra, Inghilterra (22-24 Maggio 2019)  
Poster **“DNA isolation methods for nanopore sequencing of *Streptococcus mitis* genome”**  
Autori [Pinzauti D](#), Iannelli F, Pozzi G, Santoro F

46° Congresso Nazionale della Società Italiana Di Microbiologia (SIM)  
Palermo, Italia (26-29 Settembre 2018)  
Poster “**Complete genome sequence of *Streptococcus mitis* integrating Nanopore and Illumina data**”  
Autori Pinzauti D, Iannelli F, Pozzi G, Santoro F

## PRODUZIONE SCIENTIFICA

### PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

- Gaeta C, Marruganti C, Ali IAA, Fabbro A, Pinzauti D, Santoro F, Neelakantan P, Pozzi G, Grandini S. **The presence of *Enterococcus faecalis* in saliva as a risk factor for endodontic infection.** *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 13:1061645, 2023 April 06. doi: 10.3389/fcimb.2023.1061645
- Szoboszlay M, Schramm L, Pinzauti D, Scerri J, Sandionigi A, Biazzo M. **Nanopore is preferable over Illumina 16S amplicon sequencing of the gut microbiota when species-level taxonomic classification, accurate estimation richness, or focus on rare taxa is required.** *Microorganisms* 2023, 11, 804, 2022 March 21. doi: 10.3390/microorganisms11030804
- De Giorgi S, Ricci S, Colombini L, Pinzauti D, Santoro F, Iannelli F, Cresti S, Piomboni P, De Leo V, Pozzi G. **Genome Sequence Typing and Antimicrobial Susceptibility Testing of Infertility-Associated *Enterococcus faecalis* reveals clonality of Aminoglycoside-resistant strains.** *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 2022 June. doi: 10.1016/j.jgar.2022.03.017
- Pinzauti D, Iannelli F, Pozzi G, Santoro F. **DNA isolation methods for Nanopore sequencing of *Streptococcus mitis* genome.** *Microbial Genomics*, 2022 February 16. doi: 10.1099/mgen.0.000764
- Pinzauti D, De Giorgi S, Fox V, Lazzeri E, Santoro F, Iannelli F, Ricci S, Pozzi G. **Complete Genome Sequences of *Mycobacterium chimaera* strains 850 and 852, isolated from heater-cooler units water.** *Microbiology Resource Announcement*, 2022 January 20. doi: 10.1128/mra.01021-21
- Cuppone AM, Colombini L, Fox V, Pinzauti D, Santoro F, Pozzi G, Iannelli F. **Complete Genome Sequence of the *Streptococcus pneumoniae* strain RX1, a Hex Mismatch Repair-deficient standard transformation recipient.** *Microbiology Resource Announcement*, 2022 October 14. doi: 10.1128/MRA.00799-21
- Teodori L, Colombini L, Cuppone AM, Lazzeri E, Pinzauti D, Santoro F, Iannelli F, Pozzi G. **Complete Genome Sequence of *Lactobacillus crispatus* Type Strain ATCC 33820.** *Microbiology Resource Announcement*, 2021 August 12. doi: 10.1128/MRA.00634-21
- Biazzo M, Madeddu S, Elnifro E, Sultana T, Muscat J, Scerri CA, Santoro F, Pinzauti D. **Genome Sequences of 10 SARS-CoV-2 Viral Strains Obtained by Nanopore Sequencing of Nasopharyngeal Swabs in Malta.** *Microbiology Resource Announcement*, 2021 January 28. doi: 10.1128/MRA.01375-20
- Cusi MG, Pinzauti D, Gandolfo C, Anichini G, Pozzi G, Santoro F. **Whole-Genome Sequence of SARS-CoV-2 Isolate Siena-1/2020.** *Microbiology Resource Announcement*, 2020 September 24. doi: 10.1128/MRA.00944-20

Data

15/04/2023

Luogo

San Gwann