

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 neuui* (formerly *Actinomyces neuui*) 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