

Letterio Giuffrè

 **Lavoro** : Viale Ferdinando Stagno d'Alcontres 31, Dipartimento di scienze chimiche, biologiche, farmaceutiche ed ambientali, 98166, Messina, Italia

 **E-mail**: lguiffre@unime.it  **Telefono**: (+39) 0906765654

Data di nascita: 22/02/1988 **Nazionalità**: Italiana

ESPERIENZA LAVORATIVA

[29/12/2022 – Attuale]

Ricercatore universitario a tempo determinato (RtDa) in genetica (BIO/18)

Dipartimento ChiBioFarAm - Università degli Studi di Messina

Città: Messina

Paese: Italia

[25/07/2022 – 26/12/2022]

Borsista di ricerca

Università degli Studi di Messina

Città: Messina

Paese: Italia

Borsista di ricerca coinvolto nel progetto di ricerca "Caratterizzazione del microbioma ambientale e della diffusione dei geni correlati alla resistenza antimicrobica negli ambienti ospedalieri"

[01/07/2020 – 30/06/2022]

Borsista di ricerca

Università degli Studi di Messina

Città: Messina

Paese: Italia

Borsista di ricerca coinvolto nel progetto "Genotipizzazione di ceppi clinici e ambientali di specie microbiche coinvolte nelle infezioni ospedaliere"

[16/03/2016 – 30/09/2016]

Biologo ricercatore volontario

Genotipizzazione di ceppi di importanti specie patogene appartenenti al genere

[21/03/2018 – 26/07/2018]

Trainee presso Sequentia Biotech SL

Sequentia Biotech SL

Città: Barcelona

Paese: Spagna

Durante questo periodo formativo sono state apprese 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 ovvero le principali metodiche di analisi impiegate per la caratterizzazione tassonomica e funzionale a partire da diverse strategie di sequenziamento metagenomico (target sequencing, whole metagenome shotgun sequencing, metatrascrittomica).

[08/03/2019 – 29/05/2019]

Trainee presso Sequentia Biotech SL

Sequentia Biotech SL

Città: Barcelona

Paese: Spagna

Durante questo secondo periodo formativo effettuato presso il Sequentia biotech SL sono state perfezionate le conoscenze bioinformatiche applicate all'analisi dati NGS. In particolare, sono state ulteriormente affinate le conoscenze relative ad analisi metagenomiche effettuate con diversi approcci quali target sequencing, whole metagenome shotgun sequencing e metatrascrittomico per la caratterizzazione tassonomica e funzionale di comunità microbiche procariotiche ed eucariotiche provenienti da diverse origini. Inoltre, sono state migliorate le competenze riguardanti le principali tecniche utilizzate per l'assembly e annotazione strutturale e funzionale di genomi e trascrittomi sia eucariotici che procariotici, analisi d'espressione genica differenziale per caratterizzazione di trascrittomi da dati di RNA-seq.

ISTRUZIONE E

FORMAZIONE

[01/10/2016 – 30/09/2019]

Dottorato di Ricerca in Scienze Veterinarie

Dipartimento di Scienze Veterinarie - Università degli Studi di Messina

Campi di studio: sanità pubblica veterinaria e sicurezza alimentare

Voto finale: Ottimo

Tesi: Caratterizzazione Tassonomica e Funzionale del microbiota intestinale di suini di razza Nero Siciliano mediante Whole Shotgun Metagenome Sequencing. Tutor: Chiar.mo Enrico D'Alessandro.

[20/12/2012 – 15/03/2016]

Laurea Magistrale in Biologia (LM-6)

Università degli Studi di Messina

Campi di studio: Genetica Microbica

Voto finale: 110/110 con lode e menzione accademica

Tesi: Sequenziamento e analisi del profilo d'espressione dei geni coinvolti nel metabolismo dell'N-acetilglucosammina in *Candida africana*. Relatore Chiar.mo Prof Orazio Romeo

[16/11/2007 – 17/12/2012]

Laurea Triennale in Scienze Biologiche

Università degli Studi di Messina

Campi di studio: Genetica Microbica

Voto finale: 108/110

Tesi: Genomica e patogenicità di *Candida parapsilosis* species complex. Relatore Chiar.mo Prof Giuseppe Criseo

[16/01/2017]

Abilitazione Professionale alla Professione Biologo

Università degli Studi di Messina

COMPETENZE LINGUISTICHE

Lingua madre: italiano

Altre lingue:

Inglese

ASCOLTO B2 LETTURA B2 SCRITTURA B2

PRODUZIONE ORALE B2 INTERAZIONE ORALE B2

COMPETENZE DIGITALI

Ottima conoscenza di linguaggi di programmazione quali bash, awk, sed e R | Ottima padronanza di sistemi operativi basati su Linux | Ottima padronanza di sistemi operativi quali Windows 11 , Windows 10, Windows 8, Windows 7 | Ottima padronanza nell'utilizzo dei programmi del pacchetto Microsoft Office

PATENTE DI GUIDA

Automobile: B

PUBBLICAZIONI

[2022]

Du W†, Giosa D†, Wei J†, Giuffrè L, Shi G, El Aamri L, D'Alessandro E, Hafidi M, de Hoog S, Romeo O, Huang H. Long-read PacBio genome sequencing of four environmental saprophytic *Sporothrix* species spanning the pathogenic clade. BMC Genomics 23, 506 (2022). doi:10.1186/s12864-022-08736-w

[2022]

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.

[2022]

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]

Giuffrè L, Giosa D, Galeano G, Aiese Cigliano R, Paytuví-Gallart A, Suter 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

Scrivi qui la descrizione...

[2020]

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.

[2020]

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]

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.

[2019]

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.

[2019]

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]

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]

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.

[2017]

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.

[2017]

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]

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.

[2016]

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.

CONFERENZE E SEMINARI

A Bonomo, G Rigano, M Lui, L Giuffrè, R Aiese Cigliano, O Romeo, D Giosa. Sporothrix genome database update and whole phylogenomic analysis.

Bioinformatics and Computational Biology Conference (BBCC), 2022.

Maria Lui, Gabriele Rigano, Andrea Bonomo, Letterio Giuffrè, Orazio Romeo, D Giosa. Bioinformatics analysis of six *Candida parapsilosis* genome assemblies obtained using whole-genome optical maps and Illumina short-read data.

Bioinformatics and Computational biology Conference (BBCC), 2022.

[20/09/2022 – 24/09/2022]

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), New Delhi, India

[15/06/2022 – 18/06/2022]

Viviana Florida, Grazia Galeano, Letterio Giuffrè, Alessandro Zumbo, Orazio Romeo and Enrico d'Alessandro Exploring the fecal microbiota of Ragusano donkey

75° Convegno Sisvet, 2022, Lodi, Italia.

[07/2018 – 07/2018]

Scordino, G. Galeano, MG 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, Amsterdam (Olanda)

[07/2018]

L. Giuffrè, I Sapienza, G Criseo, O Romeo, E D'Alessandro. The Intestinal Mycobiota of Nero Siciliano Pig

ISHAM 2018, Amsterdam (Olanda).

[13/06/2018 – 15/06/2018]

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

[27/10/2017 – 28/10/2017]

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, Trapani, Italia

[27/10/2017 – 28/10/2017]

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, Trapani, Italia

[27/10/2017 – 28/10/2017]

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, Trapani, Italia

[27/10/2017 – 28/10/2017]

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

90° Convegno SIBS, Trapani, Italia

[27/10/2017 – 28/10/2017]

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.

90° Convegno SIBS, Trapani, Italia

[01/12/2016 – 02/12/2016]

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 Chlamydospores-Inducing Conditions.

89° Convegno SIBS, Ozzano dell'Emilia (BO), Italia

[01/12/2016 – 02/12/2016]

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 Yeast Isolated from Moroccan Strawberry and Olive Pomace.

89° Convegno SIBS, Ozzano dell'Emilia (BO), Italia

[01/06/2015 – 03/06/2015]

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, Bratislava, Slovakia.

[25/04/2015 – 28/04/2015]

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; Copenhagen, Denmark.

COMUNICAZIONI ORALI

[14/06/2019]

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, Aula Magna Dipartimento Ingegneria, Università degli Studi di Messina.

[27/10/2017 – 28/10/2017]

Nero Siciliano pig's intestinal mycobiota: phenotypic and molecular characterization.

90° Convegno SIBS "Società Italiana di Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani, Italia

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel CV ai sensi dell'art. 13 d. lgs. 30 giugno 2003 n. 196 - "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 GDPR 679/16 - "Regolamento europeo sulla protezione dei dati personali".

Messina, 01/06/2023

Letterio Giuffrè

Letterio Giuffrè