

Curriculum vitae

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome Mauro Truglio
Telefono
E-mail
Data di nascita

OBIETTIVI

Esperto in programmazione Python, bioinformatica, biostatistica, analisi dati, sviluppo full-stack applicazioni e gestione database. Il mio obiettivo è apportare, tramite la mia creatività e abilità di problem solving, un contributo sostanziale nei settori della ricerca e sviluppo in ambito accademico o privato, continuando al contempo ad affinare ed accrescere le mie capacità.

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da – a) Maggio 2020 – oggi
- Tipo di impiego **Responsabile Bioinformatica/Biostatistica** presso IFO (Istituto San Gallicano)
 - Gestione della bioinformatica di tutti i progetti di Lipidomica, Metabolomica e Metagenomica dell'Istituto
 - Creazione pipeline e webserver user-friendly per le analisi più frequenti
 - Analisi e modelli statistici avanzati
 - Gestione infrastruttura informatica del Dipartimento, backup e sicurezza
 - Management di bioinformatici junior e studenti.
 - Ricerca e scrittura articoli scientifici.

Linguaggi e strumenti: Python, R, Matlab, Javascript, MongoDB, Docker.

- Date (da – a) Novembre 2020 – oggi
- Tipo di impiego **Lead Bioinformatician** presso Altamedica SpA (Rome, Italy)
 - Sviluppo di pipeline proprietaria per Non Invasive Prenatal Testing (NIPT), totalmente automatizzata e basata su linee guida internazionali; creazione (training e testing) di metodi di machine learning per la predizione di sesso e aneuploidie; gestione dati e archivio.
 - Sviluppo della pipeline di analisi e reportistica per il progetto GeneFood®
 - Sviluppo di una soluzione in-house per esecuzione e manutenzione pipeline utilizzando Galaxy
 - Containerizzazione di tutti i processi in Docker.

Linguaggi e strumenti: Python, R, Galaxy, Docker

- Date (da – a) Maggio 2017 – Marzo 2020
 • Tipo di impiego **Full-Stack Lead Developer** presso Istituto CSS Mendel
- Responsabile dello sviluppo full-stack di tutti i progetti dell'Istituto (coding, testing, integrazione, packaging, deployment, styling). Tra i webserver piu' recenti, *Mitimpact*, *Incas*, *Pyntacle*.
 - Sviluppo e manutenzione pipeline per analisi dati
 - Sviluppo in Ansible di una nuova infrastruttura Galaxy operante su HPC (Singularity + Slurm) per consentire agli utenti dell'intero Istituto di poter utilizzare la pipeline di analisi principale.
 - Gestione di tutti i progetti di Metagenomica dell'Istituto
 - Manutenzione sistemi e pipeline esistenti.
 - Management di sviluppatori junior e studenti.
 - Insegnamento (seminari, workshop) per l'intero team di Bioinformatica.
 - Ricerca e scrittura articoli scientifici.
- Linguaggi e strumenti: Python, R, Javascript, MongoDB, PostgreSQL, Singularity, Ansible, Slurm, Galaxy.
- Date (da – a) Agosto 2016 – Maggio 2017
 • Tipo di impiego **Bioinformatician** presso Instituto Gulbenkian de Ciéncia (Lisbona, Portogallo)
- Sviluppo di una nuova infrastruttura Galaxy (inclusa creazione di strumenti software e interfacce) per consentire agli utenti wet-lab dell'intero istituto di poter utilizzare i più aggiornati strumenti bioinformatici.
 - Supporto e collaborazione in progetti di Metagenomica e RNA-seq.
 - Manutenzione sistemi e pipeline esistenti.
 - Insegnamento (seminari, workshop)
 - Ricerca e sviluppo.
- Software e linguaggi: Python, R, Galaxy.
- Date (da – a) Novembre 2012 – Luglio 2016
 • Tipo di impiego **Bioinformatician** at Massey Genome Services for NZGL (Palmerston North, Nuova Zelanda).
- Analisi bioinformatica di dati NGS provenienti da Illumina MiSeq e HiSeq utilizzando sia strumenti proprietari Illumina che software creato dalla Massey University, e da me riscritto, potenziato e ottimizzato (ad esempio <http://solexaqa.sourceforge.net/> per il Quality Check). Partecipato come speaker a vari workshop e seminari sul territorio nazionale, fornendo training in ambito Genomica, Metagenomica, Variant Detection e RNA-seq.
 - Sviluppo dell'interfaccia laboratorio/cliente, elaborazione preventivi per ogni analisi richiesta e report per il cliente ad analisi completata.
 - Storage di dati sensibili (sequenze e risultati) e setup del laboratorio di bioinformatica.
 - Collaborazione e co-authorship in qualità di bioinformatico in vari progetti (livello PhD e postdoc), tutti pubblicati o in fase di pubblicazione.
 - Sviluppo di un modello OpenSim di colonna lombosacrale canina per la Australia & New Zealand Association of Clinical Anatomists (*Conference Paper in Published Proceedings*).
- Software e linguaggi: Python, C++, MySQL, Perl, R
- Date (da – a) Maggio 2012 – Ottobre 2012
 • Tipo di impiego **Analista Bioinformatico** presso l'Università di Roma "Tor Vergata".
- Progettazione ed esecuzione di analisi RNASeq (utilizzando la pipeline Tophat-Cufflinks-DeSeq) e Variant Detection a scopo diagnostico (pipeline Bowtie2-SAMtools/GATK).
 - Statistica, database e grafici.
- Software e linguaggi: R, MySQL, Python, Perl.

- Date (da – a) Marzo 2012 – Maggio 2012
 - Tipo di impiego **Consulente informatico** per il Laboratorio di Fisiopatologia Cutanea dell' Istituto Dermatologico San Gallicano (ISG) di Roma.
 - Programmazione, analisi statistica ed elaborazione dati da spettrometri di massa (provenienti da Agilent TOF e Triple Quadrupole LC/MS, tramite i software Agilent MassProfiler e MassHunter) per progetti di lipidomica.
 - Creazione di DB relazionali in MySQL,
 - Realizzazione dashboard in Python per analisi e interrogazione del DB stesso
 - Implementazione script in R per analisi statistica multivariata.
- Software e linguaggi: MySQL, Python, R, Excel, MySQL Workbench for LINUX.

- Date (da – a) 2010/2011
 - Tipo di impiego **Vincitore** della borsa di studio B/11/10 "Analisi strutturale di proteine coinvolte in patologie umane" presso il Dipartimento di Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli", Università di Roma "Sapienza".
 - Attività di ricerca svolta presso il Centro di Bioinformatica Molecolare dell'Università di Roma "Tor Vergata", programmatore/ricercatore. Progetto presentato al BITS 2011 ([link](#)) e BITS 2012, e nell'ambito del progetto europeo Leishdrug – Neglected Protozoan Diseases ([link](#)). Programmazione, testing, data management, procedure di docking tramite l'utilizzo delle suite GOLD e Autodock, reverse engineering di software open source, supervisione studenti.
- Software e linguaggi: Python, MySQL, R.

- Date (da – a) 2005/2010
 - Tipo di impiego Realizzazione siti internet per varie aziende e attività a Roma e provincia.
- Software e linguaggi: HTML, Flash, PHP, MySQL.

- Date (da – a) 1998/2012
- Tipo di impiego Manutenzione e riparazione PC a livello hardware e software nella provincia di Roma.

- Date (da – a) 2003/2010
- Tipo di impiego Lezioni private per ragazzi di scuola elementare, media, superiore

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Date (da – a) A.A. 2008/2009 – A.A. 2009/2010
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione **Laurea Magistrale in Bioinformatica** con la votazione di 110/110 e lode presso l'Università degli studi Alma Mater di Bologna, con tesi sperimentale intitolata "Local structure similarity within protein binding pockets as a tool to infer their ability to bind specific functional groups in ligands", svolta presso il Centro di Bioinformatica Molecolare – Università di Roma Tor Vergata
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio Eccellente preparazione in Informatica (programmazione, algoritmi e strutture dati, hardware), Bioinformatica e Segnali Biologici. Utilizzo dei principali database biomedici in rete (Pubmed, Uniprot, Protein Data Bank). Biofisica, Epigenetica, Nanobiotecnologie, Neuroscienze cognitive, Biologia Computazionale.
- Date (da – a) A.A. 2003/2004 – A.A. 2006/2007
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione **Laurea di Primo Livello in Ingegneria Clinica** presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", con tesi sperimentale intitolata "Valutazione dell'applicabilità dell'analisi non lineare (RQA) al segnale R-R in risposta ad uno stimolo pressorio", svolta presso il Dipartimento di Fisiologia.
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio Meccanica, Elettrotecnica, Elettronica, Idraulica, Automazione e Controlli. Progettazione e implementazione di sistemi informatici di gestione dell'informazione clinica. Gestione sicura, appropriata ed economica delle tecnologie e delle apparecchiature in ambito clinico. Valutazione, l'installazione, manutenzione, adeguamento della strumentazione e delle attrezzature in uso nei servizi sanitari e collaborazione con gli operatori sanitari nell'utilizzo di metodologie ingegneristiche per la soluzione di problemi clinici e gestionali.

- Date (da – a) 1997/2002
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Maturità scientifica conseguita con la votazione 100/100

CERTIFICATI E CONFERENZE

- Machine Learning by IBM. Certificato ottenuto il 20 Marzo 2020
- Inferential Statistics by Duke University on Coursera. Certificato ottenuto il 21 Settembre 2016
- Introduction to Probability and Data by Duke University on Coursera. Certificato ottenuto il 15 Giugno 2016
- PM16 – Precision medicine workshop – Settembre 2016
- ILLUMINA Seminar – MiSeq Sequencer & RNA-Seq (Rome, June 2012)
- BITS 2011
- KAUST Workshop on Quantitative Biology, Rome 2011
- Leishdrug meeting, Rome 2011
- Bologna International Winter School 2009 meetings

PUBBLICAZIONI

- D'Arino A, Picardo M, Truglio M, Pacifico A, Iacovelli P. *Metabolic Comorbidities in Vitiligo: A Brief Review and Report of New Data from a Single-Center Experience*. Int J Mol Sci. 2021 Aug 17;22(16):8820. doi: 10.3390/ijms22168820.
- Okoro OE, Adenle A, Ludovici M, Truglio M, Marini F, Camera E. *Lipidomics of facial sebum in the comparison between acne and non-acne adolescents with dark skin*. Sci Rep. 2021 Aug 16;11(1):16591. doi: 10.1038/s41598-021-96043-x.
- Cardinali G, Flori E, Mastrofrancesco A, Mosca S, Ottaviani M, Dell'Anna ML, Truglio M, Vento A, Zaccarini M, Zouboulis CC, Picardo M. *Anti-Inflammatory and Pro-Differentiating Properties of the Aryl Hydrocarbon Receptor Ligands NPD-0614-13 and NPD-0614-24: Potential Therapeutic Benefits in Psoriasis*. Int J Mol Sci. 2021 Jul 13;22(14):7501. doi: 10.3390/ijms22147501
- Singh S, Thompson JA, Weis S, Sobral D, Truglio M, Ylmaz B, Rebelo S, Cardoso S, Soares MP (2020) *Loss of α -gal during primate evolution enhanced antibody-effector function and resistance to bacterial sepsis*. Cell Host Microbe. 2021 Mar 10;29(3):347-361.e12. doi: 10.1016/j.chom.2020.12.017.
- Parca L, Truglio M, Biagini T, Castellana S, Petrizzelli F, Capocéfalo D, Carella M, Mazza T (2020). *Pyntacle: a parallel-computing-enabled framework for large-scale network biology analysis*. GigaScience, Volume 9, Issue 10, October 2020, g115, <https://doi.org/10.1093/gigascience/g115>
- Giuffrida MG, Mastromoro G, Guida V, Truglio M, Fabbretti M, Torres B, Mazza T, De Luca A, Roggini M, Bernardini L, Pizzuti A (2020). *A new case of SMABF2 diagnosed in stillbirth expands the prenatal presentation and mutational spectrum of ASCC1*. Am J Med Genet A. 2020 Mar;182(3):508-512. doi: 10.1002/ajmg.a.61431
- Genov N, Castellana S, Scholkmann F, Capocéfalo D, Truglio M, Rosati J, Turco EM, Biagini T, Carbone A, Mazza T, Relógio A, Mazzoccoli G (2019). *A Multi-Layered Study on Harmonic Oscillations in Mammalian Genomics and Proteomics*. Int J Mol Sci. 2019 Sep 17;20(18). pii: E4585. doi: 10.3390/ijms20184585
- Biagini T, Petrizzelli F, Truglio M, Cespa R, Barbieri A, Capocéfalo D, Castellana S, Tevy MF, Carella M, Mazza T (2019). *Are Gaming-Enabled Graphic Processing Unit Cards Convenient for Molecular Dynamics Simulation?* Evol Bioinform Online. 2019 May 22;15:1176934319850144. doi: 10.1177/1176934319850144.
- Zhang N, Wheeler D, Truglio M, Lazzarini C, Upritchard J, McKinney W, Rogers K, Prigitano A, Tortorano AM, Cannon RD, Broadbent RS, Roberts S, Schmid J (2018). *Multi-Locus Next-Generation Sequence Typing of DNA Extracted From Pooled Colonies Detects Multiple Unrelated Candida albicans Strains in a Significant Proportion of Patient Samples*. Front Microbiol. 2018 Jun 5;9:1179. doi: 10.3389/fmicb.2018.01179.
- Schmid J, Day R, Zhang N, Dupont PY, Cox MP, Schardl CL, Minards N, Truglio M, Moore N, Harris DR, Zhou Y (2017). *Host tissue environment directs activities of an Epichloë endophyte, while it induces systemic hormone and defense responses in its native perennial ryegrass host*. Molecular Plant-Microbe Interactions, 30(2): 138-149.
- Schwartz S, Truglio M, Scott MJ, Fitzsimons HL (2016). *Long-Term Memory in Drosophila Is Influenced by Histone Deacetylase HDAC4 Interacting with SUMO-Conjugating Enzyme Ubc9*. Genetics 203(3):1249-64.
- Parca L, Gherardini PF, Truglio M, Mangone I, Ferrè F, Helmer-Citterich M, Ausiello G. (2012)

CAPACITÀ E COMPETENZE

PERSONALI

PRIMA LINGUA

Italiano, Inglese

ALTRE LINGUE

Inglese parlato correntemente.
Portoghese e Francese buon livello scritto e orale.

	INGLESE	PORTOGHESE	FRANCESE
• Capacità di lettura	Madrelingua	Buono	Base
• Capacità di scrittura	Madrelingua	Buono	Base
• Capacità di espressione orale	Madrelingua	Buono	Base

CAPACITÀ E COMPETENZE

RELAZIONALI

Eccellente capacità di organizzazione, training e coordinazione di personale. Spiccata attitudine al teamwork e elevata capacità di lavorare per obiettivi e scadenze.

CAPACITÀ E COMPETENZE

ORGANIZZATIVE

Eccellente capacità organizzativa e gestionale, ottima autonomia sul posto di lavoro. Eccellente capacità di problem-solving, e velocità nell'apprendere nuove mansioni. Disponibilità per spostamenti.

CAPACITÀ E COMPETENZE

TECNICHE

Eccellente preparazione in Informatica, Bioinformatica, statistica e segnali biologici.
Buona preparazione in Meccanica, Elettrotecnica, Elettronica, Idraulica, Automazione e Controlli.

Informatica

- Linguaggi di programmazione: Python, Javascript, Bash, C, C++, PHP, Flash, AnyScript, Matlab (base), Perl (base), Labview (base).
- Web development: Flask, Django, JavaScript/jQuery, CSS, front-end JS Frameworks e HTML5
- HPC and containers: Slurm, Singularity, Docker
- DB: MongoDB, PostgreSQL, MySQL
- Packaging: pip, Anaconda
- Versioning: Git, Mercurial
- Sistemi operativi: Windows, UNIX, Mac OS
- Office suites: Microsoft Office, Openoffice
- CMS platforms: Drupal, Joomla, Wordpress
- Utilizzatore esperto di Adobe CC suite (Photoshop, Illustrator, Premiere, InDesign, SoundBooth)
- Eccellenti capacità di problem solving a livello hardware e software. Conoscenza tecnologie LAN/WAN con esperienza di amministrazione sistemi su piattaforme Windows e Unix.

Bioinformatica

- NGS: vasta esperienza in *de novo* assembly, metagenomica, SNP calling, annotazione e RNA-Seq. Lavoro con i più importanti e aggiornati programmi e pipeline open-source. Vasta esperienza nella gestione e troubleshooting di sequenziatori: MiSeq, HiSeq, 454 e Ion Torrent.
- Strutture proteiche: esperienza pluriennale in 3D protein structural modeling, analisi e rappresentazione usando Python. Uso estensivo di software di visualizzazione come Pymol e UCSF Chimera, modificandone il codice quando necessario. Uso estensivo di software per il molecular docking (GOLD, Autodock, Dock)
- Statistica: analisi mono e multivariate, machine learning.
- Database: NCBI, PDB, UniProt, Ensembl, GO, Contig, dbSNP and others
- Sviluppatore Galaxy
- Sviluppatore Illumina BaseSpace
- Esperienza nell'uso di Support Vector Machines per analisi di sequenze proteiche e bond prediction.

ALTRE CAPACITÀ E COMPETENZE	<p>Dal 2002 suono il basso in diversi gruppi, con molte esperienze dal vivo. Mi diletto a scrivere (ho collaborato alla stesura dell'Almanacco Luttazzi della Nuova satira Italiana 2010), e a costruire i miei strumenti musicali sia per quanto riguarda la parte elettronica che quella acustica.</p> <p>Ex Atleta agonista a livello nazionale nel settore del tennis (1995-2000); collaboratore del centro di cultura Indo-Vedica "Bibliothè".</p> <p>Appassionato di Storia.</p> <p>Fondatore, sviluppatore e designer della piattaforma social <u>RateYourFlat</u> (2014, venduto) per la recensione di case in affitto.</p> <p>Diploma di Cuoco Professionista ottenuto in Luglio 2011.</p>
PATENTE O PATENTI	A - B
REFERENZE	<p>Murray P. Cox, PhD (Associate Professor & Deputy Head of School of Fundamental Sciences, Massey University) E-Mail: M.P.Cox@massey.ac.nz</p> <p>Tommaso Mazza (Head of Bioinformatics Lab, Istituto CSS Mendel, Rome). E-Mail: t.mazza@css-mendel.it</p> <p>Daniel Sobral (Head of Bioinformatics Lab, IGC, Lisbon). E-Mail: dv.sobral@fct.unl.pt</p> <p>Manuela Helmer-Citterich (Professore Ordinario, Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata"). E-Mail: citterich@gmail.com, citterich@uniroma2.it</p> <p>Patrick J. Biggs, PhD (Associate Professor, Massey University). E-Mail: P.Biggs@massey.ac.nz</p>

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".

