

Curriculum vitae

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome	Mauro Truglio
Telefono	<div style="border: 1px solid black; width: 100%; height: 100%;"></div>
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 (start - end) | Settembre 2022 – Oggi |
| • Employment | Responsabile Bioinformatica/Biostatistica presso IFO San Gallicano, Laboratorio di Microbiologia e Virologia <ul style="list-style-type: none">• Responsabile per lo sviluppo full-stack di tutti i processi bioinformatici• Assembly e annotazione funzionale di ceppi batterici di interesse sanitario• Analisi metagenomica di dati NGS• Multivariate data analysis + ML modeling• Sviluppo e manutenzione di DB + webservice associati• Attività di insegnamento (seminari, workshops, tesi).• Ricerca, stesura articoli scientifici |

Linguaggi e strumenti: Python, R, JavaScript, JASP

- | | |
|-------------------|---|
| • Date (da – a) | Maggio 2020 – Settembre 2022 |
| • Tipo di impiego | Responsabile Bioinformatica/Biostatistica presso IFO (Istituto San Gallicano) <ul style="list-style-type: none">• Gestione della bioinformatica di tutti i progetti di Lipidomica, Metabolomica e Metagenomica dell'Istituto• Creazione pipeline e webservice 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 – Luglio 2023 |
| • Tipo di impiego | Lead Bioinformatician presso Altamedica SpA (Rome, Italy) |

- 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://solexaga.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.

**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

- Flori E, Mosca S, Cardinali G, Briganti S, Ottaviani M, Kovacs D, Manni I, Truglio M, Mastrofrancesco A, Zaccarini M, Cota C, Piaggio G, Picardo M. *The Activation of PPAR γ by (2Z,4E,6E)-2-methoxyocta-2,4,6-trienoic Acid Counteracts the Epithelial-Mesenchymal Transition Process in Skin Carcinogenesis*. *Cells*. 2023 Mar 24;12(7):1007. doi: 10.3390/cells12071007.
- Cavallo I, Sivori F, Truglio M, De Maio F, Lucantoni F, Cardinali G, Pontone M, Bernardi T, Sanguinetti M, Capitanio B, Cristaudo A, Ascenzioni F, Morrone A, Pimpinelli F, Di Domenico EG. *Skin dysbiosis and Cutibacterium acnes biofilm in inflammatory acne lesions of adolescents*. *Sci Rep*. 2022 Dec 6;12(1):21104. doi: 10.1038/s41598-022-25436-3.
- Papaccio F, Bellei B, Ottaviani M, D'Arino A, Truglio M, Caputo S, Cigliana G, Sciuto L, Migliano E, Pacifico A, Iacovelli P, Picardo M *Cells* 11 (22), 3583 *A Possible Modulator of Vitiligo Metabolic Impairment: Rethinking a PPAR γ Agonist*. *Cells*. 2022 Nov 12;11(22):3583. doi: 10.3390/cells11223583
- Kovacs D, Bastonini E, Briganti S, Ottaviani M, D'Arino A, Truglio M, Sciuto L, Zaccarini M, Pacifico A, Cota C, Iacovelli P, Picardo M. *Altered epidermal proliferation, differentiation and lipid metabolism: a novel key element in the vitiligo puzzle*. *Sci Adv*. 2022 Sep 2;8(35):eabn9299. doi: 10.1126/sciadv.abn9299.
- Sivori F, Cavallo I, Kovacs D, Guembe M, Sperduti I, Truglio M, Pasqua M, Prignano G, Mastrofrancesco A, Toma L, Pimpinelli F, Morrone A, Ensolì F, Di Domenico EG. *Role of Extracellular DNA in Dalbavancin Activity against Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) Biofilms in Patients with Skin and Soft Tissue Infections*. *Microbiol Spectr*. 2022 Apr 27;10(2):e0035122. doi: 10.1128/spectrum.00351-22.
- Briganti S, Truglio M, Angiolillo A, Lombardo S, Laccase D, Camera E, Picardo M, Di Costanzo A. *Application of Sebum Lipidomics to Biomarkers Discovery in Neurodegenerative Diseases*. *Metabolites*. 2021 Nov 29;11(12):819. doi: 10.3390/metabo11120819.
- 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, Yilmaz 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, Capocefalo D, Carella M, Mazza T (2020). *Pyntacle: a parallel-computing-enabled framework for large-scale network biology*

- 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

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. Ex Atleta agonista a livello nazionale nel settore del tennis (1995-2000); collaboratore del centro di cultura Indo-Vedica "Bibliothé".

Appassionato di Storia.

Fondatore, sviluppatore e designer della piattaforma social [RateYourFlat](#) (2014, venduto) per la recensione di case in affitto.

Diploma di Cuoco Professionista ottenuto in Luglio 2011.

PATENTE O PATENTI

A - B

REFERENZE

Murray P. Cox, PhD (Associate Professor & Deputy Head of School of Fundamental Sciences, Massey University) E-Mail: M.P.Cox@massey.ac.nz

Daniel Sobral (Head of Bioinformatics Lab, IGC, Lisbon). E-Mail: dy.sobral@fct.unl.pt

Manuela Helmer-Citterich (Professore Ordinario, Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata"). E-Mail: citterich@gmail.com. citterich@uniroma2.it

Patrick J. Biggs, PhD (Associate Professor, Massey University). E-Mail: P.Biggs@massey.ac.nz

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".

