

CURRICULUM VITAE ET STUDIORUM

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome: Domenico Giosa

Nazionalità: Italiana

Email: dgiosa@unime.it

Telefono: +390906765634

ORCID: 0000-0002-3893-5296

SCOPUS ID: 56940924600

POSIZIONI PROFESSIONALI

31/12/2021 – presente: Ricercatore (RTD-A; art.24 c.3 240/2010) in Genetica (SSD: BIO/18), Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università degli Studi di Messina, Italia.

PON “Ricerca e Innovazione” 2014-2020 – CUP J45F21001750007

Titolo del Progetto: “Decifrare i genomi e i trascrittomi di *Sporothrix spp.* utilizzando la *Next Generation Sequencing* e strumenti bioinformatici”.

2021: Incarico di Prestazione Occasionale, Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università degli Studi di Messina, Italia.

PRIN 2017 progetto intitolato “Inibizione naturale e farmacologica della prima fase della replicazione virale (VirSudNet)”, codice progetto 2017M8R7N9, CUP Code J44I19000670006.

01/03/2016 – 31/03/2017: Borsa di Ricerca, I.R.C.C.S. Centro Neurolesi “Bonino Pulejo”, Messina, Italia.

Progetto di Ricerca GR-2011-02347606 intitolato “Application of molecular methodologies including multi locus sequence typing (MLST) and microsatellite-based genotyping to determine the frequency and distribution of clinically important *Candida* species in hospital care units and use of the whole genome mapping (WGM) technology as tool for comparative genome analysis of *Candida parapsilosis* epidemic clones”.

ATTIVITÀ DIDATTICA

2021-2024: Cultore della Materia per le discipline “Tecniche Molecolari per lo Studio dei Microrganismi” (SSD: BIO/19 - Microbiologia) e “Bioinformatics and Molecular Networks” (SSD: BIO/18 - Genetica), presso l’Università degli Studi di Messina, Italia.

2023-2024: Docente del Corso “Bioinformatics and Genetics with application in forensic sciences”, Dipartimento di Scienze matematiche e informatiche, scienze fisiche e scienze della terra, Università degli Studi di Messina, Italia.

2022-2023: Docente del modulo “Genomica Applicata e Bioinformatica”, insegnamento “Tecnologie Microbiche Applicate con Genomica Applicata e Bioinformatica”, CdLM in Biologia della Salute, delle Tecnologie Applicate e della Nutrizione, Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università degli Studi di Messina, Italia.

2021-2022: Docente del Corso di “Bioinformatics & Molecular Networks”, CdLM in Biotecnologie Mediche, Dipartimento di Scienze Biomediche, Odontoiatriche e delle Immagini Morfologiche e Funzionali, Università degli Studi di Messina, Italia.

2020-2021: Seminari didattici integrativi per il corso “Biotecnologie Microbiche” del Corso di Laurea Magistrale in Biologia, Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università degli Studi di Messina, Italia.

2019-2020: Docente del Corso “Emerging role of bioinformatics in computer studies of epigenetics and implications for pathologies”, Master I livello in “OCCUPATIONAL AND ENVIRONMENTAL RISK MANAGEMENT”, Dipartimento di Scienze Biomediche, Odontoiatriche e delle Immagini Morfologiche e Funzionali, Università degli Studi di Messina, Italia.

2018-2019: Seminari didattici integrativi per il “Corso Integrato di Microbiologia: Patogenesi delle malattie epatiche”, Laurea Magistrale in Biotecnologie della Salute, Dipartimento di Patologia Umana dell’Adulto e dell’età evolutiva, Università degli Studi di Messina, Italia.

2017-2018: Seminari didattici integrativi per il “Corso Integrato di Microbiologia: Patogenesi delle malattie epatiche”, Laurea Magistrale in Biotecnologie della Salute, Dipartimento di Patologia Umana dell’Adulto e dell’età evolutiva, Università degli Studi di Messina, Italia.

2015-2016: Seminari didattici integrative per il Corso di “Genetica Molecolare”, Corso di Laurea Magistrale in Biologia, Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali, Università degli Studi di Messina, Italia.

ATTIVITÀ DIDATTICA INTERNAZIONALE

2022-2023: Docente presso l’International Summer School “Topics in Microbiology and Parasitology”, Doctoral Program, University of Concepción, Concepción, Chile.

2017-2018: Docente del Corso “Bioinformatics”, Master in Plant Protection and Biotechnology, Moulay Ismail University, Faculty of Science, Meknés, Morocco.

ESPERIENZE PROFESSIONALI

2020: Attività di Ricerca presso Genomix4Life s.r.l. (6 mesi)

Baronissi, Salerno, Italia.

2018/2019: Attività di Ricerca presso Sequentia Biotech SL (6 mesi)

Barcellona, Spagna.

2017: Attività di Ricerca presso Sequentia Biotech SL (2 mesi)

Barcellona, Spagna.

2015: Erasmus+ presso il CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre (3 mesi)

Utrecht, Olanda.

2011: Tirocinio presso Ospedale Bianchi – Melacrino – Morelli (3mesi)

Reggio Calabria, Italia.

ATTIVITÀ EDITORIALE

2022: Guest Associate Editor in Fungal Pathogenesis (Frontiers in Cellular and Infection Microbiology)

2018-presente: Revisore per le seguenti riviste Nazionali ed Internazionali: Frontiers, MDPI, PLOS ONE, INFEZMED

MEMBRO DI SOCIETÀ SCIENTIFICHE

2023-presente: Associazione Genetica Italiana (AGI)

2022-presente: International Society of Human & Animal Mycology (ISHAM)

FINANZIAMENTI

2022-2023: Finanziamento Attività di Base della Ricerca di Ateneo FABBR-UniME 2022

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

2017-2020: Dottorato di Ricerca (PON DOT1314013 – Borsa 1)

XXXIII Ciclo in Biotecnologie Mediche e Chirurgiche (DT102)

(PON DOT1314013) - CUP: J78G17000110007

Università degli studi di Messina, Messina (Italia)

Titolo della tesi "Development of a custom NGS method and of a pipeline ad hoc bioinformatics for the characterization of the integrations of Hepatitis B virus in hepatocellular carcinoma".

Tutor: Prof. Teresa Pollicino

Voto: summa cum laude

2015: Laurea Magistrale in Biologia (LM-6)

Università degli Studi di Messina, Italia.

Tesi in Genetica (BIO/18) dal titolo "Sequenziamento Parallelo Massivo dell'intero genoma di *Sporothrix pallida*".

Tutor: Prof. Orazio Romeo

Voto: 110/110 cum laude

COMPETENZE PROFESSIONALI

Analisi bioinformatica di dati di sequenziamento di DNA e RNA (Sanger, Next Generation Sequencing, Third Generation Sequencing, Optical Mapping);

Assemblaggio di genomi e trascrittomi de-novo e reference-guided; Variant Calling (SNPs e SV); Genomica comparativa; Annotazione strutturale e funzionale di genomi/trascrittomi; Analisi di espressione genica differenziale; Gene Ontology Enrichment Analysis e Pathway Enrichment Analysis; Metagenomica e metatrascrittomica (target e whole-genome); Allineamenti di sequenze (nucleotidiche e aminoacidiche); Filogenesi molecolare (target e whole-genome); Interazioni miRNA-target; Sviluppo di pipeline bioinformatiche ad hoc.

Gli studi condotti dal Dr. Giosa si sono concentrati principalmente, ma non esclusivamente, sugli organismi fungini (*Sporothrix spp.*, *Candida spp.*, *Cryptococcus spp.*, *Fusarium spp.*, *Hortaea spp.*), virus (HSV, HBV, HCV) e mammiferi (*Homo sapiens sapiens*, *Sus scrofa*).

PRODOTTI DI RICERCA

PROGETTI DISPONIBILI ONLINE

GENOMI: JNEX02000000; LVYW01000000; LVYX01000000; GCA_006511355.1; CP025717-

CP025731; JACSRB000000000; JACSRC000000000; JADMNF000000000; JADMNG000000000;

JADMNH000000000; JADMNI000000000; CP071552-CP71572;

TRASCRIPTOMI: GEVW00000000.2, GEVV00000000.2

BIOPROJECTS: PRJNA650273; PRJNA539953; PRJNA641248; PRJNA428229; PRJNA327736;

PRJNA327731; PRJNA633855; PRJNA418771.

GENE EXPRESSION OMNIBUS (GEO): GSE145856.

DATABASE: <http://sporothrixgenomedatabase.unime.it/>

ARTICOLI PUBBLICATI SU RIVISTE NAZIONALI E INTERNAZIONALI

- 1 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.
- 2 Dougue AN, El-Kholy MA, Giuffrè L, Galeano G, D'Aleo F, Kountchou CL, Nangwat C, Dzoyem JP, 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; 00: 1- 12. doi: 10.1111/myc.13483.
- 3 Lui M, Giosa D, Romeo O, Bitto A. Computational Pathways Analysis and Personalized Medicine in HER2-Positive Breast Cancer, *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine* 2022; 19() . <https://dx.doi.org/10.2174/1875692119666220407114044>.
- 4 Giuffrè L, Giosa D, Galeano G, Aiese Cigliano R, Paytuví-Gallart A, Sutera 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.
- 5 Chen C, Wang X, Zong W, D'Alessandro E, Giosa D, Guo Y, Mao J, Song C. Genetic Diversity and Population Structures in Chinese Miniature Pigs Revealed by SINE Retrotransposon Insertion Polymorphisms, a New Type of Genetic Markers. *Animals*. 2021; 11(4):1136. <https://doi.org/10.3390/ani11041136>.
- 6 Chen C, D'Alessandro E, Murani E, Zheng Y, Giosa D, Yang N, Wang X, Gao B, Li K, Wimmers K, Song C. SINE jumping contributes to large-scale polymorphisms in the pig genomes. *Animals* 2021, 11, 1136. DOI: 10.3390/ani11041136.
- 7 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.* 9.10 (2020), doi: 10.1099/mgen.0.000445.
- 8 Romeo O, Marchetta A, Giosa D, Giuffrè L, Urzi C, De Leo F. Whole Genome Sequencing and Comparative Genome Analysis of the Halotolerant Deep Sea Black Yeast *Hortaea werneckii*. *Life (Basel)*. 2.10 (2020), 10(10):E229. doi: 10.3390/life10100229.8.
- 9 Tricomi G, Giosa D, Merlini G, Romeo O, Longo F. Toward a Function-as-a-Service Framework for Genomic Analysis. 2020 IEEE International Conference on Smart Computing (SMARTCOMP), 2020, pp. 314-319, doi: 10.1109/SMARTCOMP50058.2020.00070.
- 10 Lombardo, D., Saitta, C., Giosa, D., Casuscelli di Tocco, F., Musolino, C., Caminiti, G., Chines, V., Franzè, M. S., Alibrandi, A., Navarra, G., Raimondo, G., Pollicino, T. "Frequency of somatic mutations in TERT promoter, TP53 and CTNBN1 genes in patients with hepatocellular carcinoma from Southern Italy". *Oncology Letters* 19.3 (2020): 2368-2374.
- 11 Nnadi, N.E., Giosa, D., Ayanbimpe, G.M. et al. Whole-Genome Sequencing of an Uncommon *Cryptococcus neoformans* MLST43 Genotype Isolated in Nigeria. *Mycopathologia* 184, 555–557 (2019). <https://doi.org/10.1007/s11046-019-00376-1>.
- 12 D'Alessandro, E., Sapienza, I., Giosa, D., Giuffrè, L., & Zumbo, A. (2019). In silico analysis of meat quality candidate genes among Nero Siciliano, and Italian heavy pigs genomes. *Large Animal Review*, 25(4), 137-140.
- 13 D'Alessandro E, Giosa D, Sapienza I, Giuffrè L, Cigliano RA, Romeo O, Zumbo A. Whole genome SNPs discovery in Nero Siciliano pig. *Genet Mol Biol.* 2019;pii: S1415-47572019005021102.
- 14 D'Aliberti D, Cacciola I, Musolino C, Raffa G, Filomia R, Alibrandi A, Benfatto S, Beninati C, Saitta C, Giosa D, Romeo O, Raimondo G, Pollicino T. NS3 Variability in Hepatitis C Virus Genotype 1A Isolates from Liver Tissue and Serum Samples of Treatment-Naïve Patients with Chronic Hepatitis C. *July 2018 Intervirology* 61(1):1-8. DOI: 10.1159/000489307
- 15 Scordino F., Giuffrè L., Barberi G., Marino Merlo F., Orlando M. G., 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.*, 06 April 2018 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00679>.
- 16 Giosa, D., Felice, M. R., Lawrence, T. J., Gulati, M., Scordino, F., Giuffrè, L., Lo Passo, C., D'Alessandro, E., Criseo, G., Ardell, D. H., Hernday, A. D., Nobile, C. J., Romeo, O. (2017). Whole RNA-sequencing and transcriptome assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under chlamydo-spore-inducing conditions. *Genome Biology and Evolution*, 9(7), 1971-1977.
- 17 Chowdhary, A., Hagen, F., Sharma, C., Al-Hatmi, A. M. S., Giuffrè, L., Giosa, D., Fan, S., Badali, H., Felice, M. R., de Hoog, S., Meis, J. F., Romeo, O. (2017). Whole Genome-Based Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis Reveals Genetic Diversity in *Candida africana*. *Frontiers in microbiology*, 3;8:556. doi: 10.3389/fmicb.2017.00556.
- 18 Huang, L., Gao, W., Giosa, D., Criseo, G., Zhang, J., He, T., Huang, X., Sun, J., Sun, Y., Huang, J., Zhang, Y., Brankovics, B., Scordino, F., D'Alessandro, E., van Diepeningen, A., de Hoog, S., Huang, H., Romeo, O. (2016). Whole-genome sequencing and in silico analysis of two strains of *Sporothrix globosa*. *Genome biology and evolution*, 8(11), 3292. doi:10.1093/gbe/evw230.
- 19 D'Alessandro, E., Giosa, D., Huang, L., Zhang, J., Gao, W., Brankovics, B., Oliveira, M. M. E., Scordino, F., Lo Passo, C., Criseo, G., van Diepeningen, A. D., Huang, H., de Hoog, G. S., Romeo, O. (2016). Draft genome sequence of the dimorphic fungus *Sporothrix pallida*, a nonpathogenic species belonging to *Sporothrix*, a genus containing agents of human and feline sporotrichosis. *Genome announcements*, 4(2), e00184-16. doi:10.1128/genomeA.00184-16.

- 20 Felice, M. R., Gulati, M., Giuffrè, L., Giosa, D., Di Bella, L. M., Criseo, G., Nobile, C. J., Romeo, O., Scordino, F. (2016) Molecular Characterization of the N-Acetylglucosamine Catabolic Genes in *Candida africana*, a Natural N-Acetylglucosamine Kinase (HXK1) Mutant. *PLoS ONE* 11(1): e0147902. doi:10.1371/journal.pone.0147902.
- 21 Rharmitt, S., Hafidi, M., Hajjaj, H., Scordino, F., Giosa, D., Giuffrè, L., Barreca, D., Criseo, G., Romeo, O. (2016). Molecular characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples from Morocco. *International journal of food microbiology*, 217, 137-140. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2015.10.019.

ATTI DI CONVEGNO

- 1 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. <https://doi.org/10.7490/f1000research.1119311.1>.
- 2 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. <https://doi.org/10.7490/f1000research.1119306.1>.
- 3 D Giosa, L Giuffrè, MR Felice, G Rigano, M Lui, R Aiese Cigliano, LM Lopes Bezerra, O Romeo. Whole-transcriptome analysis of *Sporothrix brasiliensis* grown in mold- and yeast-inducing conditions (P421), *Medical Mycology*, Volume 60, Issue Supplement_1, Sept 2022, myac072P421, <https://doi.org/10.1093/mmy/myac072.P421>.
- 4 Ragno A, Giosa D, Marzico C, Mastino A, Marino-Merlo F. Exploration of possible role of cellular micro-RNA in HSV-1/cell interaction by a bioinformatic and experimental dual approach. Topic: Viral pathogenesis and virus-host interactions. 6TH National Congress of the Italian Society for Virology SIV-ISV (p.143) Naples, Italy, 3-5 Jul 2022.
- 5 Albano M, Savoca S, Romeo O, Giosa D, Spanò N, Capillo G. Occurrence of *Zu cristatus* (Bonelli, 1819) in the Ionian Sea at unusual depth. 94th National Congress of the Italian Society for Experimental Biology, Palermo, Italy, 6-9 Apr 2022.
- 6 Giosa D, Lombardo D, Musolino C, Navarra G, Raimondo G, Pollicino T. A new high-throughput HBV integration sequencing approach shows that mitochondrial DNA is frequently targeted by virus integration in liver cells with active HBV replication. *Digestive and Liver Disease* 54, eS8-S9. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2022.01.020>.
- 7 Marco Tolone, Domenico Giosa, Rosalia Di Gerlando, Anna Maria Sutera, Angelo Moscarelli, Ilaria Rizzuto, Baldassarre Portolano, Salvatore Mastrangelo. Whole-genome resequencing reveals specific genomic variants in Italian insular sheep breeds. *ASPA 24 th Congress. Ital J Anim Sci vol.20:s1,2021*. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2021.1968170>.
- 8 Tricomi G., Giosa D., Merlino G., Romeo O., Longo F. Toward a Function-as-a-Service Framework for Genomic Analysis. *SmartSys 2020 workshop in Smartcomp 2020*.
- 9 D Giosa, F Casuscelli di Tocco, G Raffa, C Musolino, D Lombardo, C Saitta, R Aiese Cigliano, W Sanseverino, O Romeo, G Navarra, G Raimondo, T Pollicino. Comprehensive characterization of HBV in tumor and non-tumor liver tissues from patients with HBV related-HCC. *Digestive and Liver Disease* 52, e3-e4. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2019.12.014>.
- 10 D Lombardo, C Saitta, D Giosa, F Casuscelli di Tocco, C Musolino, G Caminiti, Valeria Chines, MS Franzè, G Navarra, G Raimondo, T Pollicino. Frequency of TP53, CTNNB1, and TERT promoter mutations in patients with hepatocellular carcinoma. *Digestive and Liver Disease* 52, e52-e53. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2019.12.055>.
- 11 Domenico Giosa, Deborah D'Aliberti, Francesca Casuscelli di Tocco, Giuseppina Raffa, Cristina Musolino, Gianluca Tripodi, Daniele Lombardo, Carlo Saitta, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Giuseppe Navarra, Giovanni Raimondo, Teresa Pollicino. Characterization of Hepatitis B Virus integration landscape patients with Hepatocellular Carcinoma and in PLC/PRF/5 cell lines. "34th SIPMeT National Congress, 4th Joint Meeting of Pathology and Laboratory Medicine, Second Joint Meeting in collaboration with ASIP-AMP-UEMS-WASPALM, Patologia e Medicina di Laboratorio 4.0". 23-25 Oct 2018, Aci Castello, Catania, Italy.
- 12 C. Barresi, L. Moreno, M. G. Orlando, M. R. Felice, D. Barreca, D. Giosa, G. Criseo, B. G. van den Ende, A. van Diepeningen, S. de Hoog, O. Romeo. Susceptibility to hydrogen peroxide and molecular characterization of catalase-encoding genes in different *Sporothrix* species. *ISHAM 2018*, Jul 2018, Amsterdam, The Netherlands.
- 13 D. D'aliberti, D. Giosa, G. Raffa, C. Musolino, G. Tripodi, D. Lombardo, F.C.D. Tocco, C. Saitta, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Analysis of HBV DNA integration in tumor and non-tumor liver tissues by a high-throughput viral integration detection method. *EASL LiverTree™*, Ginevra (Swiss), 14 Apr 2018. *Journal of Hepatology* 68:S688. DOI: 10.1016/S0168-8278(18)31636-2.
- 14 D. D'Aliberti, D. Giosa, G. Raffa, C. Musolino, G. Tripodi, D. Lombardo, F. Casuscelli di Tocco, C. Saitta, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Characterization of HBV integration landscape in tumor and non-tumor liver tissues by a high-throughput viral integration detection method. *Febbraio 2018*. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dld.2018.01.095>. 51th Annual Meeting A.I.S.F. Roma, Italy, 22-23 Feb 2018.
- 15 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 "Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all'ambiente ed alla salute umana", Trapani, Italy, 27-28 Oct 2017.
- 16 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 “Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all’ambiente ed alla salute umana”, Trapani, Italy, 27-28 Oct 2017.

17 I. Sapienza, C. Rifichi, 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 “Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all’ambiente ed alla salute umana”, Trapani, Italy, 27-28 Oct 2017.

18 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 chlamydospore-inducing conditions. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1

19 D. Giosa, I. Sapienza, L. Giuffrè, O. Romeo, E. D’Alessandro. Toward KIT and RXFP2 genes SNPs discovery in goat (*Capra hircus*) using NGS technology approach. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1.

20 L. Giuffrè, D. Giosa, F. Scordino, G. Criseo, E. D’Alessandro, O. Romeo, M.R. Felice. Sequencing and preliminary analysis of genes involved in iron metabolism in *Candida africana* CBS11016 strain. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1

21 F. Scordino, D. Giosa, G. Barberi, O. Romeo. Molecular epidemiology of pathogenic *Candida* species in hospital environments. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1

22 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 yeasts isolated from moroccan strawberry and olive pomace. *Journal of Biological Research* 2016; 89:s1

23 D. A. van Diepeningen, A. al-Hatmi, B. Dalyan Cilo, D. Giosa, W. J. Bartstra and G. S. de Hoog. Azole susceptibility and resistance in *Fusarium* spp. *Mycoses* 2015 Blackwell Verlag GmbH, 58 (Suppl. 4), 51–226.

24 S. Rharmitt, M. Hafidi, H. Hajjaj, D. Giosa, L. Giuffrè, D. Barreca, G. Criseo, F. Scordino, O. Romeo. Molecular and biochemical characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples fruits from Morocco. Conference: 37th Mycotoxin Workshop, At Bratislava, Slovakia.

doi:10.13140/RG.2.1.2439.9208

COMUNICAZIONI ORALI

1 Domenico Giosa. “The complete genome of thermophilic fungi in the long-read sequencing era.”, PacBio DISCOVERIES ROADSHOW 2023 – 30 May 2023, Milan. Milano, Italia.

2 Domenico Giosa. “Il Supporto della Bioinformatica”. Course ECM “Le emopatie, dalla clinica al laboratorio”, 09 Sep 2022, Messina, Italia;

3 Domenico Giosa. “Applicazioni NGS nello studio delle infezioni virali”. Bioinformatics new generation professional: biologists in-silico ENPAB conference, 14 Jun 2019, Messina, Italia.

4 D. Giosa, F. Casuscelli di Tocco, G. Raffa, C. Musolino, D. Lombardo, C. Saitta, R. Aiese Cigliano, W. Sanseverino, O. Romeo, G. Navarra, G. Raimondo, T. Pollicino. Comprehensive characterization of HBV in tumor and non-tumor liver tissues from patients with HBV related-HCC. *Digestive and Liver Disease* 52, e3-e4. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2019.12.014>

5 Domenico Giosa, Deborah D’Aliberti, Francesca Casuscelli di Tocco, Giuseppina Raffa, Cristina Musolino, Gianluca Tripodi, Daniele Lombardo, Carlo Saitta, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Giuseppe Navarra, Giovanni Raimondo, Teresa Pollicino. Characterization of Hepatitis B Virus integration landscape patients with Hepatocellular Carcinoma and in PLC/PRF/5 cell lines. “34th SIPMeT National Congress, 4th Joint Meeting of Pathology and Laboratory Medicine, Second Joint Meeting in collaboration with ASIP-AMP-UEMS-WASPALM, Patologia e Medicina di Laboratorio 4.0”. 23-25 Oct 2018, Aci Castello, Catania, Italy.

6 Domenico Giosa, Deborah D’Aliberti, Francesca Casuscelli di Tocco, Giuseppina Raffa, Cristina Musolino, Gianluca Tripodi, Daniele Lombardo, Carlo Saitta, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Giuseppe Navarra, Giovanni Raimondo, Teresa Pollicino. Study of HBV DNA integration in patients with HCC and PLC/PRF/5 cells by a high-throughput viral integration detection method. 2018 International HBV Meeting, 03-06 Oct 2018, Taormina, Messina, Italy.

7 Domenico Giosa, Letterio Giuffrè, Riccardo Aiese Cigliano, Maria Rosa Felice, Giuseppe Criseo, Enrico D’Alessandro, Orazio Romeo. Bioinformatics analysis of Next-Generation Sequencing data in microbiology. 90° Convegno SIBS “Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all’ambiente ed alla salute umana”, Trapani, Italy, 27-28 Oct 2017.

8 Domenico Giosa, Alessandro Zumbo, Irene Sapienza, Letterio Giuffrè, Riccardo Aiese Cigliano, Orazio Romeo, Enrico D’Alessandro. Whole genome SNPs discovery and analysis of genetic diversity in Nero Siciliano Pig. 90° Convegno SIBS “Biologia sperimentale nella ricerca di base ed applicata all’ambiente ed alla salute umana”, Trapani, Italy, 27-28 Oct 2017.

9 Domenico Giosa, Maria Rosa Felice, Letterio Giuffrè, Fabio Scordino, Carla Lo Passo, Giuseppe Criseo, Enrico D’Alessandro, Orazio Romeo. Whole mRNA sequencing and transcriptome assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under chlamydospore-inducing conditions. 89° Convegno SIBS “Clima e Vita”, Bologna, Italy, 1-2 Dec 2016.

10 Domenico Giosa. Next Generation Sequencing (NGS): una rivoluzione nella biologia di base e applicata. Corso “Genomica, proteomica e bioinformatica per lo studio e l’identificazione dei microrganismi”, Messina, Italy, 29 May 2015.

11 Domenico Giosa, Enrico D’Alessandro, Fabio Scordino, Francesca Bertolini, Salvatore Brosio, Leandro F. Moreno, Balazs Brankovics, Manoel Marques Evangelista Oliveira, Giuseppe Criseo, Carla Lo Passo, Anne D. van

Diepeningen, Sybren de Hoog, Orazio Romeo. Draft genome of *Sporothrix pallida*, a non-pathogenic member of the genus *Sporothrix*. Workshop "Genomics of Neglected Pathogens" (Utrecht, The Netherlands, 20-21 Apr 2015).