

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome e Nome	PALOMBO VALENTINO
Indirizzo	
Telefono	
E-mail	
PEC	
Sesso	
CF	
Nazionalità	
Data di nascita	

INDICE

ISTRUZIONE E FORMAZIONE.....	2
ALTRI TITOLI PROFESSIONALI	3
ESPERIENZE PROFESSIONALI E SCIENTIFICHE	3
PREMI, RICONOSCIMENTI E SOCIETÀ SCIENTIFICHE	4
COMPETENZE LINGUISTICHE	5
CAPACITÀ E COMPETENZE INFORMATICHE	5
ATTIVITÀ DI DOCENZA E INCARICHI NELL'AMBITO DELL'ATTIVITÀ DIDATTICA.....	5
PARTECIPAZIONE A CORSI DI FORMAZIONE, SEMINARI E WORKSHOP.....	6
PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE	11
PUBBLICAZIONI IN ATTI A CONVEGNO.....	13

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

- Qualifica conseguita
- Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

- Qualifica conseguita
- Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

- Qualifica conseguita
- Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

- Qualifica conseguita
- Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali

Anno 2022

Master di secondo livello in Bioinformatica e Data Science - Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione e scienze matematiche – Università degli Studi di Siena – Siena (SI)

Genomica e proteomica funzionale. Biostatistica. Algoritmi e strutture di dati in bioinformatica. Tecnologie di sequenziamento. Genetica medica e genomica. Aspetti legali ed etici. Genomica computazionale. Machine learning per biologia strutturale. Data mining per BIG Data biologici. Strutturistica computazionale.

Tesi dal titolo "Gen2Met: un pacchetto R in era "multi-omica"", discussa il 28/06/2023.

Esperto in Bioinformatica e Data Science

Livello 8.

Anno 2019

Master in Bioinformatica e Statistica applicata alle Scienze - Istituto Euro-Mediterraneo di Scienza e Tecnologia (I.E.M.E.S.T.) – Palermo (PA)

Analisi di sequenze e sequenziamento di genomi/esomi, variant effects prediction, predizioni di strutture proteiche, annotazione di genomi, genomica comparativa e analisi filogenetiche, RNA-Seq e Metagenomica. Statistica inferenziale, approccio bayesiano alla probabilità, principi del Machine Learning.

Tesi dal titolo "Evaluating the effect of level of estrogen in mammary parenchyma explants from weaned heifer calves via RNA-sequencing", discussa il 15/11/2019.

Esperto in Bioinformatica e Statistica Applicata

Livello 7.

Anni 2015 – 2018

Dottorato di Ricerca Internazionale in "Tecnologie e Biotecnologie Agrarie" ciclo XXXI - Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)

Benessere animale, Biotecnologie e Qualità delle Produzioni Zootecniche.

Analisi genomica e trascrittomiche in specie di interesse zootecnico per lo studio di caratteri connessi alle produzioni.

Tesi di dottorato dal titolo "Genomics, Transcriptomics and Computation Biology: new insights in bovine and swine animal breeding and genetics", discussa il 10/06/2019.

Dottore di Ricerca, PhD

Livello 8.

Anno 2018

Corso preFIT24CFU- Scienze Umanistiche, Sociali e della Formazione - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)

Conseguimento dei 24 CFU nelle materie antropo-psico pedagogiche, fondamentali per partecipare al concorso per docenti non abilitati.

Antropologia delle migrazioni, Metodologie e tecnologie didattiche per l'insegnamento delle discipline agrarie, Pedagogia generale, interculturale e dell'inclusione, Psicologia applicata al contesto scolastico

Riconoscimento 24 CFU per l'accesso ai concorsi personale docente scuola

Anni 2007 – 2010

Laurea Specialistica in Scienze e Tecnologie Agrarie - Facoltà di Agraria - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)

Preparazione culturale nei settori della biologia, della fisica, della chimica e della matematica

<p>oggetto dello studio</p>	<p>indispensabili per una formazione professionale specifica; padronanza del metodo scientifico d'indagine; conoscenza delle tecniche, anche di laboratorio, per il controllo della qualità della filiera delle diverse produzioni vegetali e di origine animale; un'elevata preparazione scientifica e tecnologica per progettare e gestire l'innovazione della produzione agraria vegetale, qualitativa e quantitativa, con particolare riferimento alla fertilità del suolo, al miglioramento genetico, alla produzione e difesa delle piante coltivate e dei progetti di filiera ad essa correlati, comprendendo anche le problematiche della conservazione e gestione post-raccolta dei prodotti agricoli e del loro marketing.</p>
<p>• Qualifica conseguita</p>	<p>Tesi di laurea in Biologia Molecolare Applicata al Miglioramento Genetico dal titolo "Analisi dell'espressione del gene <i>DGAT1</i> nel tessuto mammario di pecore in lattazione".</p>
<p>• Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)</p>	<p>Laurea specialistica in Scienze Tecnologie Agrarie (indirizzo: Biotecnologie Agrarie) 110/110 e lode</p>
<p>• Date (da – a)</p>	<p>Anni 2003 – 2007</p>
<p>• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione</p>	<p>Laurea triennale in Scienze e Tecnologie Agrarie - Facoltà di Agraria - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)</p>
<p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Figura professionale improntata alla flessibilità, per rispondere alle richieste del mercato del lavoro, nell'ottica di un'agricoltura rispettosa delle risorse ambientali. In particolare, il percorso formativo fornirà conoscenze di base nei settori delle produzioni agrarie, delle caratteristiche intrinseche dei prodotti vegetali ed animali, della gestione dell'impresa, del mercato e della sua organizzazione comune, nonché un'adeguata preparazione sulle problematiche generali del settore.</p>
<p>• Qualifica conseguita</p>	<p>Tesi di laurea in Biologia Molecolare Applicata al Miglioramento Genetico dal titolo "Isolamento e caratterizzazione molecolare di marcatori SSR per lo studio della variabilità genetica in <i>Trigla lucerna</i>"</p>
<p>• Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)</p>	<p>Laurea triennale in Scienze e Tecnologie Agrarie 110/110 e lode – Vincitore del premio Maria Ginevra Mancini - Miglior tesi di laurea triennale per l'anno 2008 – Laboratorio di Genetica e Servizi – Cremona.</p>
<p>• Date (da – a)</p>	<p>Anni 1998 – 2002</p>
<p>• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione</p>	<p>Liceo Classico "M. Pagano" – Campobasso</p>
<p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Materie storico – umanistiche</p>
<p>• Qualifica conseguita</p>	<p>Diploma maturità Classica</p>
<p>• Livello nella classificazione nazionale (se pertinente)</p>	<p>Diploma votazione 81/100. Livello 4.</p>

ALTRI TITOLI PROFESSIONALI

<p>• Date (da – a)</p>	<p>2020</p>
<p>• Tipologia</p>	<p>Abilitato alla professione di dottore agronomo e dottore forestale</p>

ESPERIENZE PROFESSIONALI E SCIENTIFICHE

<p>• Date (da – a)</p>	<p>Da Febbraio 2022 a Febbraio 2023</p>
<p>• Nome e indirizzo del datore di lavoro</p>	<p>Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)</p>
<p>• Tipo di azienda o settore</p>	<p>Laboratorio di Microbiologia prof.ssa Mariantonietta Succi. SSD: AGR/16</p>
<p>• Tipo di impiego</p>	<p>Assegnista di Ricerca</p>

• Principali mansioni e responsabilità

Analisi bioinformatica di genomi di microrganismi coinvolti nella filiera viti-vinicola (Project PRIN 2017 "Influence of Agro-climatic conDitions on the microbiome and genetic expression of grApevines for the Production of red wines: a mulTisciplinary approach (ADAPT)")

• Date (da – a)

Da Febbraio 2020 a Gennaio 2022

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)

• Tipo di azienda o settore

Laboratorio di Miglioramento Genetico prof.ssa Mariasilvia D'Andrea. SSD: AGR/17

• Tipo di impiego

Assegnista di Ricerca

• Principali mansioni e responsabilità

Analisi genomica e analisi dei dati beadchip array per il monitoraggio della biodiversità e della struttura di popolazione in *Salmo macrostigma*. (Project Nat.Sal.Mo LIFE 17NAT/IT/000547).

• Date (da – a)

Da Febbraio 2019 a Gennaio 2020

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise – Campobasso (CB)

• Tipo di azienda o settore

Laboratorio di Miglioramento Genetico prof.ssa Mariasilvia D'Andrea. SSD: AGR/17

• Tipo di impiego

Assegnista di Ricerca

• Principali mansioni e responsabilità

Analisi genomica e trascrittomiche in razze ovine e bovine per il miglioramento della qualità dei prodotti.

• Date (da – a)

Da Giugno a Dicembre 2016

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

Department of Animal Science - University of Illinois at Urbana-Champaign

• Tipo di azienda o settore

Mammalian NutriPhysioGenomics Laboratory (Prof. JJ Loo)

• Tipo di impiego

Visiting researcher nell'ambito del dottorato di ricerca

• Principali mansioni e responsabilità

Analisi bioinformatiche dei dati trascrittomici ottenuti mediante tecnologia microarray e RNAseq.

• Date (da – a)

Da Marzo a Ottobre 2015

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise

• Tipo di azienda o settore

Laboratorio di Miglioramento Genetico

• Tipo di impiego

Collaboratore

• Principali mansioni e responsabilità

Analisi statistica per la ricerca di associazioni fra polimorfismi genetici e fenotipi di dati ottenuti mediante analisi BeadChip e RNA-Seq.

PREMI, RICONOSCIMENTI E SOCIETÀ SCIENTIFICHE

2021

Socio aggregato dell'Associazione per la Scienza e le Produzioni Animali (ASPA)

2020

Premio "Donato Matassino" per una tesi di dottorato di ricerca nell'ambito della "Genetica applicata alla zootecnia" anno 2020 – Accademia dei Georgofili – Firenze.

2008

Premio "Maria Ginevra Mancini" - Miglior tesi di laurea triennale per l'anno 2008 – Laboratorio di Genetica e Servizi – Cremona.

COMPETENZE LINGUISTICHE

MADRELINGUA ITALIANA

ALTRE LINGUA

INGLESE
• Capacità di lettura Buono
• Capacità di scrittura Buono
• Capacità di espressione orale Buono

CAPACITÀ E COMPETENZE INFORMATICHE

Ottima conoscenza informatica sistemi Windows, MacOS e Linux e suoi principali applicativi (Word, Excel, Acces, Power Point).

Utente esperto di software statistici e di linguaggi di programmazione (SPSS, R, Python). Utente esperto di software per l'analisi genomica, filogenesi e genetica di popolazione (Plink, Arlequin, Structure, Admixture, Adegnet, Genepop). Ottime conoscenze nell'utilizzo di banche dati genomiche (NCBI, GenBank, EMBL) e nello sviluppo di pipeline bioinformatiche per l'analisi di dati di sequenziamento ottenuti mediante tecnologie di nuova generazione (NGS technologies). Genomica: studi di associazione genomica, mapping su banche dati, assemblaggio de-novo, annotazione genomica, richiamo di varianti (SNV), filogenomica e genomica di popolazioni. Trascrittomica: assemblaggio de-novo di trascritti, analisi differenziale di espressione genica, analisi di ontologia dei geni (GO) e annotazione funzionale. Metagenomica: assegnazione tassonomica e analisi di diversità del microbioma.

Buona conoscenza di software cartografici e di disegno tecnico (Autocad, Autocad Map 3D, ArchGIS, Quantum GIS, Photoshop, Illustrator).

Ottima conoscenza delle principali apparecchiature di laboratorio per la biologia molecolare e genetica, in particolare PCR, RT-PCR, sequenziatore.

Certificazione **European Computer Driving Licence - ECDL** (Ottobre 2013)

ATTIVITÀ DI DOCENZA E INCARICHI NELL'AMBITO DELL'ATTIVITÀ DIDATTICA

DOCENZA

2021 Docente di **R programming language course for statistical data analysis** (8 ore, 2 ECTS) per il Corso di Dottorato di Ricerca Internazionale in "Tecnologie e Biotecnologie Agrarie" ciclo XXXVI (A.A. 2020/2021) - **Dipartimento Agricoltura, Ambienti e Alimenti - Università degli Studi del Molise**
Attività di docenza

TESI DI LAUREA

2023 A.A. 2022/2023 Correlatore Tesi di Laurea di I livello: "**Tecniche di Evoluzione Assistita per il miglioramento genetico dei vegetali**" – Corso di Laurea in "Scienze e Culture del Cibo". Interdipartimentale DiBT, DiAAA e DiMeS - **Università degli Studi del Molise**
Attività come correlatore

A.A. 2022/2023 Correlatore Tesi di Laurea di I livello: **“L’evoluzione dei geni del gusto”** – Corso di Laurea in “Scienze e Culture del Cibo”. Interdipartimentale DiBT, DiAAA e DiMeS - **Università degli Studi del Molise**
Attività come correlatore

CULTORE DELLA MATERIA

2022	<p>Culture della Materia in “Genetica Agraria” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2022/2023)</p> <p>Culture della Materia in “Istituzioni di Genetica” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2022/2023)</p> <p>Culture della Materia in “Genetica e produzioni sostenibili e di qualità” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2022/2023)</p>
2021	<p>Culture della Materia in “Genetica Agraria” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2021/2022)</p> <p>Culture della Materia in “Istituzioni di Genetica” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2021/2022)</p> <p>Culture della Materia in “Genetica e produzioni sostenibili e di qualità” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2021/2022)</p>
2020	<p>Culture della Materia in “Genetica Agraria” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2020/2021)</p> <p>Culture della Materia in “Istituzioni di Genetica” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2020/2021)</p>
2019	<p>Culture della Materia in “Genetica Agraria” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2019/2020)</p> <p>Culture della Materia in “Istituzioni di Genetica” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2019/2020)</p>
2018	<p>Culture della Materia in “Genetica Agraria” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2018/2019)</p> <p>Culture della Materia in “Istituzioni di Genetica” presso il Dipartimento di Agricoltura Ambiente Alimenti dell’Università degli Studi del Molise (A.A. 2018/2019)</p>

PARTECIPAZIONE A CORSI DI FORMAZIONE, SEMINARI E WORKSHOP

<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Dicembre 2021</p> <p>Corso di Genome-wide prediction of complex traits in humans, plants and animals – Organizzato da Physalia Courses Berlin (7 - 11 Febbraio 2022)</p> <p>Introduction to Genome-wide Prediction in Human genetics and Animal and Plant breeding. Breeding value vs Polygenic Risk Score. Factors affecting reliability of GWP. Imputation. Kernel and Bayesian regression methods for GWP. Machine Learning methods for GWP.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p>	<p>Dicembre 2021</p> <p>Workshop di High Performance Bioinformatics – Organizzato da Cineca Accademy (1,2, 3 Dicembre 2021)</p>

<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Introduction to Big data, Introduction to CINECA supercomputing Hardware Architecture and production Environment, Module Environment, SLURM scheduler, Introduction to Next Generation Sequencing, build scripts for analyzing RNA-seq data, concatenate scripts with SLURM dependencies, scale up on multiple samples, Gene expression analysis with a python notebook, Snakemake Workflow management system.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Aprile 2021</p> <p>Workshop di Plant Transcriptome Analysis Workshop – Organizzato da ELIXIR Training Galaxy Project (19, 23 Aprile 2021)</p> <p>Universal tools, workflows and a framework applicable in bulk and single-cell RNA-Seq data analysis.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Marzo 2021</p> <p>Workshop di Software Carpentry in Python, Linux shell and Git – Organizzato da ELIXIR-IIB Training (19, 26 Marzo 2021)</p> <p>Automatizzazione con la Shell Unix, Controllo di versione con Git e Github, Programmare con Python, Creare grafici con Python, Applicazioni avanzate con Python.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Febbraio 2021</p> <p>Webinar di Data Mining – 4th SUMMER SCHOOL: Data mining in Aquaculture and Biomedicine (22, 23, 24 Febbraio 2021)</p> <p>Multivariate data analyses, Systems biology approaches: Bioinformatics methods for Functional genomics (RNAseq; R/Python/Galaxy), Theoretical basis and limits of the application of Artificial Neural Networks (ANNs), Geometric morphometrics and image analysis for fish grading: theory and case studies applications.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Dicembre 2020 – Marzo 2021</p> <p>Corso di Machine Learning – Stanford University (USA) on Coursera (11 settimane)</p> <p>Machine Learning and Algorithms of Machine Learning, Logistic Regression, Artificial Neural Network.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Dicembre 2020</p> <p>Corso di Advanced R: Variant Analysis – University of Illinois at Urbana-Champaign (USA) (High-Performance Biological Computing Department) (1 settimana)</p> <p>Read, filter, and interrogate variant calls that are in VCF (Variant Call Format) format with Bioconductor packages in R. Assessing minor allele frequency, missing data rate, heterozygosity, and/or linkage disequilibrium; working with genome annotations as TxDb objects; discovering what genes are near SNPs of interest; identifying functional consequences of variants.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Ottobre – Novembre 2020</p> <p>Corso di 10X Single Cell RNA-Seq Analysis – University of Illinois at Urbana-Champaign (USA) (High-Performance Biological Computing Department) (4 settimane)</p> <p>10X Single Cell technology from a data analysis perspective rather than a wet-lab perspective. Attendees will be introduced to single cell applications and experimental design considerations. Additionally, attendees will learn how to analyze, explore, and visualize an RNA-Seq example dataset through hands-on exercises covering command line software and R packages.</p>
<p>Date (da – a)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione • Principali materie / abilità professionali 	<p>Settembre – Ottobre 2020</p> <p>Corso di Microbial Profiling – University of Illinois at Urbana-Champaign (USA) (High-Performance Biological Computing Department) (3 settimane)</p> <p>Workflow for Microbiome Data Analysis: dal dato grezzo all'analisi statistica per analisi</p>

<p>oggetto dello studio</p>	<p>qualitativa e quantitativa.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Agosto 2020</p> <p>Corso di Genomic predictions in animals and plants – Aarhus University (DNK) (1 settimana)</p> <p>Genomic prediction and genomic selection; modelli misti in GWAS e per la whole-genome prediction. Cross-validation. GBLUP e single step GBLUP model. Introduzione alla statistica Bayesiana. Bayesian shrinkage models: BayesA e LASSO and e loro iperparametri; Stima delle component della varianza e delle ereditabilità. Modelli single e multi traits.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Agosto 2020</p> <p>Corso di Gene mapping – Aarhus University (DNK) (1 settimana)</p> <p>Modelli statistici per il gene mapping, imputazione dei genotipi, ricostruzione delle fasi degli aplotipi, identity by descent, modelli e metodi per la population-based association mapping. Modoti per il control false discovery negli studi di associazione. Single-marker regression, modelli lineari misti, affected sib-pair. Meta-analisi in GWAS. Prediction poligenica dei fenotipi.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Ottobre 2019</p> <p>Corso di Statistics for Genomic Data Science – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p> <p>Introduzione alla statistica alla base delle principali analisi che utilizzano dati genomici. Questo è il settimo corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Settembre 2019</p> <p>Corso di Bioconductor for Genomic Data Science – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p> <p>Utilizzo dei principali tools di Bioconductor per l'analisi di dati genomici. Questo è il sesto corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Settembre 2019</p> <p>Corso di Command Line Tools for Genomic data – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p> <p>Comandi Unix di base per la gestione di file e directory, utilizzo di tools per la gestione dei dati genomici da riga di comando: Samtools, Bedtools, Bowtie, Bcftools e Cufflinks. Questo è il quinto corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Agosto 2019</p> <p>Corso di Algorithms for DNA Sequencing – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p> <p>Esplorazione dei principali algoritmi per analizzare i dati di sequenziamento con particolare riferimento al "read alignment" e all' "assembly". Questo è il quarto corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p> <p>• Nome e tipo di istituto di formazione</p> <p>• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio</p>	<p>Agosto 2019</p> <p>Corso di Python for Genomic Data Science – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p> <p>Introduzione alla programmazione in Python. Concetti di base di programmazione bioinformatica per l'analisi di grandi quantità di dati. Utilizzo di Biopython. Questo è il terzo corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Luglio 2019</p>

<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Genomic Data Science with Galaxy – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Utilizzo dei tools disponibili su Galaxy per le principali analisi genomiche. Questo è il secondo corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Giugno 2019</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Introduction to Genomics – Johns Hopkins University (USA) on Coursera (4 settimane)</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Introduzione alla Genomica e alle tecniche di next-generation sequencing per lo studio del DNA, RNA e dei pattern epigenetici. Introduzione ai concetti di base in ambito bioinformatico. Questo è il primo corso previsto all'interno del Corso di Specializzazione in 'Genomic Big Data Science'.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Febbraio 2019</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Software and Data Carpentry – organizzato da Elixir Italy presso CNR Napoli (11,12 Febbraio 2019).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Basic concepts and tools for biological data management, including program design, version control and task automation. Automating tasks with the Unix shell, Introduction to R and RStudio, Exploring Data Frames, Dataframe Manipulation with dplyr, Creating Publication-Quality Graphics with ggplot2, Version control with Git.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Maggio 2018</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Analisi Statistica multivariata – presso Università degli Studi di Pisa (ITA) (Dipartimento Agricoltura Ambiente Alimenti).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Applicazione delle tecniche multivariate. Analisi della variabilità dei dati mediante l'uso delle componenti principali e analisi fattoriale.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Maggio 2017</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Statistical computing with R – presso Università degli Studi del Molise (ITA) (Dipartimento Agricoltura Ambiente Alimenti).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Utilizzo di R per l'analisi statistica e la visualizzazione grafica di dati sperimentali biologici.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Febbraio 2017</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Analisi Statistica avanzata per le scienze zootecniche – organizzato dall'Associazione Scientifica di Produzione Animale Italiana (ASPA) presso Università degli Studi di Pisa (ITA) (Dipartimento Agricoltura Ambiente Alimenti).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Approfondimento sui metodi inferenziali, analisi di varianza, statistiche non parametriche, il disegno sperimentale e gerarchico, covarianza e regressioni.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Settembre 2016 – Novembre 2016</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Linux, high performance computing (HPC), R e RNASeq analysis – University of Illinois at Urbana-Champaign (USA) (High-Performance Biological Computing Department).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Principali comandi Linux, utilizzo cluster per HPC, programmazione in R, analisi trascrittomiche mediante RNA-seq.</p>
<p>Date (da – a)</p>	<p>Settembre 2015</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e tipo di istituto di formazione 	<p>Corso di Analisi Statistica di base per le scienze zootecniche – organizzato dall'Associazione Scientifica di Produzione Animale Italiana (ASPA) presso Università degli Studi di Pisa (ITA) (Dipartimento Agricoltura Ambiente Alimenti).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>Introduzione ai metodi inferenziali, analisi di varianza, statistiche non parametriche, il disegno sperimentale, covarianza e regressione.</p>

- Date (da – a)
- Nome e tipo di istituto di formazione
- Principali materie / abilità professionali
oggetto dello studio

Settembre 2009 – Maggio 2010

Corso di formazione **Linux & Office Base** – IAROS International – Campobasso (ITA).

Conoscenza di base per utilizzare il sistema operativo e le sue principali componenti (Open Office).

(SCOPUS: 18 LAVORI, H-INDEX 7, 194 CITAZIONI)

- 2023** **Alterations in ileal transcriptomics during an intestinal barrier challenge in lactating Holstein cows fed a *Saccharomyces cerevisiae* fermentation product identify potential regulatory processes**
Jiang Q, Palombo V, Sherlock DN, Vailati-Riboni M, D'Andrea M, Yoon I, Loor JJ.
J Anim Sci. 2023 Aug 24;skad277. doi: 10.1093/jas/skad277. Epub ahead of print. PMID: 37616596.
- Physiological impact of amino acids during heat stress in ruminants**
Loor JJ, Lopreiato V, Palombo V, D'Andrea M.
Animal Frontiers, Volume 13, Issue 5, October 2023, Pages 69–80,
<https://doi.org/10.1093/af/vfad052>
- Hepatic transcript profiling in beef cattle: effects of rumen-protected niacin supplementation**
Alfaro GF, Palombo V, D'Andrea M, Cao W, Zhang Y, Beever J, Muntifering RB, Pacheco WJ, Rodning SP, Wang X, Moisés SJ.
PLoS One. 2023 Aug 3;18(8):e0289409. doi: 10.1371/journal.pone.0289409. PMID: 37535643; PMCID: PMC10399858
- Zootecnical Brown Trout (*Salmo trutta* L. 1758) Ovarian Fluid Fails to Upregulate the Swimming Performances of Native Mediterranean Brown Trout (*Salmo cettii* Rafinesque, 1810) Sperm in the Biferno River**
Rusco G, Di Iorio M, Esposito S, Gibertoni P, Antenucci E, Palombo V, Roncarati A, Iaffaldano N.
Fishes. 2023; 8(4):190. <https://doi.org/10.3390/fishes8040190>
- 2022** **Identification of Ancestry Informative Markers in Mediterranean Trout Populations of Molise (Italy): A Multi-Methodological Approach with Machine Learning**
Salvatore G, Palombo V, Esposito S, Iaffaldano N, D'Andrea M.
Genes 2022, 13, 1351. <https://doi.org/10.3390/genes13081351>
- Study of the Fatty Acid Profile of Milk in Different Sheep Breeds: Evaluation by Multivariate Factorial Analysis**
Conte G., Palombo V., Serra A., Correddu F., D'Andrea M., Macciotta N.P.P., Mele M.
Animals. 2022; 12(6):722. <https://doi.org/10.3390/ani12060722>
- 2021** **Genotyping of Two Mediterranean Trout Populations in Central-Southern Italy for Conservation Purposes Using a Rainbow-Trout-Derived SNP Array**
Palombo V., De Zio E., Salvatore G., Esposito S., Iaffaldano N., D'Andrea M.
Animals. 2021; 11(6):1803. <https://doi.org/10.3390/ani11061803>.
- Single-Step Genome Wide Association Study Identifies QTL Signals for Untrimmed and Trimmed Thigh Weight in Italian Crossbred Pigs for Dry-Cured Ham Production**
Palombo, V.; D'Andrea, M.; Licastro, D.; Dal Monego, S.; Sgorlon, S.; Sandri, M.; Stefanon, B.
Animals. 2021; 11(6):1612. <https://doi.org/10.3390/ani11061612>.

Unique adaptations in neonatal hepatic transcriptome, nutrient signaling, and one-carbon metabolism in response to feeding ethyl cellulose rumen-protected methionine during late-gestation in Holstein cows

Palombo V., Alharthi A., Batistel F., Parys C., Guyader J., Trevisi E, D'Andrea M., Looor J.J. BMC Genomics. 2021 Apr 17;22(1):280. doi: 10.1186/s12864-021-07538-w.

Genetic regulation of biomarkers as stress proxies in dairy cows

Milanesi, M.; Passamonti, M.M.; Cappelli, K.; Minuti, A.; Palombo, V.; Sgorlon, S.; Capomaccio, S.; D'Andrea, M.; Trevisi, E.; Stefanon, B.; Williams, J.L.; Ajmone-Marsan, P. Genes 2021, 12, 534. <https://doi.org/10.3390/genes12040534>.

2020 Genomic prediction for latent variables related to milk fatty acid composition in Holstein, Simmental and Brown Swiss dairy cattle breeds

Palombo V, Pegolo S, Conte G, Cesarani A, Macciotta N.P.P, Stefanon B, Ajmone Marsan P, Mele M, Cecchinato A, D'Andrea M.

J Anim Breed Genet. 2020 Dec 17. doi: 10.1111/jbg.12532. PMID: 33331079.

Use of multivariate factor analysis of detailed milk fatty acid profile to perform a genome-wide association study in Italian Simmental and Italian Holstein

Palombo V, Conte G, Mele M, Macciotta N.P.P, Stefanon B, Marsan, P.A, D'Andrea, M. Journal of Applied Genetics 2020. <https://doi.org/10.1007/s13353-020-00568-2>.

Combined multivariate factor analysis and GWAS for milk fatty acids trait in Comisana sheep breed

Palombo V, Gaspa G, Conte G, Pilla F, Macciotta N, Mele M, D'Andrea M.

Animal Genetics 2020. <https://doi.org/10.1111/age.12948>.

PANEV: an R package for a pathway-based network visualization

Palombo V, Milanesi M, Sferra G, Capomaccio S, Sgorlon S, D'Andrea M.

BMC Bioinformatics 21, 46 (2020). <https://doi.org/10.1186/s12859-020-3371-7>.

2018 Genome-wide association study of milk fatty acid composition in Italian Simmental and Italian Holstein cows using SNP arrays

Palombo V, Milanesi M, Sgorlon S, Capomaccio S, Mele M, Nicolazzi E, Ajmone-Marsan P, Pilla F, Stefanon B, D'Andrea M.

Journal of Dairy Science 2018. doi: 10.3168/jds.2018-14413.

Transcriptional profiling of swine mammary gland during the transition from colostrogenesis to lactogenesis using RNA sequencing

Palombo V, Looor JJ, D'Andrea M, Vailati-Riboni M, Shahzad K, Krogh U, Theil PK.

BMC Genomics 2018 May 3; 19(1):322. doi: 10.1186/s12864-018-4719-5.

2017 What are omics sciences?

Vailati-Riboni M, Palombo V, Looor JJ.

Periparturient Diseases of Dairy Cows: A Systems Biology Approach pp. 1-7. Springer International Publishing. doi: 10.1007/978-3-319-43033-1_1.

The omics side of fatty liver: A holistic approach for a commonly occurring periparturient disease

Vailati-Riboni M, Palombo V, Looor JJ.

Periparturient Diseases of Dairy Cows: A Systems Biology Approach pp. 223-246. Springer International Publishing. doi: 10.1007/978-3-319-43033-1_11.

**PUBBLICAZIONI IN ATTI A
CONVEGNO**

2022

Ileal transcriptome is altered during an intestinal barrier challenge in lactating Holstein cows fed a *Saccharomyces cerevisiae* fermentation product.

Q. Jiang, D. N. Coleman, Y. Liang, A. Aboragah, V. Palombo, M. Vailati-Riboni, L. Yoon, and J. J. Loor,

Abstracts of the 2022 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 105, Supplement 1, 2275T pag. 331

2021

Adaptations in neonatal calf hepatic transcriptome in response to enhanced post-ruminal maternal supply of methionine

V. Palombo, A.S. Alharthi, F. Batistel, M. D'Andrea¹, C. Parys, J. Guyader, J.J. Loor

ASPA 24nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science. **Oral presentation (Allegato B).**

Genetic biodiversity study in Mediterranean trout population using SNP array: a case study in Molise region

V. Palombo, G. Salvatore, G. Albanese, M. Iorizzo, G. Rusco, M. Di Iorio, S. Esposito, N. Iaffaldano, M. D'Andrea

ASPA 24nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science.

A machine learning approach for the identification of population-informative markers from trout genotyping data

G. Salvatore, V. Palombo, E. De Zio, L. Maiuro, G. Rusco, M. Di Iorio, S. Esposito, N. Iaffaldano, M. D'Andrea

ASPA 24nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science.

Estrogen levels effect on mammary parenchyma explants from Holstein heifer calves fed an enhanced preweaning diet evaluated via RNA-sequencing

G. Salvatore, V. Palombo, M. Vailati-Riboni, M. D'Andrea, A. J. Geiger, M.R. Akers, J.J. Loor

ASPA 24nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science.

2019

Multivariate Factor Analysis of milk fatty acids profile for GWAS analysis in Comisana sheep breed

V. Palombo, G. Gaspa, G. Conte, N. Macciotta, M. Mele, F. Pilla, M D'Andrea

ASPA 23nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science, 18:sup1, pag. 126-127, doi: 10.1080/1828051X.2019.1622269.

Biodiversity in local population of Mediterranean trout in Molise

N. Iaffaldano, E. De Zio, V. Palombo, G. Rusco, M Di Iorio, M. Penserini, S. Esposito, P. Gibertoni, M. D'Andrea

ASPA 23nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science, 18:sup1, pag. 122-123, doi: 10.1080/1828051X.2019.1622269.

Phenotypic traits correlation for hygienic behaviour in *Apis mellifera ligustica*

V. Palombo, G. Salvatore, A. De Cristofaro¹, M. D'Andrea

ASPA 23nd Congress Book of Abstracts. Italian Journal of Animal Science, 18:sup1, pag. 126, doi: 10.1080/1828051X.2019.1622269.

- 2018** **microRNA involvement during the onset of ketosis and fatty liver in periparturient Holstein dairy cows**
R. E. Bucktrout, V. Palombo, M. V. Riboni, and J. J. Loor
Abstracts of the 2018 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, T163 pag. 272.
- Level of estrogen in mammary parenchyma explants from weaned Holstein heifer calves increases growth and proliferation through transcriptional mechanisms as evaluated via RNA-sequencing**
M. V. Riboni, V. Palombo, A. J. Geiger, R. M. Akers, and J. J. Loor
Abstracts of the 2018 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, T165 pag. 273.
- RNA sequencing reveals that methionine supply during late-gestation alters neonatal Holstein heifer calf liver transcriptome profiles**
A. S. M. Alharthi, F. Batistel, V. Palombo, C. I. M. Garces, C. Parys, and J. J. Loor
Abstracts of the 2018 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, T310 pag. 340.
- 2017** **Pathways interaction analysis for identification of novel candidate genes**
V. Palombo, M. Milanesi, S. Capomaccio, S. Sgorlon, M. D'Andrea
ASPAs 22nd Congress Book of Abstracts, O069 pag 77,
doi.org/10.1080/1828051X.2017.1330232. **Oral presentation (Allegato B)**
- Genome-wide association study of milk fatty acid composition in Italian Simmental and Italian Holstein cows**
M. D'Andrea, V. Palombo, M. Milanesi, S. Sgorlon, S. Capomaccio, G. Conte, P. Ajmone-Marsan
ASPAs 22nd Congress Book of Abstracts, O069 pag 65,
doi.org/10.1080/1828051X.2017.1330232.
- Identification of genomic variants associated with metabolic stress in Italian Simmental and Holstein cows**
M. Milanesi, M. Di Guardo, S. Capomaccio, K. Cappelli, V. Palombo, M. D'Andrea, M. Del Corvo, S. Sgorlon, A. Minuti, Y. Tani Utsunomiya, J. S. Garcia, E. Trevisi, R. Negrini, B. Stefanon, P. Ajmone-Marsan
ASPAs 22nd Congress Book of Abstracts, O069 pag 70-71,
doi.org/10.1080/1828051X.2017.1330232.
- RNAseq analysis of sow mammary gland reveals strong transcriptomic regulation of colostrogenesis**
V. Palombo, J. J. Loor, M. Vailati Riboni, U. Krogh, and P. K. Theil.
Abstracts of the 2017 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, 492 pag. 422. **Oral presentation (Allegato B)**

In silico prediction of miRNA activity in the hepatic response to prepartum body condition score and plane of nutrition during the transition period in grazing dairy cows

M. Vailati Riboni, V. Palombo, M. D. Mitchell, M. A. Crookenden, A. Heiser, S. L. Rodriguez-Zas, J. R. Roche, and J. J. Looor.

Abstracts of the 2017 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, M254 pag. 98.

miRNA regulation of the neutrophil transcriptome in response to prepartal energy intake in Holstein cows: an in silico approach

M. Vailati Riboni, V. Palombo, A. Agrawal, M. J. Khan, and J. J. Looor

Abstracts of the 2017 American Dairy Science Association Annual Meeting Journal of Dairy Science Volume 101, Supplement 2, M252 pag. 98.

RNA-seq analysis of sow mammary gland tissue from late pregnancy to farrowing

V. Palombo, M. D'Andrea, J. J. Looor, M. Vailati Riboni, K. Shahzad, U. Krogh, and P. K. Theil.

Scientific Conference of PhD. Students of FAFR and FBFS SUA in Nitra – Proceedings of Abstract, pag. 18. Zborník abstraktov FAPZ a FBP 2017.

2011 Differences in DGAT1 gene expression associated with gene polymorphisms in Gentile di Puglia, Altamura and Sarda sheep

M. D'Andrea, A. Campanella, V. Palombo, B. Moiola, F. Pilla

Proceedings of the 19th ASPA Congress, Cremona, June 7-10, 2011, Italian Journal of Animal Science, 10:sup1, 160F, 134-135, DOI: 10.4081/ijas.2011.s1.

Campobasso, 27 / 10 / 2023

Firma

ALLEGATI

Il sottoscritto è a conoscenza che, ai sensi di quanto disposto dall'art. 76 del D.P.R. 445 del 28.12.2000, le dichiarazioni mendaci, la falsità negli atti e l'uso di atti falsi sono puniti ai sensi del codice penale e delle leggi speciali.

Il sottoscritto autorizza il trattamento dei suoi dati personali presenti nel cv ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali" e del GDPR (Regolamento UE 2016/679).

Ai fini della valutazione si allega:

- Dichiarazioni sostitutive di certificazione e dell'atto di notorietà

- Fotocopia del documento di riconoscimento in corso di validità.

Campobasso, 27 / 10 / 2023

Firma
