

GHERRARD BATISTI BIFFIGNANDI  
*Curriculum vitae*

## Dati anagrafici e personali

Nato a Vigevano (PV), Italia, 23/08/1989  
Cittadinanza: Italiana  
Email: gherard.batistibiffign01@universitadipavia.it

## Esperienze lavorative

- Ottobre 2019-Oggi: PhD student in Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare, presso Università di Pavia  
Supervisor: Prof. R. Migliavacca, Dott. D. Sassera
- Dicembre 2018-Settembre 2019: borsista di ricerca presso il Laboratorio di Parassitologia Dipartimento di Biologia e Biotecnologie L. Spallanzani, Pavia  
Tematica di ricerca: "Analisi bioinformatiche per la messa a punto di metodiche innovative di diagnostica dell'echinococcosi"  
Supervisore: Dott. D. Sassera
- Ottobre 2018-Novembre 2018: Attività di tirocinio volontario presso il Laboratorio di Parassitologia, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie L. Spallanzani, Pavia  
Supervisore: Dott. D. Sassera

## Istruzione

- Ottobre 2016 – Settembre 2018: Laurea Magistrale in Biotecnologie Mediche e Farmaceutiche (Curriculum Medico) presso Università degli Studi di Pavia. Tesi sperimentale presso il laboratorio di Parassitologia, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie L. Spallanzani  
Titolo: "Oxford vs Pasteur: analisi bioinformatiche comparative per la valutazione di schemi MLST nel batterio *Acinetobacter baumannii*"  
Supervisore: Dr. D. Sassera, co-supervisore Dr. S. Gaiarsa
- Maggio 2016: Tirocinio presso il Laboratorio di Genetica Medica, Ospedale A. Meyer, Firenze.  
Supervisore: Prof.ssa S. Giglio, Dott.ssa A. Provenzano
- 2008-2016: Laurea di primo livello in Scienze Biologiche (Curriculum Biologia Umana e Scienze Biomediche) presso Università degli Studi di Pavia, Dipartimento Biologia e Biotecnologie L. Spallanzani. Tesi sperimentale presso il laboratorio di Microbiologia Molecolare, Dipartimento di Genetica e Microbiologia  
Titolo: "Inattivazione di un operone codificante la pompa di efflusso RND-16 in *Burkholderia cenocepacia*"  
Supervisore: Prof.ssa G. Riccardi, co-supervisore Dr.ssa Viola Scoffone

**Sistemi Operativi:** Linux (Ubuntu), Windows

**Linguaggi di programmazione:** Bash, Python, R (esperienza con principali librerie e pacchetti disponibili)

## Competenze bioinformatiche

- Analisi di dati omici, database di DNA, RNA e proteine, filogenesi e ricostruzione di outbreak, gene expression & ontology, gene e SNP calling, local alignment, short reads mapping, localizzazione di sistemi di secrezione in eucarioti e procarioti, reverse immunology, genome assembly, enrichment analysis, cluster analysis, Microarray-CGH
- Sviluppo di script in Python e R per analisi dati (e.g. gene expression, calcolo di distanze genetiche, heatmaps and timelines)
- Analisi statistiche: T Student, Fisher, Anova, Shapiro, Kruskal, Simpson, Shimodaira-Hasegawa, Matching Cluster, Robinson-Fould

## Tools

- Srst2, Kleborate, RAxML, Modeltest-ng, Bowtie2, TreeCmp, Gblocks, Prodigal, Blast(n,p,x), Prokka, Muscle, Mauve, Kegg, BAPS, Bepipred, SVMTrip, LBTope, TepitopePan, TMHMM2, SignalP, Phobius, Secretome, DeepLoc, TXSScan

## Competenze laboratoristiche:

- Real-time PCR, colture batteriche, estrazioni di DNA

## Lingue straniere:

- Inglese UK
- Scritto: B2
- Parlato: B2

## Pubblicazioni su riviste peer reviewed:

- Comparative Analysis of the two *Acinetobacter baumannii* Multi Locus Sequence Typing (MLST) schemes. Front. Microbiol., 03 May 2019  
S. Gaiarsa, **G. Batisti Biffignandi**, E.P. Esposito, M. Castelli, K. A Jolley, S. Brisse, D. Sasser, R. Zarrilli

## Abstract e Poster:

- The swansong of MLST: Comparative analysis of the two *Acinetobacter baumannii* schemes  
S. Gaiarsa, **G. Batisti Biffignandi**, E.P. Esposito, M. Castelli, K. A Jolley, S. Brisse, D. Sasser, R. Zarrilli, IMMEX XII
- P1595 *Listeria monocytogenes* isolated from patients and food samples in northern Italy: are they related?  
C. Merla, M. Corbella, S. Gaiarsa, **G. Batisti Biffignandi**, D. Sasser, E. Scaltriti, G. Andreoli, M. Fabbi, P. Cambieri, B. Mariani, P. Marone, 29th ECCMID

- Digging deep into intramitochondrial symbiosis: dual transcriptomics of the hard tick *Ixodes ricinus* and its bacterial symbiont *Mitochondria*, XXXI Congresso SolPa, 2018  
S. Gaiarsa, A. Cafiso, L. Baker, G. Capron, R. Daveu, **G. Batisti Biffignandi**, O. Plantard, C. Bazzocchi, A.R. Jex, D. Sasserà

### **Congressi e Partecipazioni:**

- 8 Ottobre 2019: "Le nuove frontiere dell' EUCAST", COSA - Comitato di Studio per gli Antimicrobici Sezione Regione Lombardia, presso Conference Center Michelangelo - Hotel Michelangelo
- 18 – 21 Settembre 2019: "12th International Meeting on Microbial Epidemiological Markers" (IMMEM XII), Dubrovnik, Croatia
- Febbraio 2019: "Analisi epidemiologica di due malattie orfane: Echinococcus e Trichinella presso Istituto Superiore di Sanità
- Settembre 2017: "Novel challenges and approaches in microbiology". Genomics, bioinformatics and the control of antibiotic resistance, presso Policlinico San Matteo, Pavia  
Coordinatore: Dott. P. Marone
- Luglio 2017: "Python for bioinformatics", presso CHT (Centre for Health Technologies), Università di Pavia  
Coordinatore: Prof. A. Riva, Prof. R. Bellazzi

Autorizzo il trattamento dei dati personali sopra riportati ai sensi del d.lgs. 196/03