



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Francesco Monticolo

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Monticolo
Nome	Francesco
Data Di Nascita	05, 06, 1990

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Borsista	Crea-Ci Bergamo

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biologia	Federico II di Napoli	2016
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca			
Master			
Diploma Di Specializzazione Medica			
Diploma Di Specializzazione Europea			
Altro			

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	Buono

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2017-2018	Borsa di studio EPIGEN sulla tematica: "Analisi bioinformatica di dati ottenuti mediante tecniche di biologia molecolare per lo studio dell'epigenomica e epigenetica del mais".

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività
Durante le mie attività di formazione e di ricerca, ho acquisito conoscenze biologiche in biologia molecolare, genetica, chimica, fisiologia (generale e vegetale) e bioinformatica.
Durante la mia esperienza di laurea, ho acquisito una buona conoscenza del pacchetto Microsoft Office e



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

dell'ambiente UNIX, dell'uso di Internet e della conoscenza di alcuni pacchetti R. Buona conoscenza dell'allineamento e analisi degli strumenti di sequenze di nucleotidi e/o proteine (BLAST, CLUSTAL, MUSCLE, GenomeThreader). Strumenti di visualizzazione genomica, come Genome Browser e JBrowse. Esperienza nella genomica comparativa in piante.

Durante le attività della mia borsa di studio ho appreso strategie per l'analisi bioinformatica di dati a livello genomico nei vegetali (genomica ed epigenomica), come: DAP-seq, analisi ChIP-seq e RNA-seq. Nello specifico, ho appreso: Mappatura delle reads (Bowtie, BWA), peak calling (GEM, MACS), peaks annotation (HOMER), analisi di Gene Ontologies, BEDtools, Samtools, analisi di Rna-seq in piante (RSEM, TopHat, Cufflinks), analisi di geni differenzialmente espressi (edgeR, EBSeq, Cuffdiff). Ho anche migliorato alcuni aspetti relativi alle tecniche wet lab, durante la mia permanenza nel laboratorio del prof. Gallavotti alla Rutgers University (New Jersey): CHIP, DAP-seq, espressione di proteina ricombinante fusa con GST in E. coli, trascrizione / traduzione in vitro, miniprep e elettroforesi su gel di DNA.

I risultati delle ricerche sono state svolte sono stati pubblicati in 2 articoli con impact factor e presentati come poster ad un convegno internazionale.

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
04/12/2015	Bioinformatica e biologia computazionale in Campania	Avellino

Articoli su riviste

Monticolo, Francesco, Chiara Colantuono, and Maria Luisa Chiusano. "Shaping the evolutionary tree of green plants: evidence from the GST family." *Scientific reports* 7.1 (2017): 14363.

Ambrosino, Luca, Colantuono, Chiara, Monticolo, Francesco, & Chiusano, Maria Luisa (2017). Bioinformatics Resources for Plant Genomics: Opportunities and Bottlenecks in The-omics Era. *Current issues in molecular biology*, 27, 71-88.

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

Luogo e data: Bergamo, 16/07/2018

FIRMA Francesco Monticolo