



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5105

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il **Dipartimento di Scienze Biomediche e Cliniche L. Sacco**

Responsabile scientifico: **Prof. Claudio Bandi**

[Domenico Di Carlo]

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Di Carlo
Nome	Domenico

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Dottorando in Scienze Ambientali	Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze, via Celoria 26, 20133, Milano

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Matematica	Università degli studi di L'Aquila	a.a. 2008-2009
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca			
Master			
Diploma Di Specializzazione Medica			
Diploma Di Specializzazione Europea			
Altro			



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

Lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2
Francese	A2

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

Anno	Descrizione premio
2018	Borsa di studio per Dottorato di ricerca in Scienze Ambientali presso Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze, via Celoria 26, 20133, Milano. Titolo progetto di ricerca: <i>Investigations on the epidemiological dynamics of the bacterial communities in the hospital environment</i>
2017	Consulente biostatistico/bioinformatico (prestazione occasionale) presso Università degli Studi di Pavia - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, via Ferrata 9, 27100 Pavia nell'ambito del progetto <i>Studio del ciclo cellulare di Midichloria mitochondrii all'interno della cellula uovo di Ixodes ricinus, mediante l'applicazione integrata di metodi di microscopia elettronica, di biostatistica e di modellistica computazionale</i>
2016	Premio come miglior poster HIV: 14 th European Meeting on HIV & Hepatitis - Treatment Strategies & Antiviral Drug Resistance, Roma 25-27 Maggio 2016 (co-autore)
2016	Premio come miglior poster HCV: 14 th European Meeting on HIV & Hepatitis - Treatment Strategies & Antiviral Drug Resistance, Roma 25-27 Maggio 2016 (co-autore)
2014	Premio SIViM (Società Italiana Virologia Medica) come migliore presentazione orale: 6 th Italian Conference on AIDS and Retroviruses (ICAR), Roma 25-27 Maggio, 2014 (primo autore)
2014	ICAR - CROI Awards 2014 for the Italian Scientific Research: CROI affiliated event for Italian young investigators; CROI Boston (USA) 3-6 Marzo, 2014 (co-autore)

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività
<ul style="list-style-type: none">• 13 Settembre 2021 - 14 Settembre 2021. Tutor statistico/informatico (prestazione occasionale) presso InformaPRO S.r.l. via Guido Guinizelli 98-100, 00152 Roma - Evento: <i>ARCA Mentor School 2021</i>. Principali attività:<ul style="list-style-type: none">➤ interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) del database ARCA (Antiviral Response Cohort Analysis) in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;➤ elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;➤ studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.• 28 Settembre 2020 - 29 Settembre 2020. Tutor statistico/informatico (prestazione occasionale) presso InformaPRO S.r.l. via Guido Guinizelli 98-100, 00152 Roma - Evento (in modalità webinar): <i>ARCA Factory 2020</i>. Principali attività:<ul style="list-style-type: none">➤ interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) del database ARCA (Antiviral Response



- Cohort Analysis) in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
- elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
- **18 Settembre 2019 - 19 Settembre 2019.** Tutor statistico/informatico (prestazione occasionale) presso InformaPRO S.r.l. via Guido Guinizelli 98-100, 00152 Roma - Evento: *ARCA Mentor School 2019*. Principali attività:
 - interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) del database ARCA (Antiviral Response Cohort Analysis) in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
 - **1 Ottobre 2018 - attualmente.** Dottorando di ricerca in Scienze Ambientali presso Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze, via Celoria 26, 20133, Milano. Titolo progetto di ricerca: *Investigations on the epidemiological dynamics of the bacterial communities in the hospital environment*. Principali attività:
 - monitoraggio e controllo delle infezioni nosocomiali nell'ambiente ospedaliero;
 - identificazione di batteri e/o funghi associati a malattie ad eziologia complessa; studi di associazione tra composizione della comunità microbica e condizioni ambientali;
 - identificazione di patogeni "rari" mediante metodiche di biologia molecolare;
 - creazione, amministrazione e gestione di databases relazionali su server Linux in cui convergono dati relativi a pazienti ricoverati nell'ambiente ospedaliero. Creazione di script in linguaggio SQL per la creazione di procedure ETL per la gestione del flusso di dati ospedalieri;
 - creazione, amministrazione e gestione di pagine web per la visualizzazione di report inerenti dati contenuti in databases clinici;
 - elaborazione di script in vari linguaggi di programmazione informatica (C++, R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - studi di tipo epidemiologico utilizzando l'ambiente statistico opensource R tramite test statistici inferenziali, analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli di regressione di Cox), modelli di regressione logistica, modelli lineari ad effetti misti, analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
 - **1 Febbraio 2018 - 30 Settembre 2018.** Assegnista di ricerca presso Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze, via Celoria 26, 20133, Milano - SSD: Scienze agrarie e veterinarie - Progetto CCE_FON17_CCP_CBAND: *Sviluppo e applicazione di strumenti informatici per l'analisi genomica comparativa su agenti infettivi e per la ricostruzione e modellizzazione dei pattern di diffusione degli stessi, sulla base di dati NGS*. Principali attività:
 - monitoraggio e controllo delle infezioni ospedaliere;
 - ricostruzione di outbreak;
 - sviluppo di metodi di sorveglianza ospedaliera basati su Next Generation Sequencing e analisi computazionale avanzata;
 - identificazione di batteri e/o funghi associati a malattie ad eziologia complessa; studi di associazione tra composizione della comunità microbica e condizioni ambientali;
 - identificazione di patogeni "rari" mediante metodiche di biologia molecolare;
 - creazione, amministrazione e gestione di databases relazionali su server Linux in cui convergono dati relativi a pazienti infetti da agenti patogeni (batteri). Creazione di script



- in linguaggio SQL per la creazione di procedure ETL per la gestione del flusso di dati;
 - creazione, amministrazione e gestione di pagine web per la visualizzazione di report inerenti dati contenuti in databases clinici;
 - elaborazione di script in vari linguaggi di programmazione informatica (C++, R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - studi di tipo epidemiologico utilizzando l'ambiente statistico opensource R tramite test statistici inferenziali, analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli di regressione di Cox), modelli di regressione logistica, modelli lineari ad effetti misti, analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
- **1 novembre 2017 - 30 Aprile 2018.** Collaborazione scientifica (prestazione occasionale) presso Università degli Studi di Pavia - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, via Ferrata 9, 27100 Pavia - Progetto 1/2017: *Studio del ciclo cellulare di *Midichloria mitochondrii* all'interno della cellula uovo di *Ixodes ricinus*, mediante l'applicazione integrata di metodi di microscopia elettronica, di biostatistica e di modellistica computazionale.* Principali attività:
 - amministrazione e interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) di database su server Linux in cui convergono dati inerenti l'analisi genomica di agenti infettivi;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - elaborazione di maschere web tramite linguaggi di programmazione HTML, PHP, Javascript e jQuery per l'interazione con database in cui convergono dati inerenti l'analisi genomica di agenti infettivi;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
 - **20 Settembre 2017 - 21 Settembre 2017.** Tutor statistico/informatico (prestazione occasionale) presso InformaPRO S.r.l. via Guido Guinizelli 98-100, 00152 Roma - Evento ARCA Mentor School 2017. Principali attività:
 - interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) del database ARCA (Antiviral Response Cohort Analysis) in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
 - **15 gennaio 2014 - 15 gennaio 2017.** Assegnista di ricerca presso Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" - Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma - SSD: MED/07 - Progetto F1-2013-0079: *Sviluppo di una piattaforma per l'applicazione delle scienze omiche.* Principali attività:
 - valutazione dell'efficienza, della riproducibilità e dell'utilità clinica del test di resistenza genotipico in proteasi, trascrittasi inversa e integrasi eseguito in pazienti con infezione da HIV-1 con bassi livelli di viremia (50-1000 copie/mL);
 - valutazione dell'efficacia di specifici farmaci antiretrovirali (quali ad esempio darunavir, rilpivirina, maraviroc, raltegravir, ...) in pazienti con infezione da HIV-1 in relazione alle caratteristiche viro-immunologiche osservate al momento dell'inizio del trattamento con tali farmaci;
 - valutazione della comparsa di farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, e della carica virale al



fallimento virologico del trattamento antiretrovirale in pazienti con infezione da HIV-1;

- valutazione della farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, in pazienti con infezione da HIV-1 mai esposti alla terapia antiretrovirale;
 - amministrazione e interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) di database su server Windows in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - elaborazione di maschere web tramite linguaggi di programmazione HTML, PHP, Javascript e jQuery per l'interazione con database in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
- **5 novembre 2013 - 21 dicembre 2013.** Collaborazione scientifica (prestazione occasionale) presso Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" - Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma - SSD: MED/07 - Progetto: *Caratterizzazione di marcatori genetici innovativi nel genoma HBV e HCV correlati con lo sviluppo di carcinoma epatocellulare (HCC) a etiologia virale.* Principali attività:
 - valutazione dell'efficienza, della riproducibilità e dell'utilità clinica del test di resistenza genotipico in proteasi, trascrittasi inversa e integrasi eseguito in pazienti con infezione da HIV-1 con bassi livelli di viremia (50-1000 copie/mL);
 - valutazione dell'efficacia di specifici farmaci antiretrovirali (quali ad esempio darunavir, rilpivirina, maraviroc, raltegravir, ...) in pazienti con infezione da HIV-1 in relazione alle caratteristiche viro-immunologiche osservate al momento dell'inizio del trattamento con tali farmaci;
 - valutazione della comparsa di farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, e della carica virale al fallimento virologico del trattamento antiretrovirale in pazienti con infezione da HIV-1;
 - valutazione della farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, in pazienti con infezione da HIV-1 mai esposti alla terapia antiretrovirale;
 - amministrazione e interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) di database su server Windows in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico opensource R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - elaborazione di maschere web tramite linguaggi di programmazione HTML, PHP, Javascript e jQuery per l'interazione con database in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
 - **17 settembre 2013 - 25 settembre 2013.** Collaborazione scientifica (prestazione occasionale) presso Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" - Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma - SSD: MED/07 - Progetto:



Determination of the antiviral activity of CBAs against HIV-1 wild type, mutants and clinical isolates. Principali attività:

- valutazione dell'efficienza, della riproducibilità e dell'utilità clinica del test di resistenza genotipico in proteasi, trascrittasi inversa e integrasi eseguito in pazienti con infezione da HIV-1 con bassi livelli di viremia (50-1000 copie/mL);
 - valutazione dell'efficacia di specifici farmaci antiretrovirali (quali ad esempio darunavir, rilpivirina, maraviroc, raltegravir, ...) in pazienti con infezione da HIV-1 in relazione alle caratteristiche viro-immunologiche osservate al momento dell'inizio del trattamento con tali farmaci;
 - valutazione della comparsa di farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, e della carica virale al fallimento virologico del trattamento antiretrovirale in pazienti con infezione da HIV-1;
 - valutazione della farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, in pazienti con infezione da HIV-1 mai esposti alla terapia antiretrovirale;
 - amministrazione e interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) di database su server Windows in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico open-source R) per la creazione e la gestione di dataset biomedici;
 - elaborazione di maschere web tramite linguaggi di programmazione HTML, PHP, Javascript e jQuery per l'interazione con database in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV;
 - studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico open-source R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
- **19 marzo 2013 - 16 maggio 2013.** Collaborazione scientifica (prestazione occasionale) presso Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" - Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma - SSD: MED/07 - Progetto: *Determination of the antiviral activity of CBAs against HIV-1 wild type, mutants and clinical isolates.* Principali attività:
 - valutazione dell'efficienza, della riproducibilità e dell'utilità clinica del test di resistenza genotipico in proteasi, trascrittasi inversa e integrasi eseguito in pazienti con infezione da HIV-1 con bassi livelli di viremia (50-1000 copie/mL);
 - valutazione dell'efficacia di specifici farmaci antiretrovirali (quali ad esempio darunavir, rilpivirina, maraviroc, raltegravir, ...) in pazienti con infezione da HIV-1 in relazione alle caratteristiche viro-immunologiche osservate al momento dell'inizio del trattamento con tali farmaci;
 - valutazione della comparsa di farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, e della carica virale al fallimento virologico del trattamento antiretrovirale in pazienti con infezione da HIV-1;
 - valutazione della farmaco-resistenza, mediante l'analisi di dati prodotti con metodiche di sequenziamento *Next Generation Sequencing*, in pazienti con infezione da HIV-1 mai esposti alla terapia antiretrovirale;
 - amministrazione e interrogazione (mediante query in linguaggio SQL) di database su server Windows in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV al fine di estrapolare dati per analisi biostatistiche;
 - elaborazione di macro in linguaggio Visual Basic (implementabili in MS-Excel) e di script in linguaggio S (implementabili all'interno dell'ambiente statistico open-source R) per la



creazione e la gestione di dataset biomedici;

- elaborazione di maschere web tramite linguaggi di programmazione HTML, PHP, Javascript e jQuery per l'interazione con database in cui convergono dati relativi a pazienti con infezione da HIV-1, HCV e HBV;
- studi di tipo biologico/medico utilizzando l'ambiente statistico opensource R, tramite: test statistici inferenziali; analisi di sopravvivenza (curve di Kaplan-Meier e modelli predittivi di regressione di Cox); modelli predittivi di regressione logistica; modelli predittivi lineari ad effetti misti; analisi in componenti principali e delle corrispondenze.
- **20 Aprile 2011 - 20 Giugno 2011.** Corso di formazione professionale erogato da Selecta Group s.r.l. - via Sanzio Giovanelli, 10 - 63074 San Benedetto del Tronto (AP) - Progetto P05711TEPROF01: *Esperto in Statistica Sociale, rilevazioni statistiche e ricerche di mercato.* Principali attività:
 - Metodologia della ricerca sociale;
 - Marketing;
 - Informatica;
 - Elementi di programmazione neurolinguistica;
 - Strumenti di metodologia applicati alle indagini di mercato;
 - Statistica e Statistica Aziendale;
 - Scrittura ed Editing;
 - Imputazione dati;
 - Progettazione e amministrazione di database.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2018	<u>Progetto CCE FON17 CCP CBAND:</u> Sviluppo e applicazione di strumenti informatici per l'analisi genomica comparativa su agenti infettivi e per la ricostruzione e modellizzazione dei pattern di diffusione degli stessi, sulla base di dati NGS. Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Bioscienze, via Celoria 26, 20133, Milano.
2017	<u>Progetto cod. 1/2017:</u> Studio del ciclo cellulare di <i>Mitochondria</i> all'interno della cellula uovo di <i>Ixodes ricinus</i> , mediante l'applicazione integrata di metodi di microscopia elettronica, di biostatistica e di modellistica computazionale. Università degli Studi di Pavia, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, via Ferrata 9, 27100 Pavia.
2014	<u>Progetto F1-2013-0079:</u> Sviluppo di una piattaforma per l'applicazione delle scienze omiche. Università degli Studi di Roma "Tor Vergata", Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma.
2013	<u>Progetto:</u> Caratterizzazione di marcatori genetici innovativi nel genoma HBV e HCV correlati con lo sviluppo di carcinoma epatocellulare (HCC) a etiologia virale. Università degli Studi di Roma "Tor Vergata", Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma
2013	<u>Progetto:</u> Determination of the antiviral activity of CBAs against HIV-1 wild type, mutants and clinical isolates. Università degli Studi di Roma "Tor Vergata", Dipartimento di Medicina Sperimentale e Chirurgia, Cattedra di Virologia, via Montpellier 1, 00133 Roma



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Il sottoscritto è autore o co-autore di 88 abstracts (accettati come comunicazioni orali o poster) di lavori presentati a congressi nazionali e internazionali (in 10 dei quali risulta primo autore o ultimo autore). Per un maggiore dettaglio di tali lavori si consulti il file allegato denominato *Pubblicazioni_Domenico_Di_Carlo.pdf*.

PUBBLICAZIONI

Il sottoscritto è autore o co-autore di 42 articoli *in extenso* (4 dei quali come primo o ultimo nome) accettati e pubblicati su riviste nazionali e internazionali. Per un maggiore dettaglio di tali lavori e per i dati bibliometrici della produzione scientifica si consulti il file allegato denominato *Pubblicazioni_Domenico_Di_Carlo.pdf*.

ALTRE INFORMAZIONI

Competenze:

- **Statistica:** ottima conoscenza delle tecniche di gestione ed analisi dei dati e dell'applicazione della Statistica Descrittiva e della Statistica Inferenziale. Ottima conoscenza della Statistica Multivariata. Ottima conoscenza dell'implementazione di modelli matematici di previsione.
- **Microbiologia:** ottima conoscenza dei fondamenti di farmaco-resistenza e dei cicli-vitali inerenti HIV-1. Buona conoscenza dei fondamenti di farmaco-resistenza e dei cicli-vitali inerenti HCV e HBV. Buona conoscenza del meccanismo di azione dei farmaci antiretrovirali. Buona conoscenza delle dinamiche epidemiologiche delle comunità batteriche in ambiente ospedaliero.
- **Ambiente informatico:** ottima conoscenza dell'ambiente Windows e dell'ambiente Linux, conoscenza di base dell'ambiente macOS.
- **Videoscrittura (333 Cpm):** ottima conoscenza di LaTeX e di MS-Word.
- **Foglio elettronico:** ottima conoscenza di MS-Excel.
- **Database:** ottima conoscenza nell'amministrazione e nell'interrogazione (mediante linguaggio SQL) di database basati su motori MySQL, MariaDB e SQL Server. Ottima conoscenza di MS-Access. Ottima conoscenza dei front-end MySQL Front e MySQL Workbench. Buona conoscenza del front-end SQL Server Management Studio Express.
- **Software matematico/statistico:** ottima conoscenza di R e SPSS. Buona conoscenza di Gretl, Matlab, Octave. Conoscenza di base di ITSM2000, SAS, SPAD, Microfit e Eviews.
- **Software bioinformatico:** conoscenza di base di BioEdit.
- **Linguaggi di programmazione informatica:** ottima conoscenza del linguaggio S, buona conoscenza di Visual Basic e di C++.
- **Linguaggi di programmazione WEB:** ottima conoscenza di HTML5, CSS, PHP, Javascript e jQuery.

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.

RICORDIAMO che i curricula **SARANNO RESI PUBBLICI sul sito di Ateneo** e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già pre-costruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Baranzate (MI), 18/11/2021