

Curriculum Vitae et Studiorum

Nome Cognome	Michelangelo Tesi		
Studi Universitari			
Studi Completati e In Corso	Laurea Triennale in Biotecnologie (L2) conseguita presso Università degli Studi di Firenze (2019). Attualmente iscritto (a partire dall’anno accademico 2023-2024) al Corso di Laurea Magistrale in Data Science, Calcolo Scientifico e Intelligenza Artificiale (LM-DATA) presso l’Università degli Studi di Firenze.		
Titolo e sinossi della tesi di laurea	Titolo: Analisi della Robustezza Metabolica nella Simbiosi Pianta-Batterio Topic: È stata effettuata un’analisi di validazione attraverso la tecnica <i>Flux Balance Analysis</i> (FBA) su un modello metabolico di scala genomica (Genome-Scale Metabolic Network Reconstruction - GSMNR) della simbiosi tra la pianta leguminosa <i>Medicago truncatula</i> e il batterio azotofissatore <i>Sinorhizobium meliloti</i> . Il lavoro, pubblicato su Nature Communications, è disponibile all'indirizzo: https://doi.org/10.1038/s41467-020-16484-2		
Competenze Linguistiche			
Madre Lingua	Italiano		
Altra Lingua	Inglese		
Auto-valutazione	Comprensione	Conversazione	Scrittura
Inglese	C1	C1	C1

<p>Competenze e Capacità Tecniche Metodi sperimentali, Strumentali, Computazionali</p>	<p>Buone competenze nella programmazione in R (grazie anche al lavoro di cluster analysis che sto portando avanti insieme al mio supervisore Prof. Augusto Vaglio su un data set di pazienti affetti da una malattia immunologica rara nota come istiocitosi di Erdheim-Chester – si veda l'abstract preliminare pubblicato su: https://library.ehaweb.org/eha/2023/eha2023-congress/387314/francesco.pegoraro.cluster.analysis.unveils.the.clinical.spectrum.of.html)</p> <p>Con il mio progetto di tesi di Laurea Triennale, sotto la guida del Prof. Marco Fondi, ho appreso la teoria e la pratica della ricostruzione di modelli metabolici di scala genomica (Genome-Scale Metabolic Network Reconstruction) e la relativa tecnica Flux Balance Analysis, ed ho avuto l'opportunità di acquisire le basi della programmazione MATLAB. Il lavoro a cui ho contribuito è stato pubblicato su Nature Communications ed è disponibile all'indirizzo: https://doi.org/10.1038/s41467-020-16484-2.</p> <p>Sono stato ricercatore nell'ambito del progetto FAIRVASC (lavoro consultabile su https://doi.org/10.1136/ard-2023-224571) sotto la guida del mio tutor Prof. Augusto Vaglio, un'autorità internazionale nel campo delle malattie rare malattie immunologiche. Parte del lavoro nell'ambito del progetto consisteva nella mappatura dei dati di un registro di malattie rare da un formato tabulare a una rappresentazione in formato di <i>Knowledge Graph</i>, attraverso le tecnologie del web semantico. In questo contesto ho imparato l'uso dei linguaggi di interrogazione SQL e SPARQL e del linguaggio di mappatura R2RML.</p> <p>Sotto la guida del mio supervisore Prof. Augusto Vaglio, ho contribuito alla revisione sistematica della letteratura coinvolta nel lavoro "Genetics of ANCA-associated vasculitis: role in pathogenesis, classification and management" pubblicato su Nature Reviews Rheumatology e disponibile su https://doi.org/10.1038/s41584-022-00819-y.</p> <p>Ho completato la specializzazione Coursera "Mathematics for Machine Learning" fornita dall'Imperial College di Londra (si veda il certificato su: https://www.coursera.org/account/accomplishments/specialization/certificate/2LWAW2X6HU6C). Grazie a questa specializzazione ho imparato le basi dell'algebra lineare, del calcolo multivariato, della <i>Principal Component Analysis</i> e ho familiarizzato con la programmazione in Python.</p> <p>Ho completato il corso Coursera "Algorithms for DNA Sequencing" fornito dalla Johns Hopkins University (https://www.coursera.org/account/accomplishments/certificate/M92Z2DSKJR7R). Con questo corso, ho imparato la teoria alla base degli algoritmi più utilizzati sia per l'allineamento (il problema del combaciare una lettura di sequenziamento con il genoma di riferimento) sia per l'assemblaggio <i>de novo</i> di un genoma, e ho potuto rinforzare la mia esperienza pratica in Python.</p>
---	--