

INFORMAZIONI PERSONALI

Luca Ambrosino



✉ luca.bioinfo@gmail.com - luca.ambrosino@szn.it

☎ 3398496090

🌐 www.linkedin.com/in/luca-ambrosino - <https://orcid.org/0000-0003-1756-9538>

Sesso Maschile | Data di nascita 08/07/1979 | Nazionalità Italiana

SETTORI DI COMPETENZA

Biologia computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie molecolari

ESPERIENZA
PROFESSIONALE

Aprile 2017 – Oggi

Collaboratore tecnico VI livello

Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli – Dipartimento di Infrastrutture di ricerca per le risorse biologiche marine (RIMAR)

- Membro dell'Unità di Bioinformatica, Analisi Computazionale & Data management (BAC)
- Attività di servizio bioinformatico per l'ente nell'ambito di genomica strutturale e funzionale, genomica comparativa, evoluzione molecolare di specie marine
- Referente per la genomica, trascrittomica, proteomica e metabolomica all'interno dell'unità BAC
- Predizione di geni ortologhi e paraloghi
- Analisi RNA-seq
- Identificazione geni differenzialmente espressi e network di co-espressione
- Annotazione funzionale
- Analisi e predizione di strutture proteiche

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie marine

Novembre 2017 – Marzo 2022

Post Doc

Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli – Dipartimento di Infrastrutture di ricerca per le risorse biologiche marine (RIMAR)

- Membro del gruppo BIOINforMA (Bioinformatica per la Biologia Marina)
- Attività di servizio bioinformatico per l'ente nell'ambito di genomica strutturale e funzionale, genomica comparativa, evoluzione molecolare di specie marine
- Referente per la genomica, trascrittomica, proteomica e metabolomica all'interno del gruppo "BIOINforMA"
- Predizione di geni ortologhi e paraloghi
- Analisi RNA-seq
- Identificazione geni differenzialmente espressi e network di co-espressione
- Annotazione funzionale
- Studio di pathway metabolici
- Analisi e predizione di strutture proteiche

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie marine

Dicembre 2016 – Ottobre 2017

Collaborazione scientifica

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Agraria

- Analisi di genomica funzionale
- Predizione di geni ortologhi e paraloghi

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biologia funzionale dei lieviti

Giugno 2016 – Novembre 2016

Post Doc

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Agraria

- Sviluppo di pipeline per la predizione di geni ortologi, paraloghi e specie-specifici in *Solanum lycopersicum* (pomodoro) e *Solanum tuberosum* (patata)

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie agrarie

Maggio 2016 – Giugno 2016

Contratto a prestazione occasionale

NO SELF s.r.l. di Napoli

- Analisi bioinformatica di dati di sequenziamento da lieviti

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biologia funzionale dei lieviti

Dicembre 2015 – Aprile 2016

Collaborazione scientifica

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Agraria

- Predizione network di geni ortologi e paraloghi in *Solanum lycopersicum* (pomodoro) e *Vitis vinifera* (vite)

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie agrarie

Febbraio 2015 – Novembre 2015

Contratto di Collaborazione Coordinata e Continuativa

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Agraria

- Allestimento di una piattaforma bioinformatica per la genomica comparativa in Solanaceae
- Sviluppo di pipeline per il confronto basato su network di geni ortologi e paraloghi
- identificazione geni specie-specifici
- predizione domini funzionali
- analisi network metabolici

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie agrarie

Ottobre 2013 – Febbraio 2015

Borsa di Studio

Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) – Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR) di Portici

- Sviluppo database di geni paraloghi in *Arabidopsis thaliana*
- Sviluppo di strategia comparativa basata su confronto di sequenze di trascritti di *Arabidopsis thaliana* e *Sorghum bicolor*
- Implementazione e sviluppo di piattaforme bioinformatiche per la genomica funzionale e comparativa di specie di interesse agronomico

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie agrarie

Dicembre 2012 - Maggio 2013

Tirocinio post-Laurea

Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) – Istituto di Biochimica delle Proteine (IBP) di Napoli

- Caratterizzazione strutturale e funzionale di enzimi estremofili con potenziale biotecnologico
- Estrazione di metaboliti da batteri antartici

Attività o settore Biologia Computazionale e Bioinformatica, Biotecnologie microbiche

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Maggio 2013 – Maggio 2016

Dottorato di Ricerca in Biologia Computazionale e Bioinformatica

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Agraria

- Sviluppo database di geni paraloghi in *Arabidopsis thaliana*
- Sviluppo software per la predizione di geni ortologi a partire da sequenze di trascritti
- Analisi comparativa tra *Solanum lycopersicum* (pomodoro) e *Vitis vinifera* (vite) con la predizione di geni ortologi, paraloghi e specie-specifici
- Predizione di domini funzionali, di classi enzimatiche e pathway metabolici per le specie *Solanum lycopersicum* (pomodoro), *Vitis vinifera* (vite) e *Solanum tuberosum* (patata)

Titolo Tesi Comparative Approaches for Plant Genomes: Unraveling "Intra" and "Inter" Species Relationships from Preliminary Gene Annotations

Dicembre 2009 – Marzo 2012

Laurea Magistrale in Biotecnologie Molecolari e Industriali

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Scienze Biotecnologiche

Titolo Tesi A Structural Analysis of Four Novel Disease-Causing PAH Mutants

Settembre 2006 – Dicembre 2009

Laurea Triennale in Biotecnologie Biomolecolari e Industriali

Università degli Studi di Napoli "Federico II" – Dipartimento di Scienze Biotecnologiche

Titolo Tesi Fluorescenza Risolta in Tempo del Coenzima FAD

Pubblicazioni

- Pazzaglia, J., Santillán-Sarmiento, A., Ruocco, M., Dattolo, E., **Ambrosino, L.**, Marín-Guirao, L., & Procaccini, G. (2022). Local environment modulates whole-transcriptome expression in the seagrass *Posidonia oceanica* under warming and nutrients excess. *Environmental Pollution*, 119077. DOI: 10.1016/j.envpol.2022.119077
- Sabatino, V., Orefice, I., Marotta, P., **Ambrosino, L.**, Chiusano, M. L., d' Ippolito, G., ... & Ferrante, M. I. (2022). Silencing of a *Pseudo-nitzschia arenysensis* lipoxygenase transcript leads to reduced oxylipin production and impaired growth. *New Phytologist*. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.17739>
- Esposito, A., **Ambrosino, L.**, Piazza, S., D'Aniello, S., Chiusano, M.L., Locascio, A. (2021). Evolutionary Adaptation of the Thyroid Hormone Signaling Toolkit in Chordates. *Cells* 10(12), 3391. DOI: <https://doi.org/10.3390/cells10123391>
- Sañé, E., Del Mondo, A., **Ambrosino, L.**, Smerilli, A., Sansone, C., & Brunet, C. (2021). The Recent Advanced in Microalgal Phytosterols: Bioactive Ingredients Along With Human-Health Driven Potential Applications. *Food Reviews International*, 1-20. DOI: <https://doi.org/10.1080/87559129.2021.1938115>
- Marotta, P., Salatiello, F., **Ambrosino, L.**, Berruto, F., Chiusano, M. L., & Locascio, A. (2021). The ascidia *Ciona robusta* provides novel insights on the evolution of the AP-1 transcriptional complex. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 2093. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcell.2021.709696>
- Del Mondo, A., Smerilli, A., **Ambrosino, L.**, Albini, A., Noonan, D. M., Sansone, C., & Brunet, C. (2021). Insights into phenolic compounds from microalgae: structural variety and complex beneficial activities from health to nutraceuticals. *Critical Reviews in Biotechnology*, 41(2), 155-171. DOI: <https://doi.org/10.1080/07388551.2021.1874284>
- Ruocco, M., **Ambrosino, L.**, Jahnke, M., Chiusano, M. L., Barrote, I., Procaccini, G., Silva, J, and Dattolo, E. (2020). m6A RNA Methylation in Marine Plants: First Insights and Relevance for Biological Rhythms. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(20), 7508. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms21207508>
- Ambrosino, L.**, Colantuono, C., Diretto, G., Fiore, A., and Chiusano, M. L. (2020). Bioinformatics Resources for Plant Abiotic Stress Responses: State of the Art and Opportunities in the Fast Evolving-Omics Era. *Plants*, 9(5), 591. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9050591>
- Lauritano, C., Roncalli, V., **Ambrosino, L.**, Cieslak, M. C., and Ianora, A. (2020). First De Novo Transcriptome of the Copepod *Rhincalanus gigas* from Antarctic Waters. *Biology*, 9(11), 410. DOI: <https://doi.org/10.3390/biology9110410>
- Elagoz, Ali M., **Ambrosino, L.**, and Lauritano, C. (2020) "De novo transcriptome of the diatom *Cylindrotheca closterium* identifies genes involved in the metabolism of anti-inflammatory compounds." *Scientific reports* 10.1: 1-9. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61007-0>
- Ambrosino, L.**; Tangherlini, M.; Colantuono, C.; Esposito, A.; Sangiovanni, M., Miralto, M., Sansone, C., and Chiusano, M.L. (2019). "Bioinformatics for Marine Products: An Overview of Resources, Bottlenecks, and Perspectives." *Marine drugs* 17, (10). DOI: 10.3390/md17100576
- Esposito, A.; Tamburini, S.; Triboli, L.; **Ambrosino, L.**; Chiusano, M. L., and Jousson, O. (2019) "Insights into the genome structure of four acetogenic bacteria with specific reference to the Wood-Ljungdahl pathway." *MicrobiologyOpen* 2019, e938. DOI: 10.1002/mbo3.938.
- Ambrosino, L.**, Vassalli, Q. A., D'Agostino, Y., Esposito, R., Cetrangolo, V., Caputi, L., Amoroso, A., Aniello, F., D'Aniello, S., Chatzigeorgiou, M., Chiusano, M.L., and Locascio, A. (2019). "Functional conserved non-coding elements among tunicates and chordates." *Dev Biol* 448(2): 101-110. DOI: 10.1016/j.ydbio.2018.12.012
- Ambrosino, L.**, Ruggieri, V., Bostan H., Miralto, M., Vitulo, N., Zouine, M., Barone, A., Bouzayen, M., Frusciante, L., Pezzotti, M., Valle, G., Chiusano, M.L. (2018) "Multilevel comparative bioinformatics to investigate evolutionary relationships and specificities in gene annotations", *BMC Bioinformatics* 19(15): 435. DOI: 10.1186/s12859-018-2420-y
- Ambrosino, L.**, Colantuono, C., Monticcolo, F., and Chiusano, M. L. (2018). "Bioinformatics resources for plant genomics: bottlenecks and opportunities in the -omics era." in "Next-generation Sequencing and Bioinformatics for Plant Science" *Current Issues in Molecular Biology* 71-88 DOI: 10.21775/cimb.027.071
- Ambrosino, L.**, Chiusano, M.L. (2017). "Transcriptologs: a transcriptome-based approach to

- predict orthology relationships." *Bioinformatics and Biology Insights* 11 DOI: 10.1177/1177932217690136
17. **Ambrosino, L.**, Bostan, H., Ruggieri, V., and Chiusano, M. L. (2016). "Bioinformatics resources for pollen." *Plant reproduction* 29 (1-2), 133-147 DOI: 10.1007/s00497-016-0284-8
 18. De Santi, C., B. Altermark, M. M. Pierechod, **L. Ambrosino**, D. de Pascale and N. P. Willassen (2016). "Characterization of a cold-active and salt tolerant esterase identified by functional screening of Arctic metagenomic libraries." *BMC Biochem* 17(1): 1 DOI: 10.1186/s12858-016-0057-x
 19. **Ambrosino, L.**, H. Bostan, P. di Salle, M. Sangiovanni, A. Vigilante and M. L. Chiusano (2016). "pATsi: Paralogs and Singleton Genes from Arabidopsis thaliana." *Evol Bioinform Online* 12: 1-7 DOI: 10.4137/EBO.S32536
 20. De Santi, C., **L. Ambrosino**, P. Tedesco, L. Zhai, C. Zhou, Y. Xue, Y. Ma and D. de Pascale (2015). "Identification and characterization of a novel salt-tolerant esterase from a Tibetan glacier metagenomic library." *Biotechnol Prog* 31(4): 890-899 DOI: 10.1002/btpr.2096
 21. Maiorano, F., **L. Ambrosino** and M. R. Guarracino (2015). The MetaboX Library: Building Metabolic Networks from KEGG Database. *Bioinformatics and Biomedical Engineering: Third International Conference, IWBBIO 2015, Granada, Spain, April 15-17, 2015, Proceedings, Part I*. F. Ortuño and I. Rojas. Cham, Springer International Publishing: 565-576 DOI: 10.1007/978-3-319-16483-0_55
 22. De Santi, C., P. Tedesco, **L. Ambrosino**, B. Altermark, N. P. Willassen and D. de Pascale (2014). "A New Alkaliphilic Cold-Active Esterase from the Psychrophilic Marine Bacterium *Rhodococcus* sp.: Functional and Structural Studies and Biotechnological Potential." *Appl Biochem Biotechnol*. DOI: 10.1007/s12010-013-0713-1

Indici Scientometrici (Aprile 2022)

- Numero di pubblicazioni ISI con Impact Factor: 21
- H index: 8
- Numero di citazioni totale: 193

Premi e Riconoscimenti

- Vincitore di un Grant per presentare l'attività di ricerca avente per oggetto l'analisi comparativa tra pomodoro e vite basata sul confronto di sequenze e sul confronto di dati di espressione genica, dal titolo: "Characterization of derivative relationship between tomato and grapevine: a key step to investigate fruit development in the two species" al convegno internazionale "Quality Fruit 2014, 3rd Annual Conference of the Cost Action FA1106" 21-24 Settembre 2014 Chania, Greece

Speaker in Conferenze

1. L. Ambrosino, C. Colantuono, M. Miralto, M. Sangiovanni, M.L. Chiusano (2017). "A multilevel comparative genomics approach to check for inter and intra species relationships and gene predictions" - 12th BBCC - Bioinformatics and Computational Biology International Conference, Naples, Italy, 18-20 December 2017
2. L. Ambrosino, H. Bostan, V. Ruggieri, M.L. Chiusano (2016). "An integrated multi-level comparison highlights common aspects and specific features between distantly-related species: Tomato and Grapevine" - BITS 2016, 13th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, June 15-17, 2016, University of Salerno, Italy
3. L. Ambrosino, H. Bostan, V. Ruggieri, L. Frusciante, M.L. Chiusano (2015). "Solanum lycopersicum versus Vitis vinifera: a multilevel gene comparison from fleshy fruit species" – joint Congress SIBV-SIGA 2015, Feeding the planet: plant science and breeding for the future, September 8-11th Milano, Italy
4. L. Ambrosino, H. Bostan, V. Ruggieri, M.L. Chiusano – "Characterization of derivative relationship between tomato and grapevine: a key step to investigate fruit development in the two species" – Quality Fruit 2014, 3rd Annual Conference of the Cost Action FA1106, September 21-24th Chania, Greece

Speaker in seminari, organizzazione corsi e tutoraggio

- Speaker del tutorial introduttivo "BLAST service at SZN – an example for TARA data", 18 Settembre 2020, Stazione Zoologica Anton Dohrn, sull'uso delle piattaforme sviluppate dal Gruppo BIOINforMA basate su BLAST
- Co-organizer of the international course "Metabarcoding And Metagenomic Data Processing And Analyses", 3-7 February 2020, Stazione Zoologica Anton Dohrn. Assemble+ course (Co-finanziato da EMBRC)
- Docente della lezione teorica "Introduzione alla bioinformatica" agli studenti dell'Università di Roma "La Sapienza" in visita alla Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli, 10 Gennaio 2020
- Docente della lezione pratica "Protein function and evolution: Databases and tools to predict and visualize protein structures", PhD Programme Course (Curriculum BEOM), 9 Dicembre 2019, Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli

- Docente del corso per i dottorandi della Stazione Zoologica Anton Dohrn “Basic course in Bioinformatics” 15-18 Luglio 2019, Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli, con due lezioni teorico-pratiche dal titolo “Sequence alignments (global, local, multiple)” e “Functional annotation (Interpro, GO, KEGG)” (<https://bioinfo.szn.it/basic-course-in-bioinformatics/>)
- Co-organizzatore del corso “1st International Summer School on Marine Ecotoxicology” 1-5 Luglio 2019, Stazione Zoologica Anton Dohrn
- Co-organizzatore del corso “Data Carpentry for Ecologist” 6-7 Febbraio 2019, Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli (<https://alevigi.github.io/2019-2-6-SZN/>)
- Speaker del seminario interno “Comparative genomics and Structural proteomics: sequence and structural similarities to unveil hidden features”, tenutosi nell’ambito dell’incontro “BIOINforMA meets SZN”, 19 Luglio 2018, Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli
- 2016: Tutor all’attività di tesi magistrale in Bioinformatica dal titolo “Sviluppo di strategie per analisi di dati biologici” del laureando in Informatica Daniele Del Monaco
- 2016: Tutor all’attività di tesi magistrale in Bioinformatica dal titolo “Genomica comparativa in piante: Riconciliazione ed analisi di annotazioni geniche” del laureando in Biologia curriculum nutrizione Carlo Impradice
- 2013: Tutor all’attività di tesi triennale in Bioinformatica dal titolo “Caratterizzazione di sequenze EST derivate da una libreria sottrattiva di *Solanum lycopersicum* mediante confronto in banca dati” della laureanda in Biologia Generale ed Applicata Noemi Di Bernardo

Partecipazione a Progetti

Partecipazione ai seguenti progetti e programmi svolgendo attività bioinformatica di supporto alle analisi sperimentali:

- 2022: SEA-Stress (Israeli-Italian Scientific and Technological Cooperation, MAECI, Italy)
- 2021: European Union’s Horizon 2020 (grant agreements No. 654008 e 730984)
- 2021: Antitumor Drugs and Vaccines from the Sea (ADVISE) (PG/2018/0494374)
- 2020: Marine Hazard (PON03PE_00203_1) del Ministero dell’Istruzione, dell’Università e della Ricerca (MIUR)
- 2020: COST Action CA15136 - European network to advance carotenoid research and applications in agro-food and health (EUROCAROTEN)
- 2020: COST Action CA18210 - Oxygen sensing a novel mean for biology and technology of fruit quality
- 2019: Partecipazione alla stesura della proposta di associatura che ha permesso alla Stazione Zoologica Anton Dohrn di entrare a far parte del nodo italiano di “ELIXIR” (https://elixir-italy.org/member/stazione_zoologica_anton_dohrn/)
- 2017: Progetto Bandiera “Bioinforma: Bioinformatica per la Biologia Marina”
- 2016: AIB 2011 Parco Nazionale del Cilento e Vallo di Diano
- 2016: Solanaceae Pollen Thermotolerance – Marie Curie Initial Training Network project (grant agreement no. 289220)
- 2016: Molecules for the future Novel enzyme activities from environmental libraries – MARZymes (grant No. 219710 finanziato dal “Research Council of Norway”)
- 2016: Bioprospecting for drug and enzymes discovery from Antarctic and Arctic sub-sea sediments (grant No. 192123 finanziato dal “Research Council of Norway”)
- 2015-2017: GENHORT - Valorizzazione di produzioni ortive campane di eccellenza con strumenti di genomica avanzata (PON02_00395_3215002)
- 2015-2017: GENOPOM PRO Potenziamento della filiera pomodoro attraverso l’uso di piattaforme integrate di post-genomica (PON02_00395_3082360)
- 2015: MIUR project PON02 00619
- 2015: Italian Flagship project “Interomics”
- 2015: CNR-CAS Cooperation Agreement 2011–2013 “Discovery of new extremozymes and their potential use in biotechnology”
- 2014-2017: COST Action FA1106 - An integrated systems approach to determine the developmental mechanisms controlling fleshy fruit quality in tomato and grapevine
- 2014: P.N.R.A. (Italian National Antarctic Research Programme) 2009–2011
- 2013: C.A.R.I.N.A. – Sicurezza, sostenibilità e competitività delle produzioni agroalimentari della Campania (P.O.R. Campania FSE 2007-2013)

Reviewer per riviste scientifiche

- MDPI *Gene*
- MDPI *Foods*
- MDPI *Biology*