

**FORMATO EUROPEO
PER IL CURRICULUM
VITAE**

NON INSERIRE LA FOTOGRAFIA



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome

Nicoletta Favale

**ISTRUZIONE
E FORMAZIONE**

- Date (da – a)
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
 - Qualifica/titolo conseguita e relativa votazione o giudizio

 - Date (da – a)
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
 - Qualifica/titolo conseguita e relativa votazione o giudizio

 - Date (da – a)
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
 - Qualifica/titolo conseguita e relativa votazione o giudizio
- | | |
|--|---|
| | 2018- in corso |
| | Università di Parma |
| | Studente del Corso di Dottorato in Biologia Evoluzionistica ed Ecologia |
| |
 |
| | 2011-2016 |
| | Università degli Studi del Piemonte Orientale |
| | Dottore magistrale in biologia, 110/110 e lode |
| |
 |
| | 2007-2011 |
| | Università degli Studi del Piemonte Orientale |
| | Dottore in Biologia, 110/110 |

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da – a) Ottobre 2011 – Ottobre 2018
- Nome e indirizzo del datore di lavoro EuroSpin -Spesa Intelligente S.p.A.
- Tipo di azienda o settore Commercio
- Tipo di impiego Commessa
- Principali mansioni e responsabilità Addetta sala e cassa

MADRELINGUA

ITALIANA

ALTRE LINGUE

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale

INGLESE

Buono
Buono
Buono

CAPACITÀ E COMPETENZE

TECNICHE

Con computer, attrezzature specifiche, etc.

Ottima conoscenza di tecniche di coltura microbiologica (isolamento, trapianto, mantenimento in coltura, preparazione di terreni, caratterizzazione fisiologica), tecniche di biologia molecolare (PCR, elettroforesi, estrazione e purificazione DNA), tecniche di biologia vegetale (inoculo su semi sterili, crescita di piante in condizioni controllate e in serra).

Conoscenza di base dell'elaborazione statistica di dati attraverso i software StatView e R.

Buona conoscenza dei sistemi operativi Windows e Unix. Esperienza nell'utilizzo di strutture di calcolo ad alte prestazioni. Basi di programmazione in Scratch e Python.

Buone capacità di elaborazione dati provenienti da sequenziatori di seconda e terza generazione (Illumina e Oxford Nanopore technologies), uso di diversi software per l'assemblaggio genomico de novo (Abyss, Canu, SPAdes, Unicycler e Velvet), analisi tassonomica di dati metagenomici (BLASTN).

ALTRO

(PARTECIPAZIONE A CONVEGNI, SEMINARI, PUBBLICAZIONI, COLLABORAZIONI A RIVISTE, ETC. ED OGNI ALTRA INFORMAZIONE CHE IL COMPILANTE RITIENE DI DOVER PUBBLICARE)

Gamalero, E.; Favale, N.; Bona, E.; Novello, G.; Cesaro, P.; Massa, N.; Glick, B.R.; Orozco-Mosqueda, M.C.; Berta, G.; Lingua, G. Screening of Bacterial Endophytes Able to Promote Plant Growth and Increase Salinity Tolerance. Appl. Sci. 2020, 10, 5767.

"Evaluation of different hybrid de novo genome assemblies of *Acinetobacter johnsonii*". **Poster** 8° Congresso della Società Italiana di Biologia Evoluzionistica (SIBE). Padova, 1-4 Settembre

Collaborazione esercitazione di Bioinformatica e analisi dei genomi (Classe LM-8 docente Silvia Fuselli)

Culture al fine dello svolgimento degli esami nel settore scientifico Bio/18

Ferrara, 10/02/2021

- Non viene apposta la firma, a tutela dei dati della persona interessata, ai sensi del Regolamento UE 2016/679 e del d.lgs. 196/2003 aggiornato al d.lgs. n. 101/2018.