



Ugo Lomoio

Ph.D. student

Email: ugocz1996@gmail.com

Indirizzo: Via Niccoloso da Recco 14 - 88100 Catanzaro, Italia

Telefono: 3883787548

Data di nascita: 1996-07-22

Nazionalità: Italiana

Link: [linkedin.com/in/ugo-lomoio-b59420142](https://www.linkedin.com/in/ugo-lomoio-b59420142)

DESCRIZIONE

Laureato magistrale in Ingegneria Biomedica presso l'Università Magna Graecia di Catanzaro con un forte interesse nel mondo della bioinformatica e del deep learning. Attualmente iscritto al primo anno del corso di dottorato in Medicina Digitale presso l'Università degli studi Magna Graecia di Catanzaro. Durante gli studi universitari, ho sviluppato competenze tecniche in diversi campi, tra cui la progettazione e lo sviluppo di sistemi informativi e basi di dati, siti e applicazioni web, modelli di machine learning e deep learning. Sono appassionato di ricerca e spero di poter contribuire allo sviluppo di soluzioni innovative per migliorare il campo della sanità.

ESPERIENZA

Catanzaro
Feb 2022 - Ago 2022

Collaboratore di Ricerca per progetto PON-VQA
Università Magna Graecia di Catanzaro

Catanzaro
Ago 2022 - Feb 2023

Collaboratore di Ricerca per progetto PON-VQA
Università Magna Graecia di Catanzaro

ISTRUZIONE

Catanzaro
2015 - 2019

Ingegneria Informatica e Biomedica
Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro

Catanzaro
2019 - Mar 2022

Ingegneria Biomedica
Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro

Voto 110/110 e lode.

Titolo Tesi: Sperimentazione di algoritmi di estrazione di comunità da reti per l'analisi di Protein Contact Networks.

Catanzaro
Nov 2022 - Attuale

PhD Medicina Digitale
Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro

COMPETENZE

- Lavoro di gruppo
- Risoluzione dei problemi
- Leadership
- Propensione all'analisi e la ricerca.
- Responsabile.
- Capacità di trovare risposte concrete in tempi rapidi.
- Utilizzo O.S. Windows, Linux, Mac OS X, Ubuntu
- Buone conoscenze linguaggi Java, C++, ASP NET C#, SQL, Matlab, HTML, UML, XML
- Buone conoscenze in ambito delle basi di dati: SQL e NO-SQL type
- Buone conoscenze in ambito di Data Mining e Machine Learning
- Ottime conoscenze linguaggio Python
- Buona conoscenza delle librerie pytorch e tensorflow

LINGUE

Inglese

Livello intermedio

PROGETTI

Tool per l'annotazione di segnali biomedicali con l'utilizzo di jLabChart: database MySQL per salvare le annotazioni, sito in ASP NET C# per caricare i segnali biomedicali da annotare.

PCN Miner: software per l'estrazione di comunità, clustering, embedding e analisi di centralità sulle Protein Contact Networks.

Progettazione di un dispositivo audiometrico con Arduino

Utilizzo di algoritmi di data mining per la classificazione e clustering nel Dataset HCV-Egypt

Piattaforma web per la compilazione e il salvataggio di Case Record Form a supporto dello studio "Microbiological and Clinical Characteristics of Severe Infections Caused by Carbapenem-Resistant Enterobacterales: a Prospective Multicenter Study in Southern Italy (the MICE study)".

In collaborazione con UOC di Malattie Infettive e Tropicali azienda ospedaliera Mater Domini di Catanzaro.

GTEX Visualizer, web portal per l'analisi di dati espressione genica relativi al processo di invecchiamento.

Un tool per la visualizzazione e l'annotazione semi-automati di segnali elettrocardiografici (ECG) e fotoplethysmografici (PPG). Per l'annotazione, il clinico è supportato da un AutoEncoder che identifica automaticamente le finestre di segnale anomalo da presentare al clinico per la finale valutazione.

Piattaforma web locale per la compilazione e il salvataggio dei dati all'interno di un database locale a supporto dell'unità operativa di Audiologia e Foniatria dell'azienda ospedaliera mater domini di Catanzaro.

PUBBLICAZIONI

A machine-learning based tool for bioimages managing and annotation 2022. R. Giancotti, U. Lomoio, P. Veltri, P.H. Guzzi, P. Vizza. 2022 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM).

Annotating Protein Structures for Understanding SARS-CoV-2 Interactome.

B, Puccio, U. Lomoio, L. Di Paola, P. H. Guzzi, P. Veltri. SEBD 2022 Conference.

NOMA-DB: a framework for management and analysis of ageing-related gene-expression data. P.H. Guzzi, U. Lomoio, R. Scicchitano, P. Veltri. 2022 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)

Enabling analysis of transcriptomic data related to Ageing Processes through the GTEx-Visualizer web portal. P.H. Guzzi, U. Lomoio, P. Veltri Poster paper BBCC2022. Preprint in review at Bioinformatics Oxford.

Structural analysis of SARS-CoV-2 Spike protein variants through graph embedding. P.H. Guzzi, U. Lomoio, B. Puccio, P. Veltri. Springer, Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics 12(1).

Computational Analysis of the Sequence-Structure Relation in SARS-CoV-2 Spike Protein using Protein Contact Networks. P. H. Guzzi, L. Di Paola, B. Puccio, U.Lomoio, A. Giuliani, P.Veltri. Article for Springer Nature.