

Ho un background che spazia dalla microbiologia convenzionale alla genetica molecolare e genomica batterica, applicate nel campo della microbiologia degli alimenti, valutazione del rischio ambientale, controllo delle zoonosi e salute pubblica.

## STATO CIVILE

**Indirizzo personale:** Via Trento e Trieste 33, 64100, Teramo TE (Italia).

**Indirizzo professionale:** IZSAM-CRN-GENPAT, via Campo Boario 64100 Teramo TE (Italia).

**Contatto personale:** +33 (0) 6 61 90 04 52, [nicolas.radomski.phd@gmail.com](mailto:nicolas.radomski.phd@gmail.com).

**Contatto professionale:** +39 0861 3321, [n.radomski@izs.it](mailto:n.radomski@izs.it).

**Cittadinanza:** Cittadino francese, residente permanente in Canada, attualmente residente in Italia, vivere in concubinato.

**Lingua:** Francese (madrelingua), Inglese (livello C2), Italiano (livello A1), Tedesco (nozioni).

**Sito internet:** <http://www.nicolas-radomski.net>

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-7480-4197>

**GitHub:** <https://github.com/Nicolas-Radomski>



## DISCIPLINE / SETTORI e COMPETENZE SPECIFICHE

Biologia cellulare, biologia delle popolazioni ed ecologia, biologia degli organismi.

Microbiologia alimentare, valutazioni del rischio ambientale, controllo delle zoonosi.

Microbiologia convenzionale, biologia molecolare, genomica batterica.

Genomica dei microrganismi patogeni, statistica, bioinformatica.

## POSIZIONE ATTUALE

Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale" (IZSAM).

Centro di riferimento nazionale (CRN) per il sequenziamento dell'intero genoma di microrganismi patogeni: banca dati e analisi bioinformatica (GENPAT).

Esperto senior di bioinformatica in genomica dei microrganismi.

## ESPERIENZE PROFESSIONALI

- |                                    |   |
|------------------------------------|---|
| <b>2020</b>                        | <b>Esperto senior di bioinformatica in genomica dei microrganismi</b> - Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale" (IZSAM), Centro di riferimento nazionale (CRN) per il sequenziamento dell'intero genoma di microrganismi patogeni: banca dati e analisi bioinformatica (GENPAT) - Teramo, Italia:<br><br>Supporto tecnico-scientifico nell'analisi dei dati di sequenziamento di nuova generazione (NGS) provenienti da diverse piattaforme, sviluppo di pipeline bioinformatiche per la piattaforma CRN GENPAT, partecipazione nella redazione e presentazione di proposte di progetto in risposta a bandi nazionali ed europei, supporto nelle attività di formazione nazionali ed internazionali svolte dall'IZSAM nel campo della bioinformatica - A. Di Pasquale (GENPAT- CRN-IZSAM).  |
| <b>2015-20</b><br><b>(66 mesi)</b> | <b>Responsabile scientifico in genomica batterica</b> - Agenzia francese per la salute e la sicurezza alimentare, ambientale e sul lavoro (ANSES), Laboratorio di sicurezza alimentare (LSAL) - Team genome analysis modeling risk (GAMEr) - Maisons-Alfort, Francia:<br><br>Realizzazione di un sistema strutturato a supporto del sequenziamento high-throughput: creazione di una infrastruttura basata sul sistema Linux per la conservazione ed elaborazione dei dati di sequenziamento, attività di formazione per i colleghi di laboratorio sull'utilizzo del sistema open-source Linux, esecuzione di analisi bioinformatiche per lo studio della genomica batterica (presenza di varianti genetiche, assemblaggio <i>de novo</i> del genoma, meccanismi molecolari di virulenza e adattamento all'ospite, epidemiologia molecolare, studi di associazione "genome-wide", resistenza antimicrobica, elementi genetici mobili), selezione e integrazione di studenti e nuovi colleghi (INRA-ANSES), abilitazione per dirigere della ricerca (HDR) - M.Y. Mistou (ANSES-INRAE). |
| <b>2015</b><br><b>(1 mese)</b>     | <b>Assistente alla didattica</b> - École des ponts ParisTech (ENPC) - Corso di ingegneria - Marne-la-Vallée, Francia:<br><br>Teorie sulla genomica batterica, utilizzo della linea di comando nel sistema Linux, impostazione di programmi, esecuzione di programmi, organizzazione di attività bioinformatiche - F.S. Lucas (LEESU).   |
| <b>2011-15</b><br><b>(43 mesi)</b> | <b>Borsista post-dottorato</b> - Istituto di ricerca del centro sanitario universitario McGill (RI MUHC) - Controllo qualità di Montréal, Canada:<br><br>Manipolazione di animali da laboratorio in laboratorio di livello 3 di biosicurezza, installazione di software e programmi di gestione dei dati di laboratorio e analisi statistiche, analisi filogenetiche, analisi comparativa di sequenze e genomi, gestione dell'attività di sequenziamento high-throughput, studi molecolari e quantitativi dei patogeni micobatteri durante l'infezione, sviluppo e applicazione di una pipeline bioinformatica per lo studio di sequenze genomiche all'interno di progetti di epidemiologia molecolare della tubercolosi - M.A. Behr (RI MUHC).   |

|                      |  |
|----------------------|--|
| 2007-11<br>(39 mesi) | <p><b>Dottorando</b> - École des ponts ParisTech (ENPC) – Laboratorio di analisi ambientali e sistemi urbani UMR MA-102 (LEESU) - Marne-la-Vallée, Francia:</p> <p>Messa a punto di analisi di laboratorio per la batteriologia e la biologia molecolare, armonizzazione dei protocolli di isolamento dei micobatteri da fonti ambientali, sviluppo di metodi di PCR quantitativa in tempo reale, tipizzazione genotipica di ceppi batterici mediante l'analisi di sequenze "Multilocus" e analisi genomica per la ricerca di target molecolari - R. Moilleron, F.S. Lucas (LEESU).</p>                                  |
| 2008-10<br>(160 ore) | <p><b>Assistente alla didattica</b> - Corso di laurea in analisi biologiche e biochimiche (ABB) e master in microbiologia e biologia applicata (MAGB) presso l'università Paris-Est (IUT UPEC) e Paris Diderot (Paris-Sud) - Créteil e Orsay, Francia:</p> <p>Responsabile di corsi e piccoli gruppi d'insegnamento per studenti laureandi e specializzandi sulla classificazione, identificazione e caratterizzazione dei batteri patogeni (Vibrionaceae, Pseudomonadaceae, Micrococcaceae, Streptococcaceae, Mycobacteriaceae, Nisseriaceae) – F. Odelin (IUT UPEC), C. Rousseau (IUT UPEC), C. Sola (Parigi-Sud).</p> |
| 2010<br>(3 mesi)     | <p><b>Tirocinante di dottorato</b> - Virginia Polytechnic Institute (VirginiaTech) - Dipartimento di biologia - Blacksburg VA, USA):</p> <p>Studio delle fonti di micobatteri non tubercolari in uno spartiacque della Virginia mediante PCR quantitativa in tempo reale, redazione del capitolo del libro – J.O. Falkinham III (VirginiaTech) – R. Moilleron, F.S. Lucas (Lab. Water Environment and Urban Systems).</p>  |
| 2007<br>(6 mesi)     | <p><b>Master di formazione</b> - Agenzia francese per la sicurezza alimentare (AFSSA) - Unità di zoonosi batteriche (UZB) - Maisons-Alfort, Francia:</p> <p>Diversità genetica di <i>Mycobacterium avium</i> subsp. di origine umana e animale basata sulle tecniche di tipizzazione: "Variable Number of Tandem Repeats and Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit" (VNTR-MIRU) e Restriction Fragments Length Polymorphism (RFLP) - M.L. Boschioli (UZB).</p>  |
| 2006-07<br>(6 mesi)  | <p><b>Responsabile di progetto</b> - Istituto Pasteur di Lille - Centro di tipizzazione molecolare (IPL-CTM) - Lille, Francia:</p> <p>Responsabile del Sistema di Gestione Qualità e Sicurezza (audit), supervisione del progetto sulla caratterizzazione di <i>Listeria monocytogenes</i> mediante sierotipizzazione, ribotipizzazione e tipizzazione a campo pulsato - J.P. Vincent (IPL-CTM).</p>   |
| 2006<br>(6 mesi)     | <p><b>Tirocinante di laurea</b> - Istituto Pasteur di Lille - Centro di tipizzazione molecolare (IPL-CTM) - Lille, Francia:</p> <p>Organizzazione del sistema di gestione della banca dati di raccolta dei ceppi di <i>Listeria monocytogenes</i> caratterizzati mediante sierotipizzazione, ribotipizzazione e tipizzazione a campo pulsato - J.P. Vincent (IPL-CTM).</p>   |
| 2005<br>(Due mesi)   | <p><b>Tecnico di laboratorio</b> - Agenzia francese per la sicurezza alimentare (AFSSA) - Laboratorio di sicurezza alimentare (LSAL) (Boulogne sur Mer, Francia):</p> <p>Responsabile delle analisi di laboratorio: acidità volatile totale, Kjeldhal, microbiologia classica, Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD), Polymerase Chain Reaction (PCR) – Supervisore G. Bourdin (LSAL).</p>  |
| 2005<br>(Due mesi)   | <p><b>Studente universitario</b> - Agenzia francese per la sicurezza alimentare (AFSSA) - Laboratorio di sicurezza alimentare (LSAL) (Boulogne sur Mer, Francia):</p> <p>Studio della crescita di <i>Listeria monocytogenes</i> nel salmone mediante "challenge test" a diverse temperature - G. Bourdin (LSAL).</p>   |
| 2002-04<br>(2 anni)  | <p><b>Tecnico igienista</b> - Istituto Pasteur di Lille, Servizio di microbiologia e igiene alimentare (ILP-SERMHA) - Caen, Francia:</p> <p>Responsabile del campionamento (acqua e alimenti), audit HACCP (Hazard Analyzes Critical Control Point), interpretazione delle analisi microbiologiche e controllo della qualità degli oli alimentari - J.P. Vincent (IPL-SERMHA).</p>   |
| 2002<br>(Due mesi)   | <p><b>Formazione universitaria</b> - Università di Caen - Gruppo di ricerca in fisico-chimica e biotecnologia (ERPCB) - Caen, Francia:</p> <p>Studio della crescita di <i>Pseudomonas putida</i> e dello sviluppo di zuccheri ed elementi acidi intermedi mediante cromatografia liquida ad alte prestazioni HPLC - D. Corrolier (ERPCB).</p>  |

## DIPLOMI

- 2020** **Abilitazione a dirigere le ricerche (HDR)** in “Life Science” - Università Paris-Est (UPE), Scuola di dottorato in agricoltura, alimentazione, biologia, ambiente, salute (ABIES, n ° 0581), Agenzia francese per la salute e la sicurezza alimentare, ambientale e sul lavoro (ANSES), Laboratorio di sicurezza alimentare (LSAL) - Team genome analysis modeling risk (GAMeR) - Maisons-Alfort, Francia:  
La genomica batterica a sostegno della salute pubblica.
- 2007-11** **PhD** in Scienze e Tecniche dell'Ambiente - Università Paris-Est, École des ponts ParisTech (ENPC) (Champs-sur-Marne, Francia) - UMR MA-102 Laboratorio di analisi ambientali e sistemi urbani (LEESU):  
Messa a punto di protocolli di laboratorio per le analisi microbiologiche, studio della bibliografia scientifica, applicazione dei protocolli analitici in campioni ambientali, redazione e pubblicazione di articoli scientifici e rapporti di sintesi delle attività, presentazione di studi scientifici a congressi nazionali e internazionali in batteriologia, biologia molecolare, bioinformatica e statistica, insegnamento.
- 2006-07** **Laurea Specialistica di “Master”** (titolo accademico quinquennale di ingegnere) in Sanità Pubblica, indirizzo Qualità e Sicurezza degli Alimenti e dell'Ambiente - Università di Lille (Loos, Francia) - Istituto di ingegneria sanitaria di Lille (ILIS):  
Valutazione dei rischi chimici e microbiologici, Qualità, Gestione, Bibliografia.
- 2004-06** **Diploma universitario di “Licence”** (titolo accademico triennale di ingegnere) e **“Bachelor”** (titolo accademico quadriennale di ingegnere) in Science biotecnologiche e bioindustriali - Università di Littoral Côte d'Opale (ULCO) - Università Istituto professionale di qualità dei processi alimentari e prodotti ittici (Boulogne-sur-Mer, Francia):  
Laboratorio di livello 3 di biosicurezza, analisi microbiologiche e fisico-chimiche, biologia molecolare, fermentazione, ingegneria fisica, analisi dei componenti principali, modelli di microbiologia predittiva.
- 2000-02** **Diploma universitario** (due anni di studio universitario) in biotecnologia, indirizzo cibo e bioindustrie (IAB) - Università di Caen - Istituto tecnologico universitario (IUT) di biologia (Caen, Francia):  
Chimica, Microbiologia, Biologia molecolare, Fisiologia, Istologia, Statistica di base, Lavoro di laboratorio.

## TITOLI DI STUDIO

- 2023** **Iscritto all'albo dell'Ordine dei Biologi del Lazio e dell'Abruzzo** (Roma, Italia): Federazione Nazionale degli Ordini dei Biologi (FNBO), Ordine dei Biologi del Lazio e dell'Abruzzo (17/04/2023, n. AA\_100199).
- 2020** **Abilitazione a dirigere le ricerche in “Life Science”** (Parigi, Francia): Università Paris-Est (UPE), Scuola di dottorato in agricoltura, alimentazione, biologia, ambiente, salute (ABIES, n ° 0581).
- 2011-14** **Abilitazione alla domanda di professore associato nell'università francese** (Parigi, Francia): Sezione 65 Biologia cellulare (N ° 14265227300, 5 febbraio 2014), Sezione 67 Biologia delle popolazioni ed ecologia (N ° 12267227300, 2 febbraio 2012), Sezione 68 Biologia degli organismi (N ° 12268227300, gennaio 26, 2012).
- 2013** **Abilitazione alla domanda di professore associato nell'università del Québec** (Montreal, Canada): CNP 4122 Assistente alla didattica e la ricerca all'università (N ° C0005780756, 23 aprile 2013).
- 2011-15** **Attestato per la manipolazione degli animali da laboratorio e il laboratorio di livello 3 di biosicurezza** (Montreal, Canada): Istituto di ricerca del centro sanitario universitario McGill (RI MUHC).
- 2007** **Certificato di laboratorio di livello 3 di biosicurezza** (Maisons-Alfort, Francia): Agenzia francese per la sicurezza alimentare (AFSSA).

## FORMAZIONE PROFESSIONALE

- 04/12/2025** **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Cybersecurity.
- 19/11/2025** **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale GENPAT.
- 12-13/11/2025** **Seminario** (Parma, Italia): EFSA formazione  
(2 giorni) Workshop on protein safety assessments in food and feed – Alternative methods and approaches.
- 22-23/10/2025** **Seminario** (Stockholm, Svezia): ECDC formazione  
(2 giorni) Genepi-Biotrain, Virtual Training 21: Bacterial strain taxonomy for genomic surveillance.

- 10/10/2025 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) One Health Award 2025. Nuove Geografie. (non registrato)
- 07-08/11/2024 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(2 giorni) Giornata di studio del CRN GenPat Genomica e sanità pubblica veterinaria: nuove frontiere e sfide.
- 12/06/2024 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) La giornata di studio del Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes*.
- 05/12/2023 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Giornata di studio sulla Bluetongue.
- 09-10/11/2023 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(2 giorni) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale GENPAT.
- 08/11/2023 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria*.
- 07/11/2023 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter*.
- 17/02/2023 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Supporto - la nuova versione del sistema di ticketing online.
- 01/12/2022 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) La piatta forma del centro di riferimento nazionale GENPAT.
- 14/11/2022 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter*.
- 30/11/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi di bioinformatica (GENPAT).
- 28/10/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes*.
- 25/10/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Giornata di studio sulla Brucellosi.
- 28/09/2021 **Seminario** (Torino, Italia): IZSTO formazione  
(1 giorno) Microrganismi patogeni e approccio on helth: Il ruolo del laboratorio ufficiale di analisi.
- 24/06/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Inquinanti Organici Persistenti Alogenati negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente.
- 17/06/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) I risultati della ricerca corrente condotta dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise - anno 2020.
- 27/04/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale per lo studio e l'accertamento delle malattie esotiche degli animali (CESME).
- 05/04/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(7 giorni) Verso horizon Europe: Scenarion e prospettive del nuovo programma Europeo per la ricerca e l'innovazione - Moduli 2 e 3.
- 04-12/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(9 mesi) The eLearning course for Food Microbial Bioinformatician - Module 3: Core-competence pathway.
- 13/04/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Verso horizon Europe : Scenario e prospettive del nuovo programma Europeo per la ricerca e l'innovazione - Modulo 1.
- 03-09/2021 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(6 mesi) The eLearning course for Food Microbial Bioinformatician - Module 1: Microbiological pathway.
- 21/12/2020 **Seminario** (Teramo, Italia): IZSAM formazione  
(1 giorno) Il Centro per la Biologia delle Acque si racconta.



|                             |  |
|-----------------------------|--|
| 14.16/12/2020<br>(3 giorni) | <b>Seminario</b> (Teramo, Italia): IZSAM formazione Workshop Annuale del Laboratorio Nazionale di Riferimento per l'Antibioticoresistenza e del Centro di Riferenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza 2020.  |
| 2018<br>(4 giorni)          | <b>Linguaggio di programmazione Python</b> (Bordeaux, Francia): Formazione CNRS Principi di programmazione, codifica iterativa e orientata agli oggetti, codifica collaborativa, applicazioni BioPython.   |
| 2018<br>(3 giorni)          | <b>Database e linguaggio SQL per professionisti non informatici</b> (Parigi, Francia): ORSYS Modelli di banche dati, principi e funzioni SQL, sviluppi e query SQL.  |
| 2017-2018<br>(6 giorni)     | <b>Statistica e linguaggio di programmazione R.</b> (Maisons-Alfort, Francia): École de l'ADN Metodi avanzati di gestione dei dati, rappresentazioni grafiche di funzioni complesse.   |
| 2015-2019<br>(6 giorni)     | <b>Filogenesi molecolare</b> (Maisons-Alfort, Francia): BioSciences and Co Modelli di evoluzione, massima verosimiglianza, modelli bayesiani, orologio molecolare.   |
| 2017<br>(3 giorni)          | <b>Formazione per dottorandi</b> (Maisons-Alfort, Francia): Adoc Métis Analisi del rischio, coordinazione del co-management, commissioni di dottorato, integrità scientifica.  |
| 2017<br>(2 giorni)          | <b>Rischio biologico, flusso e cautele</b> (Maisons-Alfort, Francia): ANSES Classificazione dei rischi in laboratorio, procedure di urgenza, antincendio, primo soccorso.  |
| 2006-2019<br>(14 anni)      | <b>Bioinformatica:</b> gestione dei dati (Bash, Python), banche dati (SQL, XML), siti web (Dreamweaver, Nvu), tassonomia (Bionumerics, BioEdit, MEGA, Best, MrBayes, RAXML, IQ-Tree), statistica (R, JMP, Statgraphics), design primers molecolari (AllelID, Beacon designer), analisi del genoma (SPAdes, MinH, MeDuSa, GapCloser, FastQC, visualizzatore integrato del genoma, Burrows-Wheeler Aligner, Bowtie 2, Genome Analyzer Tool Kit, Picard, Samtool, UnifiedGenotyper, HalotypeCaller, MycoHit). |

## VALUTAZIONE DEL RISCHIO

|                       |  |
|-----------------------|--|
| 2025                  | <b>Talent pool EFSA</b> (Parma, Italia): Scientific Officer in biologia molecolare - EFSA/X/AD/2024/06 (valida fino al 31/12/2026).  |
| 2025                  | <b>Contratto di esperto EFSA</b> (Parma, Italia): Membro (dal 18/07/2025) delle riunioni dell'EFSA sui pesticidi e i microrganismi (WG/U/PREV/2011/03) all'unità Pesticide peer Review (PREV) per lo studio delle richieste di approvazione di sostanze attive microbiche come pesticidi (che modifica il regolamento (UE) n. 283/2013 per quanto riguarda le informazioni da presentare per le sostanze attive e i requisiti specifici dei dati per i microrganismi).                                       |
| 2024                  | <b>Contratto di esperto EFSA</b> (Parma, Italia): Presidente (dal 21/07/2025) e membro (dal 02/01/2024) del gruppo scientifico sui pesticidi microbici dell'EFSA (WG/U/PREV/2023/03-WG-PREV) all'unità Pesticide peer Review (PREV) per lo studio delle richieste di approvazione di sostanze attive microbiche come pesticidi (che modifica il regolamento (UE) n. 283/2013 per quanto riguarda le informazioni da presentare per le sostanze attive e i requisiti specifici dei dati per i microrganismi). |
| 2024                  | <b>Esperto selezionato EFSA</b> (Parma, Italia): Partecipazione ai gruppi di esperti scientifici e al comitato scientifico - EFSA/E/2023/01 (valida fino al 30/06/2029).   |
| 2023                  | <b>Esperto selezionato EFSA</b> (Parma, Italia): Supporto scientifico e tecnico - Vari profili scientifici e di comunicazione - EO/EFSA/2022/01 (valido fino al 23/10/2027).   |
| 2021-2021<br>(4 mesi) | <b>Contratto di esperti EFSA</b> (Parma, Italia): Progetto europeo relativo al bando EFSA per supporto scientifico e tecnico nelle aree dell'analisi della sequenza dell'intero genoma (EO/EFSA/SCIENCE/2020/01) con l'obiettivo di sviluppare un algoritmo per definire relazione tra soglie di collegamento singolo e soglie di distanza a coppie nel quadro di dati genomici basati sull'indagine di focolai batterici (contratto n. CT06BIOCONTAM).  |
| 2021                  | <b>Esperto selezionato EFSA</b> (Parma, Italia): Supporto scientifico e tecnico - Vari profili scientifici - EO/EFSA/2020/01 (valido fino al 25/03/2024).  |

## ELABORAZIONE, REALIZZAZIONE E GESTIONE DI PROGETTI DI RICERCA

|                        |  |
|------------------------|--|
| 2025-2027<br>(12 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Teramo, Italia): Ricerca corrente (GENPAT-IZSAM) relativo al progetto "machine learning basato su dati genomici per predire fenotipi categorici tramite classificazione e fenotipi continui tramite regressione" (GEPREDI) finalizzato allo sviluppo di flussi di lavoro analitici per addestrare modelli di machine learning e predire fenotipi categorici e numerici basati su dati genomici come geni, alleli, varianti, kmer (grant # IZS 06/24 RC) - Concezione, presentazione e realizzazione - Flussi di lavoro e cruscotti di bioinformatica per analisi basate sulla genomica di virus e batteri (1 articolo). |
| 2020-2023<br>(31 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Teramo, Italia): progetto nazionale (GENPAT-IZSAM) relativo al progetto 'Piattaforma Opendata per la Zootecnia' (LEO), volto a riunire in un unico database digitale tutte le   |

|                        |   |
|------------------------|---|
|                        | informazioni relative al settore zootecnico italiano al fine di sostenere e migliorare la qualità della produzione animale nel rispetto del benessere degli animali e dell'ambiente attraverso informazioni accessibili che facilitano lo scambio, la condivisione e la trasparenza nella fornitura di bestiame e nella catena alimentare (LEO grant # MAFAATE219) - Concezione, presentazione e realizzazione - Flussi di lavoro e cruscotti di bioinformatica per analisi basate sulla genomica di SARS-Cov2, <i>Salmonella</i> e <i>Listeria</i> (7 articoli).   |
| 2020-2022<br>(24 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Maisons-Alfort, Francia): collaborazione tra diversi paesi europei sul progetto "Assessing determinants of the non-decreasing incidence of <i>Salmonella</i> " (ADONIS, one health european joint project (OHEJP), grant #77380) – Realizzazione e redazione del progetto - Studio delle mutazioni genetiche statisticamente associate all'aumento della <i>Salmonella</i> in Europa dal 2014 (articolo in fase di pubblicazione).   |
| 2018-2020<br>(28 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Maisons-Alfort, Francia): collaborazione tra diversi paesi europei sul progetto "Rischio e gravità delle infezioni da microrganismi antibiotico-resistenti" (RaDAR, one health european joint project (OHEJP), grant #773830) - Partecipazione nella realizzazione e redazione del progetto: Un'esauriente banca dati di plasmidi assemblati, e descrizione delle popolazioni di plasmidi batterici (1 Articolo).  |
| 2016-2019<br>(36 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Maisons-Alfort, Francia): Collaborazione nazionale (ANSES e INRA) sul progetto "Un metodo automatico di tipizzazione batterica mediante varianti di pangenome e coregenome da sequenze high-throughput" (grant #Typautobac) - Ideazione, presentazione e realizzazione del progetto - Studio di associazione genome-wide e ontologico su scala pangenomica, interpretazione dell'adattamento all'ospite di ceppi di <i>Salmonella</i> sulla base di dati di sequenziamento high-throughput (2 articoli).   |
| 2015-2019<br>(41 mesi) | <b>Programma di ricerca</b> (Maisons-Alfort, Francia): collaborazione tra diversi paesi europei sul progetto "Piattaforma di gestione collaborativa per il rilevamento e l'analisi di epidemie riemergenti e di origine alimentare in Europa" (COMPARE, Horizon 2020, grant #643476) all'interno del gruppo di lavoro 4 e 7 - Partecipazione alla progettazione e realizzazione di un sistema strutturato a supporto del sequenziamento high-throughput e delle analisi di genomica batterica, sviluppo di pipeline per l'assemblaggio <i>de novo</i> (ARTwork), sviluppo di strumenti per l'analisi delle varianti genomiche (iVARcall2), installazione di un network di calcolo LINUX per le analisi e l'archiviazione dei dati di sequenza e metadati di batteri patogeni alimentari: <i>Salmonella</i> , <i>Listeria</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Bacillus</i> e <i>Staphylococcus</i> (9 articoli). Formazione per colleghi sul funzionamento e utilizzo del sistema LINUX. |
| 2014-15<br>(14 mesi)   | <b>Borsa di studio post-dottorato</b> (Montréal, Canada): collaborazione istituzionale tra diversi laboratori nazionali, finanziata dall'istituto di ricerca del centro universitario di salute pubblica McGill (RI MUHC) (9,000\$ canadesi) e dall'istituto di ricerca in sanità pubblica del Québec (FRQS) (30,000\$ canadesi) nel quadro del progetto 'Tuberculosis in Nunavik' (grant #29836) - Partecipazione all'elaborazione, presentazione e realizzazione del progetto – Ricerca e messa a punto di metodi di analisi del genoma batterico, studio dell'evoluzione di ceppi di <i>Mycobacterium tuberculosis</i> che causano focolai infettivi nella regione del Nunavik in Canada (2 articoli).   |
| 2011-13<br>(29 mesi)   | <b>Borsa di studio di Post-dottorato</b> (Montréal, Canada): collaborazione istituzionale tra diversi laboratori nazionali, finanziata dall'istituto di ricerca del centro universitario di salute pubblica McGill (RI MUHC) (50,250 \$ canadesi) e dall'istituto di ricerca in sanità pubblica del Québec (FRQS) (60,000 \$ canadesi) nell'ambito del progetto 'Tuberculosis in Nunavik' (grant #26274) - Partecipazione all'elaborazione, presentazione e realizzazione del progetto - Ricerca e messa a punto di analisi del genoma batterico, sviluppo di strumenti per la diagnosi del morbo di Crohn, studio della perdita di virulenza del <i>Mycobacterium tuberculosis</i> (2 articoli).   |
| 2007-11<br>(39 mesi)   | <b>Borse di studio di Dottorato</b> (Marne-la-Vallée, Francia): collaborazione nazionale (LEESU, ENPC, Eau de Paris, APHP) finanziata da 'École des ponts ParisTech' (ENPC) (65,139 € netti) e Paris-Est University of Créteil (UPEC) (6,640 € netti) nell'ambito del progetto 'Fonti di micobatteri non tubercolari nei bacini idrografici' sostenuto dal programma di ricerca interdisciplinare di acqua e ambiente dei bacini idrografici della Senna (PIREN-Seine), l'osservatorio degli inquinanti urbani (OPUR) e la città di Parigi (grant #CRECEP-STE) - Elaborazione, presentazione e realizzazione del progetto- Sviluppo di metodi batteriologici e molecolari, identificazione delle fonti di <i>Mycobacterium</i> nell'ambiente, analisi comparativa dei genomi per ottimizzare i marker molecolari (5 articoli).  |
| 2007<br>(6 mesi)       | <b>Borsa di formazione di Master</b> (Maisons-Alfort, Francia): collaborazione nazionale (INRA et AFSSA) finanziata dalla "Rete di laboratori veterinari per la ricerca di una migliore diagnosi ed epidemiologia delle malattie da micobatteri" (VENoMYC), INRA e AFSSA (grant #AIP P00297) - Realizzazione - Descrizione della diversità genetica mediante tipizzazione molecolare convenzionale, e studio di associazione sulla specificità dell'ospite in <i>Mycobacterium avium</i> (1 Articolo).  |

## COLLABORAZIONI E PARTENARIATI SCIENTIFICI

| Periodo               | Partenariati di ricerca   | Laboratori partner   | Costruzione del contratto  |
|-----------------------|---|--|--|
| 2015-2019<br>(5 anni) | Sviluppo di pipeline per analisi genomiche applicate a <i>Salmonella</i> , <i>Listeria</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Bacillus</i> e <i>Clostridium</i> | INRA-ANSES (M.Y. Mistou)<br>INRA (M. Mariadassou)<br>INRA (H. Chiapello)<br>INRA (P. Velge)                              | Accordo ANSES-INRA Typautobac (Metodo automatico di tipizzazione batterica mediante varianti del pangenoma e genoma conservato da sequenze high-throughput)              |
| 2011-2015<br>(5 anni) | Studio delle epidemie causate da <i>Mycobacterium tuberculosis</i> nell'uomo a Nunavik  | RI MUHC (M.A. Behr, M.B. Reed)<br>VirginiaTech (J.O. Falkinham)<br>Paris Sud (C. Sola)                                   | Istituto di ricerca del centro sanitario universitario McGill (RI MUHC) e finanziamento della ricerca sanitaria del Québec (FRQS)  |
| 2007-2011<br>(5 anni) | Studio delle fonti di micobatteri non tubercolari nei bacini idrografici  | LEESU (F. Lucas, R. Moilleron)<br>Eau de Paris (L. Moulin)<br>Micobatteri CNR (E. Cambau)<br>AFSSA-UZB (M.L. Boschirolì) | Programma di ricerca interdisciplinare sullo studio dell'acqua e ambiente dei bacini idrografici della Senna (PIREN-Seine) e osservatorio degli inquinanti urbani (OPUR) |

## TUTORATO

| Periodo   | Livello    | Mesi | Alunno                      | CTZ      | Soggetto<br>(Scuola - Università)  | %   | Articoli |
|-----------|------------|------|-----------------------------|----------|--|-----|----------|
| 2021-22   | PhD        | 24   | Madeleine De Sousa Violante | FRANCIA  | Phylogeny developments (Scuola di dottorato ABIES)   | 100 | 2        |
| 2020      | Master     | 6    | Lilian Yang Crosson         | FRANCIA  | Studio di associazione genome-wide nella <i>Salmonella</i> (Biologia informatica - Paris Diderot)                            | 100 | 0        |
| 2017-2019 | Dottorando | 36   | Méryl Vila Nova             | FRANCIA  | Genomica batterica (Scuola di dottorato ABIES)   | 100 | 1        |
| 2019      | Master     | 6    | Marie-Noel Mansour          | LIBANO   | Filogenesi di <i>Salmonella</i> (Chimica alimentare - San Giuseppe di Beirut)  | 100 | 0        |
| 2018      | Master     | 6    | Kevin La                    | FRANCIA  | Studio delle associazioni dei genomi (Biologia informatica - Paris Diderot)  | 100 | 1        |
| 2018      | Dottorando | 12   | Lena Frisch                 | GERMANIA | Bioinformatica e scrittura (Scuola di dottorato ABIES)   | 20  | 1        |
| 2017-2018 | Dottorando | 48   | Abakabir-Mahamat            | CHAD     | Bioinformatica applicata al <i>Clostridium</i> (Scuola di dottorato ABIES)   | 40  | 1        |
| 2017-2018 | Dottorando | 36   | Yann Sévellec               | FRANCIA  | Bioinformatica applicata alla <i>Salmonella</i> (Scuola di dottorato ABIES)  | 40  | 3        |
| 2016      | Master     | 6    | Méryl Vila Nova             | FRANCIA  | Algoritmi per l'identificazione di varianti genetiche conservate (Genomica, Informatica, Matematica e Salute - Paris Saclay) | 100 | 1        |
| 2015      | Studente   | 1    | Audrey Artignan             | FRANCIA  | Letteratura sui tassi di evoluzione (Genetica umana - Univ. London College)  | 100 | 0        |
| 2013-14   | Dottorando | 24   | Robyn S. Lee                | CANADA   | Filogenesi e identificazione degli SNP (Epidemiologia - Università McGill)   | 20  | 2        |
| 2014      | Master     | 6    | Trevor Tarakjian            | CANADA   | Gestione dei dati ad alto rendimento (Epidemiologia - Università McGill)   | 15  | 0        |
| 2013      | Master     | 6    | Andrei Dan                  | ROMANIA  | Metodi di rilevamento di Leifsonia (Epidemiologia - Università McGill)   | 40  | 0        |
| 2012      | UG         | 3    | Jeremy Dabor                | CANADA   | Estrazione del DNA micobatterico (Epidemiologia - Università McGill)   | 10  | 0        |
| 2011      | Studente   | 24   | Louis Kreitmann             | FRANCIA  | In vitro analisi in laboratorio (Medicina - Università di Lille)   | 10  | 1        |
| 2010      | Master     | 6    | Yacine Boudali              | ALGERIA  | Quantificazione di <i>Mycobacterium</i> (Scienze dell'ambiente - Università di Créteil)                                      | 80  | 0        |
| 2009      | Master     | 6    | Laetitia Betelli            | FRANCIA  | Quantificazione di <i>E. coli</i> e <i>Enterococcus</i> (Scienze dell'ambiente - Università di Créteil)                      | 20  | 1        |

## APPLICAZIONI NELLA RICERCA

### Organizzazione di Seminari

| Periodo | Laboratorio - Istituto | Tema  | Frequenza |
|---------|------------------------|---|-----------|
| 2015-19 | GAMeR - LSAL - ANSES   | Dibattiti aperti all'interno e all'esterno dell'agenzia ANSES sulla bioinformatica e genomica (DEBUG) | 3-4 mesi  |
| 2011-15 | Behr Lab - RI MUHC     | Seminari di laboratorio sui risultati delle unità di ricerca dell'Istituto                            | 2-3 mesi  |
| 2007-11 | LEESU - UMR MA102      | Portavoce incaricato dei Seminari di dottorato e dei rapporti di sintesi per il laboratorio           | 3-4 mesi  |

### Associazioni scientifiche

Società francese di bioinformatica (SFBI).  
Società americana di chimica (ACS).  
Società francese di microbiologia (SFM).  
Società francese di micobatteriologia (MycoClub).  
Associazione francese di ecologia microbica (AFEM).

### Organizzazione di commissioni di dottorato

#### Membri di due associazioni di dottorato - Méryl Vila Nova (2017 e 2018):

Pr. Hélène Chiapello (INRA, Unità di matematica applicata e informatica, Toulouse).  
Arnaud Felten (ANSES, Genome analysis modeling risk, Maisons-Alfort).  
Valentin Loux (INRA, Platform of bioinformatics MIGALE, Jouy-en-Josas).  
Pr Philippe Velge (INRA, Studio sulle infezioni e salute pubblica, Nouzilly).  
Pr Daniel Wilson (John Radcliffe Hospital, dipartimento di microbiologia, Oxford).

### Membro di giuria di dottorato

| Anno | Ruolo       | dottorando     | Università                                 | Materia di dottorato  |
|------|-------------|----------------|--|---|
| 2019 | Esaminatore | Damien Richard | Università de La Réunion                   | Adattamento genomico di <i>Xanthomonas citri</i> pv. <i>citri</i> |
| 2018 | Esaminatore | Franck Cerutti | Università di Toulouse III - Paul Sabatier | Dinamiche evolutive di <i>Listeria monocytogenes</i>              |

### Membro di commissioni di dottorato

| Periodo   | Numero | dottorando    | Università                    | Materia di dottorato   |
|-----------|--------|---------------|-------------------------------|--|
| 2017-2018 | 2      | Maëlyls Kevin | Università di Paris-Est (UPE) | Diversità genomica di <i>Francisella tularensis</i> di origine umana e animale |

### Recensioni su riviste internazionali "peer-reviews"

**Microbial Genomics** (1 recensione dal 2019).  
**Frontiers in Microbiology** (2 recensioni dal 2018).  
**Infection, Genetics and Evolution** (1 recensione dal 2015).  
**Environmental Science and Technology** (1 recensione dal 2014).  
**Diagnostic Microbiology and Infectious Disease** (2 recensioni dal 2014).  
**PloS One** (5 recensioni dal 2013).  
**Journal of Clinical Microbiology** (12 recensioni dal 2012).  
**Applied and Environmental Microbiology** (4 recensioni dal 2011).  
**Journal of Environmental Science and Health** (2 recensioni dal 2011).  
**International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology** (2 recensioni dal 2011).  
**Letters in Applied Microbiology** (5 recensioni dal 2011).  
**Journal of Applied Microbiology** (2 recensioni dal 2011).  
**Journal of Medical Microbiology**, sezione Clinical Microbiology and Virology (2 recensioni dal 2010).

### TIROCINIO DI BREVE DURATA IN LABORATORIO DI RICERCA

|                  |   |
|------------------|---|
| 2010<br>(3 mesi) | <b>Borsa di studio per la mobilità internazionale</b> (Marne-la-Vallée, Francia): collaborazione internazionale (École des ponts ParisTech e Virginia Polytechnic Institute) finanziata dall'università Paris-Est (UPE) Paris-Est (5,000 € netti) nell'ambito del progetto 'Fonti di micobatteri non tubercolari nei bacini idrografici - Elaborazione, presentazione e realizzazione - Trasferimento tecnologico di un metodo molecolare per quantificare il micobatterio nell'ambiente (1 capitolo di libro). |
|------------------|---|



## PARTECIPAZIONE A CONGRESSI

Genome microbial identifier #14 (GMI): dal 04 al 06 settembre 2024 a Barcelona (Spagna).  
 Printemps des territoires: 6 giugno 2019 a Parigi (Francia).  
 Genome microbial identifier #11 (GMI): dal 18 al 20 marzo 2018 a Ginevra (Svizzera).  
 Pathobiome 2018: dal 18 al 20 marzo 2018 ad Ajaccio (Francia).  
 Genome microbial identifier #10 (GMI): dal 15 al 17 maggio 2017 a Cabo San Lucas (Messico).  
 Genome microbial identifier # 9 (GMI) e Food and Agriculture Organization: dal 24 al 27 aprile 2016 a Roma (Italia).  
 Pathobiome 2015: dal 24 al 26 giugno 2015 a Maisons-Alfort (Francia).

## INSEGNAMENTO

| Anno | Posizione (progetto)  | Livello       | Natura         | Disciplina                           | Ora |
|------|-----------------------|---------------|----------------|--------------------------------------|-----|
| 2024 | Tunis (FiraBiot/WOAH) | Professionale | lavoro pratico | Codifica in bioinformatica           | 35  |
| 2020 | Teramo (IZSAM/LEGO)   | Maestro       | lavoro pratico | Codifica in bioinformatica           | 24  |
| 2015 | Champs (ENPC)         | Ingegneria    | tutorial       | Pipeline bioinformatiche             | 16  |
| 2010 | Créteil (IUT)         | Laureato      | tutorial       | Microbiologia medica                 | 64  |
| 2009 | Champs (ENPC)         | Maestro       | conferenza     | Strumenti analitici in epidemiologia | 3   |
| 2009 | Créteil (IUT)         | Laureato      | lavoro pratico | Microbiologia generale               | 64  |
| 2008 | Créteil (IUT)         | Laureato      | lavoro pratico | Microbiologia generale               | 30  |

## VALORIZZAZIONE DELLA RICERCA

### Pubblicazioni internazionali

Khemiri H., Lorusso A., Ayouni K., **Radomski N.**, Khaled M.B., Mangone I., Di Pasquale A., Cammà C., Ben Fraj I., Mekki N., Meftah K., Souiai O., Ben Mustapha I., Rekaya S., Touzi H., Sadraoui A., Meddeb Z., Hogga N., Smaoui H., Barbouche M.R., Ouederni M., Gdoura M., Triki H. and S. Haddad-Boubaker. Intra-host diversity of SARS-CoV-2 in children with long-term and short-term excretion in nasopharyngeal samples. 2025, BMC Infectious Diseases, 25(1): 1491. doi: 10.1186/s12879-025-11759-9 (IF 2024: 3.0).

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., Mixão V., Borges V., **Radomski N.** and Di Pasquale A. cgDist: An Enhanced Algorithm for Efficient Calculation of pairwise SNP and InDel differences from Core Genome Multilocus Sequence Typing. 2025, bioRxiv, doi: 10.1101/2025.10.16.682749 (preprint server).

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., Mixão V., Borges V., **Radomski N.** and Di Pasquale A. Supplementary Data of "cgDist: An Enhanced Algorithm for Efficient Calculation of pairwise SNP and InDel differences from Core Genome Multilocus Sequence Typing". 2025, Zenodo, doi: 10.5281/zenodo.17285517 (repository server).

Mixão V., Pinto M., Brendebach H., Sobral D., Dourado Santos J., **Radomski N.**, Majgaard Uldall A.S., Bomba A., Pietsch M., Bucciacchio A., de Ruvo A., Castelli P., Iwan E., Simon S., Coipan C.E., Linde J., Petrovska L., Sommer Kaas R., Grimstrup Joensen K., Holtsmark Nielsen S., Kiil K., Lagesen K., Di Pasquale A., Gomes J.P., Deneke C., Tausch S.H. and Borges V. Multi-country and intersectoral assessment of cluster congruence between pipelines for genomics surveillance of foodborne pathogens. 2025, Nature Communications, 16(3961): 1-27, doi: 10.1038/s41467-025-59246-8 (IF 2023: 14.7).

Puglia I., Caporale M., Mangone I., Petrova T., Castelli P., **Radomski N.**, De Ruvo A., Di Pasquale A. and Lorusso A. Analysis of zoonotic mutations of avian influenza viruses. 2024, Zenodo, doi: 10.5281/zenodo.14024885 (preprint server).

Mixão V., Pinto M., Brendebach H., Sobral D., Santos J.D., **Radomski N.**, Majgaard Uldall A.S., Bomba A., Pietsch M., Bucciacchio A., de Ruvo A., Castelli P., Iwan E., Simon S., Coipan C.E., Linde J., Petrovska L., Sommer Kaas R., Grimstrup Joensen K., Holtsmark Nielsen S., Kiil K., Lagesen K., Di Pasquale A., Gomes J.P., Deneke C., Tausch S.H. and Borges V. Multi-country and intersectoral assessment of cluster congruence between different bioinformatics pipelines for genomics surveillance of foodborne bacterial pathogens. 2024, medRxiv, doi: 10.1101/2024.07.24.24310933 (preprint server).

De Ruvo A., De Luca A., Bucciacchio A., Castelli P., Di Lorenzo A., **Radomski N.** and Di Pasquale A. SPREAD: Spatiotemporal Pathogen Relationships and Epidemiological Analysis Dashboard. 2024, Veterinaria Italiana, 60(4): 1-13, doi 10.12834/VetIt.3476.23846.1 (IF 2021: 1.434).

Castelli P., De Ruvo A., Bucciacchio A., D'Alterio N., Cammà C., Di Pasquale A. and **Radomski N.** Harmonization of supervised machine learning practices for efficient source attribution of *Listeria monocytogenes* based on genomic data. 2023, BMC Genomics, 24(560): 1-19, doi: 10.1186/s12864-023-09667-w (IF 2022: 4.558).

De Sousa Violante M., Michel V., Romero K., Bonifait L., Baugé L., Perrin-Guyomard A., Feurer C., **Radomski N.**, Mallet L., Mistou M.Y. and Cadel-Six S. Tell me if you prefer bovine or poultry sectors and I'll tell you who you are:

- Characterization of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Mbandaka in France. 2023, *Frontiers in Microbiology*, 14(1): 1-9, doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130891 (IF 2022: 6.064).
- Di Lorenzo A., Mangone I., Colangeli P., Cioci D., Curini V., Vincifori G., Mercante M. T., Di Pasquale A., **Radomski N.** and Iannetti S. One health system supporting surveillance during COVID-19 epidemic in Abruzzo region, southern Italy. 2023, *One Health*, 16(100471): 1-9, doi: 10.1016/j.onehlt.2022.100471 (IF 2022: 8.280).
- De Sousa Violante M., Podeur G., Michel V., Guillier L., **Radomski N.**, Lailier R., Le Hello S., Weill F.X., Mistou M.Y. and Ludovic M. A retrospective and regional approach assessing the genomic diversity of *Salmonella* Dublin. 2022, *NAR Genomics and Bioinformatics*, 4(3): 1-10, doi.org/10.1093/nargab/lqac047 (IF 2022: under evaluation).
- Félix B., Sevellec Y., Palma F., Douarre P.E., [...], **Radomski N.** [...], Leblanc J.C., Guillier L. and Roussel S. A European-wide dataset to uncover adaptive traits of *Listeria monocytogenes* to diverse ecological niches. 2022, *Scientific Data*, 9(1): 1-12, doi: 10.1038/s41597-022-01278-6 (IF 2020: 6.444).
- Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022, *BMC Genomics*, 23(235): 1-24, doi: 10.1186/s12864-022-08437-4 (IF 2021: 3.969).
- Di Pasquale A., **Radomski N.**, Mangone I., Calistri P., Lorusso A. and Camma C. SARS-CoV-2 surveillance in Italy through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from pan-SNPs, -MNPs and -InDels. 2021, *BMC Genomics*, 22(1): 782, doi: 10.1186/s12864-021-08112-0 (IF 2020: 3.969).
- Di Pasquale A., **Radomski N.**, Mangone I., Calistri P., Lorusso A. and Camma C. SARS-CoV-2 surveillance in Italy through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from functional annotations of SNPs, MNPs and InDels. 2021, medRxiv, doi: 10.1101/2021.05.25.21257370.
- Palma F., **Radomski N.**, Guérin A., Sévellec Y., Félix B., Bridier A., Soumet C., Roussel S. and L. Guillier. Genomic elements located in the accessory repertoire drive the adaptation to biocides in *Listeria monocytogenes* strains from different ecological niches. 2021, *Food Microbiology*, 103757(1): 1-11, doi: 10.1016/j.fm.2021.103757 (IF 2021: 5.516).
- Bonis M., Felten A., Payraud S., Dijoux A., Mallet L., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Firmesse O., Hennekinne J.A. and S. Herbin. Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of *Bacillus thuringiensis* associated with foodborne outbreaks in France. 2021, *PLoS ONE*, 16(2): e0246885, doi: 10.1371/journal.pone.0246885 (IF 2020: 6.220).
- Mansour M.N., Yaghi J., El Khoury A., Felten A., Mistou M.Y., Atoui A. and **N. Radomski**. Prediction of *Salmonella* serovars isolated from clinical and food matrices in Lebanon and genomic-based investigation focusing on Enteritidis serovar. 2020, *International Journal of Food Microbiology*, 333(16): 108831, doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108831 (IF 2019: 4.187).
- Douarre P.E., Mallet L., **Radomski N.**, Felten A. and M.Y. Mistou. Analysis of COMPASS, a new comprehensive plasmid database revealed prevalence of multireplicon and extensive diversity of IncF plasmids. 2020, *Frontiers in Microbiology*, 11(483): 1-15, doi: 10.3389/fmicb.2020.00483 (IF 2018: 4.193).
- Palma F., Brauge T., **Radomski N.**, Mallet L., Felten A., Mistou M.Y., Brisabois A., Guillier L. and G. Midelet-Bourdin. Dynamics of mobile genetic elements of *Listeria monocytogenes* persisting in ready-to-eat seafood processing plants in France. 2020, *BMC Genomics*, 21(1): 130, doi: 10.1186/s12864-020-6544-x (IF 2017: 3.730).
- Vila Nova M., Durimel K., La K., Felten A., Bessières P., Mistou M.Y., Mariadassou M. and **N. Radomski**. Genetic and metabolic signatures of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* associated with animal sources at the pangenomic scale. 2019, *BMC Genomics*, 20(1): 814, doi: 10.1186/s12864-019-6188-x (IF 2017: 3.730).
- Radomski N.** †, Cadel-Six S. † († **equal contribution**), Cherchame E., Felten A., Barbet P., Palma F., Mallet L., Le Hello S., Weill F.X., Guillier L. and M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations. 2019, *Frontiers in Microbiology*, 10(2413): 1-13, doi: 10.3389/fmicb.2019.02413 (IF 2017: 4.019).
- Abakabir Mahamat A., **Radomski N.**, Delannoy S., Djellal S., Lenegrade M., Hadjab K., Fach P., Hennekinne J.A., Mistou M.Y. and O. Firmesse. Large-scale genomic analyses and toxinotyping of *Clostridium perfringens* implicated in foodborne outbreaks in France. 2019, *Frontiers in Microbiology*, 10(777): 1-14, doi: 10.3389/fmicb.2019.00777 (IF 2017: 4.019).
- Sévellec Y., Felten A., **Radomski N.**, Granier S.A., Le Hello S., Petrovska L., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Genetic diversity of *Salmonella* Derby from poultry sector in Europe. 2019, *Pathogens*, 8(2): piiE46, doi: 10.3390/pathogens8020046 (IF 2019: 3.520).
- Fritsch L., Felten A., Palma F., Mariet J.F., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Augustin J.C. and L. Guillier. Insights from genome-wide approaches to identify variants associated to phenotypes at pan-genome scale: Application to *L. monocytogenes* ability to grow in cold conditions. 2018, *International Journal of Food Microbiology*, 291(16): 181-

188, doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.028 (IF 2017: 3.451).

Sévellec Y., Vignaud M.L., Granier S.A., Lailier R., Feurer C., Hello S.L., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six (acknowledgment L. Guillier and **N. Radomski**). Polyphyletic nature of *Salmonella enterica* serotype derby and lineage-specific host-association revealed by genome-wide analysis. 2018, Frontiers in Microbiology, 9(891): 1-13, doi.org/10.3389/fmicb.2018.00891 (IF 2017: 4.019).

Sévellec Y., Granier S.A., **Radomski N.**, Felten A., Le Hello S., Feurer C., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype Derby, associated with the pork sector in France. 2018, Microbiology Resource Announcements, 7(12): e01027-18, doi: 10.1128/MRA.01027-18 (IF 2017: 1.180).

Felten A., Vila Nova M., Durimel K., Guillier L., Mistou M.Y. and **N. Radomski**. First gene-ontology enrichment analysis based on bacterial coregenome variants: insights into adaptations of *Salmonella* serovars to mammalian- and avian-hosts. 2017, BMC Microbiology, 17(222): 1-20, doi.org/10.1186/s12866-017-1132-1 (IF 2015: 2.960).

Henri C., Leekitcharoenphon P., Carleton H.A., **Radomski N.**, Kaas R.S., Mariet J.F., Felten A., Aarestrup F.M., Smidt P.G., Roussel S., Guillier L., Mistou M.Y. and R.S. Hendriksen. An assessment of different genomic approaches for inferring phylogeny of *Listeria monocytogenes*. 2017, Frontiers Microbiology, 8(2351): 1-13, doi.org/10.3389/fmicb.2017.02351 (IF 2016: 4.076).

Felten A., Guillier L., **Radomski N.**, Lailier R., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Genome Target Evaluator (GTEvaluator): a workflow exploiting genome dataset to measure the sensitivity and specificity of genetic markers. 2017, PLoS ONE, 12(7): e0182082, doi: 10.1371/journal.pone.0182082 (IF 2015: 4.411).

Lee R.S. †, **Radomski N.** † († **equal contribution**), Proulx J.F., Levade I., Shapiro B.J., McIntosh F., Soualhine H., Menzies D. and M.A. Behr. Population genomics of *Mycobacterium tuberculosis* in the Inuit. 2015, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, PNAS, 112(44): 13609-13614, doi: 10.1073/pnas.1507071112 (IF 2014: 9.674).

Wang J., McIntosh F., **Radomski N.**, Dewar K., Simeone R., Enninga J., Brosch R., Rocha E.P., Veyrier F.J. and M.A. Behr. Insights on the emergence of *Mycobacterium tuberculosis* from the analysis of *Mycobacterium kansasii*. 2015, Genome Biology and Evolution, 7(3): 856-870, doi: 10.1093/gbe/evv035 (IF 2013: 4.532).

Lee R.S. †, **Radomski N.** † († **equal contribution**), Proulx J.F., Manry J., McIntosh F., Desjardins F., Soualhine H., Domenech P., Reed M.B., Menzies D. and M.A. Behr. Re-emergence and amplification of tuberculosis in the Canadian Arctic. 2015, Journal of Infectious Diseases, pii(jiv011): 1-10, doi: 10.1093/infdis/jiv011 (IF 2013: 5.778).

Domenech P., Rog A., Moolji J., **Radomski N.**, Fallow A., Leon-Solis L., Bowes J., Behr M.A. and M.B. Reed. The origins of a 350-kilobase genomic duplication in *Mycobacterium tuberculosis* and its impact on virulence. 2014, Infection and Immunity, 82(7): 2902–2912, doi 10.1128/IAI.01791-14 (IF 2012: 4.074).

**Radomski N.**, Roguet A., Lucas F.S., Veyrier F.J., Cambau E., Accrombessi H., Moilleron R., M.A. Behr and L. Moulin. *atpE* gene as a new useful specific molecular target to quantify *Mycobacterium* in environmental samples. 2013, BMC Microbiology, 13(277): 1-12, doi: 10.1186/1471-2180-13-277 (IF 2012 : 3.104).

**Radomski N.**, Kreitmann L., McIntosh F. and M.A. Behr. The critical role of DNA extraction for detection of mycobacteria in tissues. 2013, PLoS ONE, 8(10): e78749, doi: 10.1371/journal.pone.0078749 (IF 2012: 3.703).

**Radomski N.**, Betelli L., Moilleron R., Haenn S., Moulin L., Cambau E., Rocher V., Gonçalves A. and F.S. Lucas. *Mycobacterium* behavior in wastewater treatment plant, a bacterial model distinct from *Escherichia coli* and enterococci. 2011, Environmental Science & Technology, 45(12), 5380–5386, doi: 10.1021/es104084c (IF 2009: 4.630).

**Radomski N.**, Lucas F.S., Moilleron R., Cambau E., Haenn S. and L. Moulin. Development of a real-time qPCR method for detection and enumeration of *Mycobacterium* spp. in surface water. 2010, Applied and Environmental Microbiology, 76(21), 7348-7351, doi: 10.1128/AEM.00942-10 (IF 2009: 3.686).

**Radomski N.**, Cambau E., Moulin L., Haenn S., Moilleron R. and F.S. Lucas. Comparison of culture methods for isolation of nontuberculous mycobacteria from surface waters. 2010, Applied and Environmental Microbiology, 76(11), 3514-3520, doi: 10.1128/AEM.02659-09 (IF 2009: 3.686).

**Radomski N.**, Thibault V.C., Karoui C., de Cruz K., Cochard T., Gutiérrez C., Supply P., Biet F. and M.L. Boschirolì. Genotypic diversity of *Mycobacterium avium* subspecies from human and animal origins, studied by MIRU-VNTR and IS1311 RFLP typing methods. 2010, Journal of Clinical Microbiology, 48(4), 1026-1034, doi: 10.1128/JCM.01869-09 (IF 2009: 4.162).

Midelet-Bourdin G., Copin S., Leleu G. and P. Malle (acknowledgment Céline Sart, Mylène Gobert, **Nicolas Radomski** and Rémi Cappelaere). Determination of *Listeria monocytogenes* growth potential on new fresh salmon preparations. 2010, Food Control, 21(10), 1415-1418, <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2010.03.009> (IF 2010: 2.812).

### Pubblicazioni nazionali

**Radomski N.** La genomica batterica a sostegno della salute pubblica. Abilitazione a dirigere le ricerche (HDR) in "Life Science". Discussione: Marzo 13, 2020 sotto la supervisione di Anne Brisabois e Michel-Yves Mistou - University Paris-Est (UPE), doi: 10.13140 / RG.2.2.10547.99362.

(<http://www.nicolas-radomski.net/pdf/HDR-2020-Nicolas-Radomski.pdf>).

**Radomski N.** Fonti di micobatteri non tubercolari nei bacini idrografici. Tesi di dottorato in scienze e tecniche per l'ambiente. Discussione: Febbraio 28, 2011, sotto la supervisione di Régis Moilleron - University Paris-Est (UPE), doi: 10.13140 / 2.1.3436.6401.

(<http://www.nicolas-radomski.net/pdf/PhD-2011-Nicolas-Radomski.pdf>).

### Comunicazioni orali in congressi (inter)nazionali

‡**Radomski N.** Genomic data-based machine learning for source attribution of foodborne pathogens (EN): Online webinar of Whole-Genome Sequencing for Food Safety (WGSFS 2025): November 20, 2025 through pre-recorded video lectures (Estonia).

‡**Radomski N.** The use of bioinformatics from basic to advanced methods (EN): Consultancy Meeting to Design Linux and Galaxy Workflows for AMR Gene Characterization (Joint FAO/IAEA Center): August 5-7, 2025 through online lectures in Vienna (Austria).

‡**Radomski N.** The GENPAT microbial genomics platform for monitoring and investigating outbreaks (FR): 4<sup>ème</sup> Congrès International, 14<sup>ème</sup> Journée de la Société Algérienne de Microbiologie Clinique (SAMiC): May 31 – June 01, 2025 in Alger (Algeria).

\*‡**Radomski N.**, De Ruvo A., Bucciachio A., De Luca A., Barbasch C.N., Mangone I., Ferrilli M. and Di Pasquale A. How to use large language models and machine learning for improving One Health (EN): 35th Congress of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESCMID Global 2025, ME061 - Hall 3): April 11-15, 2025 in Vienna (Austria).

‡de Ruvo A., De Luca A., Bucciachio A., Castelli C., **Radomski N.** and Di Pasquale A. Integrating quasi real-time data analytics in public health: The dual application of SPREAD for surveillance of viruses and bacteria (EN): 9th International Conference on Emerging Zoonoses: June 9-12, 2024 in Palermo (Italy).

‡Castelli P., De Ruvo A., Bucciachio A., D'Alterio N., Cammà C., Di Pasquale A., **Radomski N.** Harmonization of supervised machine learning practices for efficient source attribution of *Listeria monocytogenes* based on genomic data (EN): Annual congress of the National Reference Laboratory for *Listeria monocytogenes*: November 08, 2023 in Teramo (Italy).

\*‡**Radomski N.** (Chairman) Highly precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2023: 8<sup>th</sup> Conference on Innovations in Nutrition and Food Science: September 07-08, 2023 in Rome (Italy).

‡**Radomski N.** Microbial genomics analyses at the Italian National Reference Centre. 2022: 23<sup>th</sup> Iran's International Congress of Microbiology: August 30 - September 01, 2022 in Tehran (Iran).

‡**Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022: Workshop about microbial genome sequencing and genomics analyses in the RAZI Vaccine and Serum Research Institute: September 03 - 04, 2022 in Tehran (Iran).

‡**Radomski N.** SARS-CoV-2 surveillance in Italy through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from pan-SNPs, -MNPs and -InDels. 2022: Workshop about microbial genome sequencing and genomics analyses in the RAZI Vaccine and Serum Research Institute: September 03 - 04, 2022 in Tehran (Iran).

‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022: Seminar on Whole Genomic Sequencing of microbial pathogens: June 24, 2022 in Teramo (Italy).

\*‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** Core genome MLST precision of *Listeria monocytogenes* typing through wet- and dry-lab parameters. 2022: One Health EJP Annual Scientific Meeting: April 11-13, 2022 in Orvieto (Italy).

\*‡**Radomski N.**, Di Pasquale A. and Cammà C. One Health Structure In Europe For Omics-based Surveillance: ASM Microbe 2022: June 9-13, 2022 in Washington (USA).

\*‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters influencing cgMLST precision for *Listeria monocytogenes* typing (EN): Centro di Riferenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi Bioinformatica: November 30, 2021 in Teramo (Italia).

- \*Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Pasquale A.D., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing: a guide towards global surveillance of *Listeria monocytogenes* (EN): Annual congress of the National Reference Laboratory for *Listeria monocytogenes*: October 28, 2021 in Teramo (Italia).
- \*Mangone I., **Radomski N.**, Pasquale A.D., Santurbano A., Calistri P., Cammà C. and Maassen K. Refinement of the COHESIVE Information System towards a unified ontology of food terms for the public health organizations (EN): 2<sup>nd</sup> Integrated Food Ontology Workshop, held at JOWO 2021: Episode VII The Bolzano Summer of Knowledge: September 11 to 18, 2021 in Bolzano (Italia).
- \***Radomski N.** Congruence of genomics contents between *Salmonella* Enterica from Lebanon and other countries (EN): Centro di Referenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi Bioinformatica: November 25, 2020 online.
- Radomski N., Cadel-Six S., Cherchame E., Felten A., Barbet P., Vignaud M.L., Mallet L., Le Hello S., L. Guillier and M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations (EN): One Health European Joint Programme (OHEJP) Webinar on practical use of NGS: April 29, 2020 online.
- Douarre P.E., Mallet L., **Radomski N.**, Felten A. and M.Y. Mistou. Global analysis of beta-lactams resistant plasmids (EN): 15<sup>e</sup> national congress of the French society of microbiology (SFM): September 30 to October 2, 2019 in Paris (France).
- \*Vila Nova M., Durimel K., La K., Felten A., Bessières F., Mistou M.Y., Mariadassou M. and **N. Radomski.** Adaptation to animal sources of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* at the pangenomic scale (EN): Food Safety WGS: March 26 to 28, 2019 in Paris (France) and IWBBIO: May 9 to 10, 2019 in Granada (Spain) and JOBIM: July 2 to 5, 2019 in Nantes (France).
- Radomski N., Cadel-Six S., Cherchame E., Felten A., Barbet P., Vignaud M.L., Mallet L., Le Hello S., L. Guillier and M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations (EN): COMPARE General Meeting (Work packages WP4 et WP7): February 27 to March 1, 2019 in Lyngby (Denmark).
- Felten A., Vila Nova M., Durimel K., Guillier L., Mistou M.Y. and **N. Radomski.** Metabolic processes mainly impacted by fixed coregenome variants during adaptations of *Salmonella* serovars to mammalian- and avian-hosts (EN): COMPARE Meeting (Work packages WP4 et WP7): May 22 to 23, 2018 in the Robert Koch institute in Wernigerode (Germany).
- Radomski N.**, Cadel-Six S., Cherchame E., Hello S.L., Guillier L. and M.Y. Mistou. Foodborne outbreak (FBO) investigations: Is there a faster method than growing a tree? (EN): COMPARE General Meeting (Work packages WP4 et WP7): February 28 to March 2, 2018 in Lyngby (Denmark).
- Radomski N. Bioinformatics developments: Bacterial genomics in ANSES and first results in COMPARE about *Salmonella* Typhimurium in France (EN): General COMPARE meeting (Work packages WP4 et WP7): March 1 to 2, 2017 in Rotterdam (Netherlands).
- \***Radomski N.** Lee R.S. and M.A. Behr. Evolution inference *in natura* of *Mycobacterium tuberculosis* during a century of transmissions (EN) : Integrative phylogeny of the first congress "Réseau de Systématique / Muséum national d'Histoire naturelle" (R-Syst / MNHN): September 12 to 14, 2015 in Versailles-Grignon (France).
- Radomski N.**, Lee R.S. and M.A. Behr. Evolution of *Mycobacterium tuberculosis* during a century of evolution (EN): DEBUG-5 of the French agency for food, environmental and occupational health and safety: September 10, 2015 in Maisons-Alfort (France).
- \*Radomski N., Lee R.S., J.F. Proulx, F. McIntosh, H. Soualhine, P. Domenech, M. Reed, D. Menzies, and M. A. Behr. Diversity and evolution of *Mycobacterium tuberculosis* in Nunavik (EN): International center about tuberculosis in McGill: June 18, 2014 in Montreal (Canada).
- Radomski N. and M.A. Behr. Blinded identification of SNPs by high throughput sequencing of genomes: Description of outbreaks(s) of tuberculosis in Inuit community (EN): International center about tuberculosis in McGill: January 15, 2014 in Montreal (Canada).
- Radomski N. and M.A. Behr. The critical role of DNA extraction for detection of mycobacteria in tissues (EN): First annual day of young researchers from the international center about tuberculosis in McGill: June 19, 2013 in Montreal (Canada).
- Radomski N.** Ecology, Physiology, Evolution, Epidemiology, and interactions host-bacteria of major Actinobacteria pathogens: The mycobacteria (FR): Lab Seminario in UMR 7267 Ecology and biology of interactions, Team microbiology of water of Poitiers university: May 14, 2013 in Poitiers (France).
- Radomski N. and M.A. Behr. Quantification of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) in tissues: DNA extraction, real-time PCR versus culture methods (EN) : Fifth annual Canadian meeting on MAP: October 11 to 13, 2012 in Banff (Canada).



**Radomski N.** Ecology, Physiology, Evolution, Epidemiology, and interactions host-bacteria of major Actinobacteria pathogens: The mycobacteria (FR): Lab Seminario in UMR 5557 Microbial ecology of Claude Bernard university (FR): May 22, 2012 in Lyon (France).

\***Radomski N.**, Betelli L., Moilleron R., Haenn S., Moulin L., Cambau E., Pruden A., Falkinham III J.O., Rocher V., Gonçalves A. and F.S. Lucas. Sources and behaviours of non-tuberculous mycobacteria in watershed (FR): Congress of the international research program about water of Seine river: February 7 to 9, 2011 in Paris (France).

\*Mouchel J.M., Passerat J., Ouattara K., Servais P., Ayrault S., Priadi-Rianti C., Gourlay C., Uher E., [...], Eurin J., Alliot F., Desportes A., Bourges C., Chevreuil M., Varrault G., Louis Y., Lorgeoux C. and **N. Radomski**. The river across the city: rain weather in Paris (FR): Congress of the international research program about water of Seine river: February 7 to 9, 2011 in Paris (France).

\***Radomski N.**, Haenn S., Moilleron R., Lucas F.S., Cambau E. and L. Moulin. Development of methods to quantify non-tuberculous mycobacteria in water of Seine river by bacteriology and molecular biology (FR): Congress of the international research program about water of Seine river: January 27 to 28, 2010 in Paris (France).

\***Radomski N.**, Thibault V., Karoui C., De Cruz K., Cochard T., Gutiérrez C., Supply P., Biet F. and M.L. Boschirol. Genetic diversity of *Mycobacterium avium* subsp. from human and animal by MIRU-VNTR et IS1311 RFLP (EN, FR): 30<sup>th</sup> annual congress of the european society of mycobacteriology: July 5 to 8, 2009 in Porto (Portugal) and 11<sup>th</sup> French day of mycobacteriology: October 15 to 16, 2009 in Bandol (France).

**Radomski N.**, Lucas F.S., Cambau E., Moulin L., Haenn S. and R. Moilleron. Study of sources of atypical mycobacteria in watershed of the Seine river in Paris (FR): Congress of the French association of microbial ecology: Methods of culture of uncultivable bacteria: June 16 au 17, 2008 in Banyuls (France).

\*Gourlay-Francé C., Ayrault S., Chevreuil M., Da Silva A., Eurin J., Labadie P., Lucas F., [...], **Radomski N.**, Rocher V., Servais P., Uher E., Varrault G. and J.M. Mouchel. Microbiological and chemical contaminations in the Seine river following an urban water discharge during rain weather (FR): Congress of the international research program about water of Seine river: February 5 to 6, 2009 in Paris (France).

\* Atti del Congresso (n=15). ‡Conferenze su invito per congressi internazionali (n=28). # Premio Congresso (n=1).

### Comunicazioni poster

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., **Radomski N.** and Di Pasquale A. cgDIST: SNP-like resolution with cgMLST-like computational efficiency (EN): Rapid Applied Microbial Next-Generation Sequencing and Bioinformatic Pipelines in the American Society for Microbiology (ASM): October 13 to 16, 2024 in Washington, D.C. (USA).

De Sousa Violante M., Feurer C., Michel V., **Radomski N.**, Mistou M.Y. and Mallet L. Characterization of the genomic diversity of *S. Typhimurium* and its monophasic variant in France in pig herds (EN): Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM): July 5 to 8, 2022 in Rennes (France) and International Symposium *Salmonella* and Salmonellosis (JOBIM): June 20 to 22, 2022 in Saint-Malo (France).

Palma F., Brauge T., **Radomski N.**, M.Y. Mistou, A. Brisabois, L. Guillier and Midelet-Bourdin G. Mobile genetic elements through *Listeria monocytogenes* clonal complexes contaminating seafood-processing plants of ready-to-eat food products in France (EN): COMPARE General Meeting (Work packages WP4 et WP7): February 27 to March 1, 2019 in Lyngby (Denmark).

Vila Nova M., K. La, A. Felten, K. Durimel, P. Bessieres, M.Y. Mistou, M. Mariadassou and **N. Radomski**. Host adaptations of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovars deciphered by the first genome wide association study implementing accessory genes and coregenome variants (EN): May 16 to 18, 2018 in Geneva (Switzerland).

\*Felten A., M. Vila Nova, K. Durimel, L. Guillier, M.Y. Mistou and **N. Radomski**. First gene ontology enrichment analysis based on coregenome variants of bacteria: Throughout adaptation of mammalian and avian to *Salmonella* serovars (EN): Open day in biology, informatics and mathematics (JOBIM) : June 3 to 6, 2017 in Lille (France) and Bioinformatics of algorithms and applications (BiATA): August 1 to 5, 2017 in St. Petersburg (Russia).

\***Radomski N.**, R.S. Lee, F. McIntosh, P. Domenech, M. Reed, D. Menzies and M.A. Behr. Evolution of *Mycobacterium tuberculosis* in *natura*: Unique case of Nunavik, Québec (EN) : Initiative for global health, University club of McGill: November 3, 2014 in Montreal (Canada).

Felten A., Guillier L., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Lailier R. and S. Cadel-Six. Genome Target Selector: Estimation of specificity and sensitivity of molecular markers based on sequences of bacterial genomes (EN): 11<sup>th</sup> International meeting about microbial epidemiological markers (IMMEM XI). Navigation of microbial genomes. Conference ESCMID - ESGEM: March 9 to 12, 2016 in Estoril (Portugal).

\***Lee R.S.**, **Radomski N.**, Proulx J.F., Manry J., McIntosh F., Desjardins F., Soualhine H., Domenech P., Reed M., Menzies D. and M.A. Behr. Re-emergence and amplification of tuberculosis in Canadian arctic (EN): Initiative for global health, University club of McGill: November 3, 2014 in Montreal (Canada).

‡Lee R.S., **Radomski N.**, McIntosh F., Desjardins F., Soualhine H., Proulx J.F., Menzies D. and M.B. Behr. The whole genome sequencing reveals multiple TB outbreaks in a Canadian village (EN): The 18<sup>th</sup> conference of union of north America regions "Stronger together to stop TB" from laboratory to clinic: February 27 to March 1, 2014 in

Boston (USA).

\*Lucas F.S., **Radomski N.**, Roguet A., Cambau E., Moilleron R., Behr M.A. and L. Moulin. The methods of detection to study non-tuberculous mycobacteria in aquatic systems under pressure of global change (EN): Congress EMBO SAME13: September 8 to 13, 2013 in Stresa (Italia).

Moulin L., Haenn S., Dubrou S., Gaillard J.L., **Radomski N.**, Cambau E., Welté B. and M. Joyeux. Study of diversity of atypical mycobacteria from water distribution system (FR): 27<sup>th</sup> annual congress about water in Eau de Paris: February 24 to 28, 2012 in Paris (France).

\***Radomski N.**, Cambau E., Moulin L., Haenn S., Moilleron R. and F.S. Lucas. Detection of non-tuberculous mycobacteria in surface water: Comparison of culture methods (EN, FR): 30<sup>th</sup> annual congress of the european society of mycobacteriology: July 5 to 8, 2009 in Porto (Portugal) and 11<sup>th</sup> French day of mycobacteriology: October 15 to 16, 2009 in Bandol (France).

\*Lucas F.S., **Radomski N.**, Cambau E., Moulin L., Haenn S. and R. Moilleron. Quantification of non-tuberculous mycobacteria in surface water (FR): Development of molecular markers: Annual congress of the european society of mycobacteriology: July 5 to 8, 2009 in Porto (Portugal).

\***Radomski N.**, Haenn S., Moilleron R., Lucas F.S., Cambau E. and L. Moulin. Development of molecular biology method for quantification of non-tuberculous mycobacteria in surface water (FR): Congress of the international research program about water of Seine river: February 5 to 6, 2009 in Paris (France).

\* Atti del Congresso (n=8). ‡Conferenze su invito per congressi internazionali (n=7). # Premio Congresso (n=2).

### Capitolo di libro

van Meer F., van der Velden B. and M. Takeuchi (acknowledgment **Nicolas Radomski**). Artificial Intelligence for food safety – A literature synthesis, real-world applications and regulatory frameworks (2025) Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, Italy (Ed.), 88, ISBN 978-92-5-140196-5, doi. 10.4060/cd7242en

**Radomski N.**, Moilleron R., Lucas F.S. e J.O. Falkinham III. Challenges in environmental monitoring of pathogens: Case study in *Mycobacterium avium* (2011) Current Research, Technology and Education Topics in Applied Microbiology and Microbial Biotechnology (In.), A. Méndez-Vilas (Ed.), (2), 1551-1561.

### Brevetti

Cadel-Six S., Felten A., Fach P., Guillier L., **Radomski N.**, Mistou M.Y. and R. Lailier. ANSES - Food safety laboratory (Unit SEL / Team GAMeR / Platform IdentityPath). Algorithms of specific and sensitive kmer selection at the genomic scale and *in vitro* check of molecular targets by real-time PCR for identification of Salmonella serovars. 2018 (under review).

### Premi

- |      |   |
|------|---|
| 2014 | <b>Ingresso per congresso</b> (Montreal, Canada): Centro internazionale di tubercolosi a McGill: (Orale, 18/06/2014) e iniziativa per la salute globale (Poster, 03/11/2014). |
| 2012 | <b>Tesi di dottorato classificata tra le 48 migliori tesi del 2011</b> (Parigi, Francia): Paris Institute of Technology (ParisTech), University Paris-Est (UPE).              |

## CONTATTI E REFERENZE

|                            |              |                                |                |
|----------------------------|--------------|--------------------------------|----------------|
| Dott. Michel-Yves Mistou   | INRAE-ANSES  |                                |                |
| Dott. Mahendra Mariadassou | INRAE        | Dott.ssa Emmanuelle Cambau     | AP-HP          |
| Dott.ssa Hélène Chiapello  | INRAE        | Dott.ssa Maria Laura Boschioli | ANSES-UZB      |
| Dott. Philippe Velge       | INRAE        | Dott. Joseph O. Falkinham      | VirginiaTech   |
| Dott. Marcel A. Behr       | RI MUHC      | Dott. Franck Biet              | INRAE-UR1282   |
| Dott. Michael B. Canna     | RI MUHC      | Dott.ssa Cécile Rousseau       | IUT UPEC       |
| Dott. Christophe Sola      | Paris Sud    | Françoise Odelin               | IUT UPEC       |
| Dott. Régis Moilleron      | LEESU        | Dott.ssa Graziella Bourdin     | ANSES-LSAL     |
| Dott.ssa Françoise Lucas   | LEESU        | Jean-Pierre Vincent            | IPL-CTM-SERMHA |
| Dott. Laurent Moulin       | Eau de paris | Dott. David Corroler           | ERPCB          |

Autorizzo il trattamento dei dati personali contenuti nel mio curriculum vitae in base all'art. 13 del D. Lgs. 196/2003 e all'art. 13 del Regolamento UE 2016/679 relativo alla protezione delle persone fisiche con riguardo al trattamento dei dati personali. Curriculum reso sotto forma di dichiarazione sostitutiva di atto di notorietà, ai sensi degli artt. 46 e 47 del D.P.R. 445/2000 (si allega fotocopia documento di identità valido). Consapevole, secondo quanto prescritto dall'art. 76 del D.P.R. 445/2000, della responsabilità penale cui può andare incontro in caso di dichiarazione mendace, falsità negli atti ed uso di atti falsi, il sottoscritto dichiara sotto la propria responsabilità quanto riportato nel presente curriculum



Nicolas Radomski  
05 Dicembre 2025