

Curriculum vitae

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome **Mauro Truglio**
Telefono
E-mail
Data di nascita

OBIETTIVI

Esperto in programmazione Python, bioinformatica, biostatistica, analisi dati, sviluppo full-stack applicazioni e gestione database. Il mio obiettivo è apportare, tramite la mia creatività e abilità di problem solving, un contributo sostanziale nei settori della ricerca e sviluppo in ambito accademico o privato, continuando al contempo ad affinare ed accrescere le mie capacità.

ESPERIENZA LAVORATIVA

• Date (da - a) Settembre 2022 – Oggi
• Tipo di impiego **Responsabile Bioinformatica/Biostatistica** presso IFO San Gallicano, Laboratorio di Microbiologia e Virologia

- Responsabile per lo sviluppo full-stack di tutti i processi bioinformatici
- Assembly e annotazione funzionale di ceppi batterici di interesse sanitario
- Analisi metagenomica di dati NGS
- Multivariate data analysis + ML modeling
- Sviluppo e manutenzione di DB + webserver associati
- Attività di insegnamento (seminari, workshops, tesi)
- Ricerca, stesura articoli scientifici

Linguaggi e strumenti: Python, R, JavaScript, JASP

• Date (da - a) Maggio 2020 – Settembre 2022
• Tipo di impiego **Responsabile Bioinformatica/Biostatistica** presso IFO (Istituto San Gallicano)

- Gestione della bioinformatica di tutti i progetti di Lipidomica, Metabolomica e Metagenomica dell'Istituto
- Creazione pipeline e webserver user-friendly per le analisi più frequenti
- Analisi e modelli statistici avanzati
- Gestione infrastruttura informatica del Dipartimento, backup e sicurezza
- Management di bioinformatici junior e studenti
- Ricerca e scrittura articoli scientifici

Linguaggi e strumenti: Python, R, Matlab, Javascript, MongoDB, Docker

• Date (da - a) Novembre 2020 – Luglio 2023
• Tipo di impiego **Lead Bioinformatician** presso Altamedica SpA (Rovato, Italy)

- Sviluppo di pipeline proprietaria per Non Invasive Prenatal Testing (NIPT), totalmente automatizzata e basata su linee guida internazionali; creazione (training e testing) di metodi di machine learning per la predizione di sesso e aneuploidie; gestione dati e archivio
- Sviluppo della pipeline di analisi e reportistica per il progetto GeneFood®
- Sviluppo di una soluzione in-house per esecuzione e manutenzione pipeline utilizzando Galaxy
- Containerizzazione di tutti i processi in Docker

Linguaggi e strumenti: Python, R, Galaxy, Docker

• Date (da – a) • Tipo di impiego	<p>Maggio 2017 – Marzo 2020</p> <p>Full-Stack Lead Developer presso Istituto CSS Mendel</p> <ul style="list-style-type: none"> • Responsabile dello sviluppo full-stack di tutti i progetti dell'Istituto (coding, testing, integrazione, packaging, deployment, styling). Tra i webserver più recenti, <u>Millwright</u>, <u>Inca</u>, <u>Pyntable</u>. • Sviluppo e manutenzione pipeline per analisi dati • Sviluppo in Ansible di una nuova infrastruttura Galaxy coerente su HPC (Singularity + Slurm) per consentire agli utenti dell'intero Istituto di poter utilizzare la pipeline di analisi principale. • Gestione di tutti i progetti di Metagenomica dell'Istituto • Manutenzione sistemi e pipeline esistenti. • Management di sviluppatori junior e studenti. • Insegnamento (seminari, workshop) per l'intero team di Bioinformatica. • Ricerca e scrittura articoli scientifici. <p>Linguaggi e strumenti: Python, R, Javascript, MongoDB, PostgreSQL, Singularity, Ansible, Slurm, Galaxy.</p>
• Date (da – a) • Tipo di impiego	<p>Agosto 2016 – Maggio 2017</p> <p>Bioinformatician presso Instituto Gulbenkian de Ciência (Lisbona, Portogallo)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Sviluppo di una nuova infrastruttura Galaxy (inclusa creazione di strumenti software e interfacce) per consentire agli utenti wet-lab dell'intero istituto di poter utilizzare i più aggiornati strumenti bioinformatici. • Supporto e collaborazione in progetti di Metagenomica e RNA-seq. • Manutenzione sistemi e pipeline esistenti. • Insegnamento (seminari, workshop) • Ricerca e sviluppo. <p>Software e linguaggi: Python, R, Galaxy.</p>
• Date (da – a) • Tipo di impiego	<p>Novembre 2012 – Luglio 2016</p> <p>Bioinformatician at Massey Genome Services for NZGL (Palmerston North, Nuova Zelanda).</p> <ul style="list-style-type: none"> • Analisi bioinformatica di dati NGS provenienti da Illumina MiSeq e HiSeq utilizzando sia strumenti proprietari Illumina che software creato dalla Massey University, e da me riscritto, potenziato e ottimizzato (ad esempio http://solixata.sourceforge.net/ per il Quality Check). Partecipato come speaker a vari workshop e seminari sul territorio nazionale, fornendo training in ambito Genomica, Metagenomica, Variant Detection e RNA-seq. • Sviluppo dell'interfaccia laboratorio/cliente, elaborazione preventivi per ogni analisi richiesta e report per il cliente ad analisi completata. • Storage di dati sensibili (sequenze e risultati) e setup del laboratorio di bioinformatica. • Collaborazione e co-authorship in qualità di bioinformatico in vari progetti (livello PhD e postdoc), tutti pubblicati o in fase di pubblicazione. • Sviluppo di un modello OpenSim di colonna lombosacrale cervina per la Australia & New Zealand Association of Clinical Anatomists (<i>Conference Paper in Published Proceedings</i>) <p>Software e linguaggi: Python, C++, MySQL, Perl, R</p>
• Date (da – a) • Tipo di impiego	<p>Maggio 2012 – Ottobre 2012</p> <p>Analista Bioinformatico presso l'Università di Roma "Tor Vergata".</p> <ul style="list-style-type: none"> • Progettazione ed esecuzione di analisi RNASeq (utilizzando la pipeline Tophat-Cufflinks-DeSeq) e Variant Detection a scopo diagnostico (pipeline Bowtie2-SAMtools/GATK). • Statistica, database e grafici. <p>Software e linguaggi: R, MySQL, Python, Perl.</p>

<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Tipo di impiego 	<p>Marzo 2012 – Maggio 2012</p> <p>Consulente informatico per il Laboratorio di Fisiopatologia Cutanea dell' Istituto Dermatologico San Galliciano (ISG) di Roma.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Programmazione, analisi statistica ed elaborazione dati da spettrometri di massa (provenienti da Agilent TDF e Triple Quadrupole LC/MS, tramite i software Agilent MassProfiler e MassHunter) per progetti di lipidomica. • Creazione di DB relazionali in MySQL. • Realizzazione dashboard in Python per analisi e interrogazione del DB stesso • Implementazione script in R per analisi statistica multivariata. <p>Software e linguaggi: MySQL, Python, R, Excel, MySQL Workbench for LINUX.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Tipo di impiego 	<p>2010/2011</p> <p>Vincitore della borsa di studio B/11/10 "Analisi strutturali di proteine coinvolte in patologie umane" presso il Dipartimento di Scienze Biochimiche "A. Rossi Fanelli", Università di Roma "Sapienza".</p> <ul style="list-style-type: none"> • Attività di ricerca svolta presso il Centro di Bioinformatica Molecolare dell'Università di Roma "Tor Vergata": programmatore/ricercatore. Progetto presentato al BITS 2011 (link) e BITS 2012, e nell'ambito del progetto europeo Leishdrug – Neglected Protozoan Diseases (link). Programmazione, testing, data management, procedure di docking tramite l'utilizzo delle suite GOLD e Autodock, reverse engineering di software open source, supervisione studenti. <p>Software e linguaggi: Python, MySQL, R.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Tipo di impiego 	<p>2005/2010</p> <p>Realizzazione siti internet per varie aziende e attività a Roma e provincia.</p> <p>Software e linguaggi: HTML, Flash, PHP, MySQL.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Tipo di impiego 	<p>1998/2012</p> <p>Manutenzione e riparazioni PC a livello hardware e software nelle provincie di Roma.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Tipo di impiego 	<p>2003/2010</p> <p>Lezioni private per ragazzi di scuola elementare, media, superiore</p>

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>A.A. 2023/2024 – in corso</p> <p>PhD Student - Biologia Cellulare e dello Sviluppo XXXIX Ciclo, Dipartimento di Biologie e Biotecnologie C. Darwin, Università di Roma "Sapienza"</p> <p>"Comprehensive genomic analysis and bacterial virulence factors affecting antibiotic resistance of <i>Klebsiella pneumoniae</i> lineages in onco-hematological patients"</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>A.A. 2008/2009 – A.A. 2009/2010</p> <p>Laurea Magistrale in Bioinformatica con la votazione di 110/110 e lode presso l'Università degli studi Alma Mater di Bologna, con tesi sperimentale intitolata "Local structure similarity within protein binding pockets as a tool to infer their ability to bind specific functional groups in ligands", svolta presso il Centro di Bioinformatica Molecolare – Università di Roma Tor Vergata</p> <p>Eccellente preparazione in Informatica (programmazione, algoritmi e strutture dati, hardware), Bioinformatica e Segnali Biologici. Utilizzo dei principali database biomedici in rete (Pubmed, Uniprot, Protein Data Bank), Biofisica, Epigenetica, Nanobiotecnologie, Neuroscienze cognitive, Biologia Computazionale</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio 	<p>A.A. 2003/2004 – A.A. 2006/2007</p> <p>Laurea di Primo Livello in Ingegneria Clinica presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", con tesi sperimentale intitolata "Valutazione dell'applicabilità dell'analisi non lineare (RQA) al segnale R-R in risposta ad uno stimolo pressorio", svolta presso il Dipartimento di Fisiologia</p> <p>Meccanica, Elettrotecnica, Elettronica, Idraulica, Automazione e Controlli. Progettazione e implementazione di sistemi informatici di gestione dell'informazione clinica. Gestione sicura, appropriata ed economica delle tecnologie e delle apparecchiature in ambito clinico. Valutazione, installazione, manutenzione,</p>

adeguamento della strumentazione e delle attrezzature in uso nei servizi sanitari e collaborazione con gli operatori sanitari nell'utilizzo di metodologie ingegneristiche per la soluzione di problemi clinici e gestionali

- Data (da - a)
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

1997/2002

Maturità scientifica conseguita con la votazione 100/100

CERTIFICATI E CONFERENZE

- Microbiome WGS test on Gridion Oxford Nanopore platform, ottenuto il 28/02/2024
- Formazione generale salute e sicurezza sul lavoro per lavoratori ed equiparati, ottenuto il 22/03/2024
- Machine Learning by IBM. Certificato ottenuto il 20 Marzo 2020
- Inferential Statistics by Duke University on Coursera. Certificato ottenuto il 21 Settembre 2016
- Introduction to Probability and Data by Duke University on Coursera. Certificato ottenuto il 15 Giugno 2016
- PM16 - Precision medicine workshop - Settembre 2016
- ILLUMINA Seminar - MiSeq Sequencer & RNA-Seq (Rome, June 2012)
- BITS 2011
- KAUST Workshop on Quantitative Biology, Rome 2011
- Leishdrug meeting, Rome 2011
- Bologna International Winter School 2009 meetings

PUBBLICAZIONI

- Truglio M, Sivori F, Cavallo I, Abril E, Lioursi V, Fabrizio G, Cardinali G, Pignati M, Toma L, Valensise F, Cristaudo A, Pimpinelli F, Di Domenico E.G. *Modulating the skin microbiome-bacteriome and treating seborrheic dermatitis with a probiotic-enriched oily suspension*. *Sci Rep*. 2024, 14(1), 2722
- Fiori E, Mosca S, Kovacs D, Briganti S, Ottaviani M, Mastrofrancesco A, Truglio M, Picardo M. *Skin Anti-inflammatory Potential with Reduced Side Effects of Novel Glucocorticoid Receptor Agonists*. *Int J Mol Sci*. 2024, 25(1), 267
- Binaymollah R, Hajareh Haghghi F, Di Domenico E.G, Sivori F, Truglio M, Del Giudice A, Fratoddi I, Chronopoulou L, Palocci C. *Biosynthesis of Peptide Hydrogel-Titanium Nanoparticle Composites with Antibacterial Properties*. *Gels* 2023 9(12), 940
- Cavallo I, Oliva A, Pages R, Sivori F, Truglio M, Fabrizio G, Pasqua M, Pimpinelli F, Di Domenico E.G. *Acinetobacter baumannii in the critically ill: complex infections get complicated*. *Front Microbiol*. 2023, 14, 1226616
- Fiori E, Mosca S, Cardinali G, Briganti S, Ottaviani M, Kovacs D, Manzi I, Truglio M, Mastrofrancesco A, Zaccarini M, Cota C, Piaggio G, Picardo M. *The Activation of PPAR γ by (2Z,4E,6E)-2-methoxyocta-2,4,6-trienoic Acid Counteracts the Epithelial-Mesenchymal Transition Process in Skin Carcinogenesis*. *Cells*. 2023 Mar 24;12(7):1007. doi: 10.3390/cells12071007.
- Cavallo I, Sivori F, Truglio M, De Maio F, Lutantoni F, Cardinali G, Pontone M, Bernardi T, Sanguinetti M, Capitano B, Cristaudo A, Ascenzioni F, Morrone A, Pimpinelli F, Di Domenico EG. *Skin dysbiosis and Cutibacterium acnes biofilm in inflammatory acne lesions of adolescents*. *Sci Rep*. 2022 Dec 6;12(1):21104. doi: 10.1038/s41598-022-25436-3.
- Papaccio F, Bellai B, Ottaviani M, D'Arno A, Truglio M, Caputo S, Cigliana G, Sciuto L, Migliano E, Pacifico A, Iacovelli P, Picardo M *Cells-11 (22), 3583 A Possible Modulator of Vitiligo Metabolic Impairment: Rethinking a PPAR γ Agonist*. *Cells*. 2022 Nov 12;11(22):3583. doi: 10.3390/cells11223583
- Kovacs D, Bastonini E, Briganti S, Ottaviani M, D'Arno A, Truglio M, Sciuto L, Zaccarini M, Pacifico A, Cota C, Iacovelli P, Picardo M. *Altered epidermal proliferation, differentiation and lipid metabolism: a novel key element in the vitiligo puzzle*. *Sci Adv*. 2022 Sep 2;8(35):eabn9299. doi: 10.1126/sciadv.abn9299.
- Sivori F, Cavallo I, Kovacs D, Guembe M, Sperutti I, Truglio M, Pasqua M, Frignano G, Mastrofrancesco A, Toma L, Pimpinelli F, Morrone A, Ensolì F, Di Domenico EG. *Role of Extracellular DNA in Dalbavancin Activity against Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (MRSA) Biofilms in Patients with Skin and Soft Tissue Infections*. *Microbiol Spectr*. 2022 Apr 27;10(2):e0035122. doi: 10.1128/spectrum.00351-22.
- Briganti S, Truglio M, Argiofillo A, Lombardo S, Laccetti D, Camera E, Picardo M, Di Costanzo A. *Application of Sebium Lipidomics to Biomarkers Discovery in Neurodegenerative Diseases*. *Metabolites*. 2021 Nov 29;11(12):818. doi: 10.3390/metabo11120818.

- D'Arino A, Picardo M, Truglio M, Pacifico A, Iacovelli P. Metabolic Comorbidity in Vitiligo: A Brief Review and Report of New Data from a Single-Center Experience. *Int J Mol Sci.* 2021 Aug 17;22(16):8820. doi: 10.3390/ijms22168820.
- Okoro OE, Adenle A, Ludovici M, Truglio M, Marini F, Camera E. Lipidomics of facial sebum in the comparison between acne and non-acne adolescents with dark skin. *Sci Rep.* 2021 Aug 16;11(1):16591. doi: 10.1038/s41598-021-96043-x.
- Cardinal G, Fiori E, Mastrofrancesco A, Mosca S, Ottaviani M, Dell'Anna ML, Truglio M, Vento A, Zaccarini M, Zouboulis CC, Picardo M. Anti-inflammatory and Pro-Differentiating Properties of the Aryl Hydrocarbon Receptor Ligands NPD-0614-13 and NPD-0614-24: Potential Therapeutic Benefits in Psoriasis. *Int J Mol Sci.* 2021 Jul 13;22(14):7501. doi: 10.3390/ijms22147501
- Singh S, Thompson JA, Weis S, Sobral D, Truglio M, Yilmaz B, Rebelo S, Cardoso S, Soares MP (2020) Loss of e-gal during primate evolution enhanced antibody-effector function and resistance to bacterial sepsis. *Cell Host Microbe.* 2021 Mar 10;29(3):347-361.e12. doi: 10.1016/j.chom.2020.12.017.
- Parca L, Truglio M, Biagini T, Castellana S, Petrizzelli F, Capoccefalo D, Carella M, Mazza T (2020). *Pyntacle: a parallel-computing-enabled framework for large-scale network biology analysis.* *GigaScience*, Volume 9, Issue 10, October 2020, gisa115. <https://doi.org/10.1093/gigascience/gia115>
- Giuffrida MG, Mastromoro G, Guida V, Truglio M, Fabbretti M, Torres B, Mazza T, De Luca A, Ruggini M, Bernardini L, Pizzulli A (2020). A new case of SMARF2 diagnosed in stillbirth expands the prenatal presentation and mutational spectrum of ASCC1. *Am J Med Genet A.* 2020 Mar;182(3):508-512. doi: 10.1002/ajmg.a.61431
- Genov N, Castellana S, Scholkmann F, Capoccefalo D, Truglio M, Rosali J, Turco EM, Biagini T, Carbone A, Mazza T, Relógio A, Mazzocchi G (2019). A Multi-Layered Study on Harmonic Oscillations in Mammalian Genomics and Proteomics. *Int J Mol Sci.* 2019 Sep 17;20(18). pii: E4585. doi: 10.3390/ijms20184585
- Biagini T, Petrizzelli F, Truglio M, Cespa R, Barbieri A, Capoccefalo D, Castellana S, Tevy MF, Carella M, Mazza T (2019). Are Gaming-Enabled Graphic Processing Unit Cards Convenient for Molecular Dynamics Simulation? *Evol Bioinform Online.* 2019 May 22;15:1176934319850144. doi: 10.1177/1176934319850144.
- Zhang N, Wheeler D, Truglio M, Lazzarini C, Uprichard J, McKinney W, Rogers K, Pritano A, Tortorano AM, Cannon RD, Broadbent RS, Roberts S, Schmid J (2018). Multi-Locus Next-Generation Sequence Typing of DNA Extracted From Pooled Colonies Detects Multiple Unrelated *Candida albicans* Strains in a Significant Proportion of Patient Samples. *Front Microbiol.* 2018 Jun 5;9:1179. doi: 10.3389/fmicb.2018.01179.
- Schmid J, Day R, Zhang N, Dupont PY, Cox MP, Schard CL, Minerds N, Truglio M, Moore N, Harris DR, Zhou Y (2017). Host tissue environment directs activities of an *Epichloë* endophyte, while it induces systemic hormone and defense responses in its native perennial ryegrass host. *Molecular Plant-Microbe Interactions.* 30(2): 138-149.
- Schwartz S, Truglio M, Scott MJ, Fitzsimons HL (2016). Long-Term Memory in *Drosophila* Is Influenced by Histone Deacetylase HDAC4 Interacting with SUMO-Conjugating Enzyme Ubc9. *Genetics* 203(3):1249-64.
- Parca L, Gherardini PF, Truglio M, Mengone I, Ferré F, Helmer-Citterich M, Ausiello G. (2012) Identification of nucleotide-binding sites in protein structures: a novel approach based on nucleotide modularity. *PLoS One.* 2012;7(11):e50240. doi:10.1371/journal.pone.0050240.

CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI

PRIMA LINGUA

Italiano, Inglese

ALTRE LINGUE

Inglese parlato fluentemente.
Portoghese e Francese buon livello scritto e orale.

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

INGLESE

Madrelingua

Madrelingua

Madrelingua

PORTOGHESE

Buono

Buono

Buono

FRANCESE

Basso

Basso

Basso

CAPACITÀ E COMPETENZE RELAZIONALI	Eccellente capacità di organizzazione, training e coordinazione di personale. Spiccata attitudine al teamwork e elevata capacità di lavorare per obiettivi e scadenze.
CAPACITÀ E COMPETENZE ORGANIZZATIVE	Eccellente capacità organizzativa e gestionale, ottima autonomia sul posto di lavoro. Eccellente capacità di problem-solving, e velocità nell'apprendere nuove mansioni. Disponibilità per spostamenti.
CAPACITÀ E COMPETENZE TECNICHE	Eccellente preparazione in Informatica, Bioinformatica, statistica e segnali biologici. Buona preparazione in Meccanica, Elettrotecnica, Elettronica, Idraulica, Automazione e Controlli.
	Informatica <ul style="list-style-type: none"> • Linguaggi di programmazione: Python, Javascript, Bash, C, C++, PHP, Flash, AnyScript, Matlab (base), Perl (base), Labview (base). • Web development: Flask, Django, JavaScript/jQuery, CSS, front-end JS Frameworks e HTML5 • HPC and containers: Slurm, Singularity, Docker • DB: MongoDB, PostgreSQL, MySQL. • Packaging: pip, Anaconda • Versioning: Git, Mercurial • Sistemi operativi: Windows, UNIX, Mac OS • Office suites: Microsoft Office, Openoffice • CMS platforms: Drupal, Joomla, Wordpress • Utilizzatore esperto di Adobe CC suite (Photoshop, Illustrator, Premiere, InDesign, SoundBooth) • Eccellenti capacità di problem solving a livello hardware e software. Conoscenza tecnologie LAN/WAN con esperienza di amministrazione sistemi su piattaforme Windows e Unix.
	Bioinformatica <ul style="list-style-type: none"> • NGS: vasta esperienza in de novo assembly, metagenomica, SNP calling, annotazione e RNA-Seq. Lavoro con i più importanti e aggiornati programmi e pipeline open-source. Vasta esperienza nella gestione e troubleshooting di sequenziatori MSeq, HiSeq, 454 e Ion Torrent, Oxford Nanopore. • Strutture proteiche: esperienza pluriennale in 3D protein structural modeling, analisi e rappresentazione usando Python. Uso estensivo di software di visualizzazione come Pymol e UCSF Chimera, modificandone il codice quando necessario. Uso estensivo di software per il molecular docking (GOLD, Autodock, Dock). • Statistica: analisi mono e multivariate, machine learning. • Database: NCBI, PDB, UniProt, Ensembl, GO, Coniig, dbSNP and others • Sviluppatore Galaxy • Sviluppatore Illumina BaseSpace • Esperienza nell'uso di Support Vector Machines per analisi di sequenze proteiche e bond prediction.
ALTRE CAPACITÀ E COMPETENZE	<p>Dal 2002 suono il basso in diversi gruppi, con molte esperienze dal vivo. Mi diletto a scrivere (ho collaborato alla stesura dell'Almanacco Luzzati della Nuova satira Italiana 2010), e a costruire i miei strumenti musicali sia per quanto riguarda la parte elettronica che quella acustica.</p> <p>Ex Aletta agonista a livello nazionale nel settore del tennis (1995-2000); collaboratore del centro di cultura Indo-Vedica "Bibliothé".</p> <p>Appassionato di Storia.</p> <p>Fondatore, sviluppatore e designer della piattaforma social RateYourFlat (2014, venduto) per la recensione di case in affitto.</p> <p>Diploma di Cuoco Professionista ottenuto in Luglio 2011.</p>
PATENTE O PATENTI	A - B
REFERENZE	<p>Murray P. Cox, PhD (Associate Professor & Deputy Head of School of Fundamental Sciences, Massey University) E-Mail: M.P.Cox@massey.ac.nz</p> <p>Daniel Sobral (Head of Bioinformatics Lab, IGC, Lisbon), E-Mail: dy.sobral@fc.uln.pt</p> <p>Manuela Helmer-Citterich (Professora Ordinaria, Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata"), E-Mail: citterich@gmail.com, citterich@uniroma2.it</p>

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali".

