

CURRICULUM VITAE



Cognome e Nome

Santin Aurora

Esperienza lavorativa

• Data (da – a)	16 Luglio 2024 - presente
• Istituto	Istituto IRCCS materno-infantile “Burlo Garofolo”
• Posizione occupata	Borsista (Borsa di studio "senior"). Progetto: PNRR-MR1-2022-12376811 “Implementation of a standardized workflow for a more effective management and care of patients with syndromic and isolated intellectual disability”.
• Data (da – a)	Novembre 2021 - presente
• Istituto	Università degli Studi di Trieste
• Campo	Genetica Molecolare
• Posizione occupata	Dottorato in Scienze della Riproduzione e dello Sviluppo
• Principali mansioni e responsabilità	Ambito: Bioinformatica e biostatistica. Attivamente coinvolta in progetti di ricerca aventi lo scopo di identificare e studiare nuovi geni e varianti alla base di tratti e patologie multifattoriali. Mansioni principali: - Analisi di dati di Sequenziamento di Nuova Generazione (NGS), SNP arrays, esecuzione ed analisi di studi di Associazione sull'Intero Genoma (GWAS) e Trascrittoma (TWAS), analisi di pathway <i>in-silico</i>. - Collaborazione con consorzi internazionali.
• Data (da – a)	Settembre 2020 – Settembre 2021
• Istituto	SOSI Tumori Gastrointestinali e Sarcomi, Centro di Riferimento Oncologico (CRO)-IRCCS di Aviano (Pordenone)
• Campo	Ricerca clinica oncologica
• Posizione occupata	Data Manager
• Principali mansioni e responsabilità	- Data Manager di studi clinici controllati. - Data Manager per il Team Multidisciplinare e Multiprofessionale “Sarcomi e Tumori Rari”. - CPMS key user (Piattaforma EURACAN)
• Data (da – a)	Marzo 2019 – Marzo 2020
• Istituto	“Laboratorio Nazionale Del Consorzio Interuniversitario Per Le Biotecnologie (LNCIB)”, Area Science Park, Padriciano (Trieste)
• Campo	Biologia molecolare
• Posizione occupata	Tirocinio formativo
• Principali mansioni e responsabilità	Tirocinio formativo nell'ambito di un progetto di ricerca volto a caratterizzare il ruolo della prolil-isomerasi Dodo/Pin1 nella regolazione della compattazione della cromatina e dell'integrità dell'involucro nucleare, in risposta allo stress meccanico, utilizzando modelli animali (<i>Drosophila melanogaster</i> e <i>Mus musculus</i>).
• Data (da – a)	Ottobre 2016 – Ottobre 2017
• Istituto	Laboratorio di Farmacologia e Farmacogenomica, Fondazione Callerio, Università degli Studi di Trieste

• Campo	Farmacologia e Farmacogenomica
• Posizione occupata	Tirocinio formativo
• Principali mansioni e responsabilità	Tirocinio nell'ambito di un progetto di ricerca finalizzato all'identificazione di long noncoding RNA come potenziali marcatori per studiare il metabolismo dei glucocorticoidi e il loro ruolo nell'insorgenza della resistenza alle terapie steroidee.

Istruzione e formazione

• Data (da – a)	Ottobre 2017 – Marzo 2020
• Istituto	Università degli Studi di Trieste
• Qualifica ottenuta	Laurea Magistrale in Genomica Funzionale (LM-06) Voto finale: 110/110 e lode. Titolo della tesi: "Role of the prolyl-isomerase Dodo/PIN1 in maintaining nuclear envelope structure in <i>Drosophila melanogaster</i> "
• Data (da – a)	Ottobre 2014 – Ottobre 2017
• Istituto	Università degli Studi di Trieste
• Qualifica ottenuta	Laurea Triennale in Scienze e Tecnologie Biologiche, Indirizzo Biotecnologie (L-2) Voto finale: 110/110 e lode. Titolo della tesi: "Liquid biopsy and breast cancer: identification of molecular targets and quantification with ddPCR "
• Data (da – a)	Settembre 2009 – Luglio 2014
• Istituto	Liceo scientifico "XXV Aprile", Portogruaro (VE)
• Qualifica ottenuta	Diploma di maturità scientifica (Indirizzo Piano Nazionale Informatica) Voto finale: 98/100

Capacità linguistiche

Madrelingua	Italiano
-------------	-----------------

Altre lingue

	Inglese
• Comprensione	B2
• Lettura	B2
• Scrittura	B2
• Parlato	B2

Competenze informatiche, bioinformatiche	Software per analisi bioinformatiche: <i>Samtools, Bcftools, Vcf-tools.</i> Software per esecuzione e analisi di Studi di Associazione sull'Intero Genoma: plink, plink2, GEMMA, GEM, MMAP, MAGEE, REGENIE. Software per esecuzione e analisi di Studi di Associazione sull'Intero Trascrittoma: FUSION. Software per analisi di pathway <i>in silico</i>: Ingenuity Pathway Analysis software. Linguaggi di Programmazione; R (http://cran.r-project.com), bash, awk. Conoscenza base di: Python, C, C++, Java. Sistemi operativi Ms Windows, Unix-Like, Mac Os. Database management Excel, RedCap, BCPlatform. Utilizzo di motori di ricerca specifici e database: PubMed, Genome Browser, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART), EMBL-EBI, gEAR, NCBI.
---	---

Competenze di laboratorio	Modelli animali <i>Drosophila melanogaster</i>: cura e mantenimento linee (incroci, selezione progenie). Dissezioni di cervelli, ovari e fat bodies. Saggi di immunofluorescenza <i>whole-mount</i> su cervelli e ovari. Preparazione di campioni di RNA e proteine. <i>Mus musculus</i>: dissezione di organi e tessuti. Tecniche di biologia molecolare Estrazione RNA totale, qRT-PCR, SDS PAGE, Western Blot (Wet electroblotting and Semi-dry electroblotting), saggi di immuno- (IP) e co-immuno (co-IP) precipitazione, saggi di immunofluorescenza.
Reti e associazioni di appartenenza	Membro della Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) da Luglio 2023
Certificazioni	08/2022: QIAGEN IPA Certified Analyst, conseguito al termine del corso "Summer2022 QIAGEN ingenuity pathway analysis (IPA) Training and Certification Course" 11/05/2021: Basic Life Support Defibrillation per non sanitari (BLSD), Italian Resuscitation Council (IRC) (n°671147). 19/01/2021: ICH Good Clinical Practice R6 (E2), The Global Health Network 03/2014: Cambridge English First Certificate, Oxford School di Venezia
Premi e riconoscimenti	2024: Premio "Giuseppe Pilia" per il Miglior contributo orale sulle Malattie Complesse, conseguito presso il XXVII Congresso Nazionale della Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) (Padova). 2022: Premio "Giuseppe Pilia" per il Miglior contributo orale sulle Malattie Complesse, conseguito presso il XXV Congresso Nazionale della Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) (Trieste). 2014: Premio ROTARY Club Portogruaro (Borsa di studio)
Correlatore di tesi	2022: Correlatore di Tesi Triennale dal titolo "Endometriosis disease: novel genetic insights on a deeply clinical characterized Italian cohort". Corso di laurea in Scienze e Tecnologie Biologiche (L-2), Università degli Studi di Trieste.
Congressi e Convegni nazionali e internazionali - presentazioni orali	- XXV Congresso Nazionale della Società Italiana di Genetica Umana (SIGU), Trieste, 2022 Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Spedicati B, Morgan A, Persichillo M, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. "Normal Hearing Function (NHF) and Age-Related Hearing Loss (ARHL): new candidate genes identification from Genome-Wide Association Studies (GWAS) in Moli-sani cohort". (Podium presentation C10). - Symposium and 57th Inner Ear Biology Workshop (IEB), Trieste, 2022 Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Spedicati B, Morgan A, Persichilli M, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. "Deepening the genetics of hearing: Genome-wide Association Studies (GWAS) on Moli-sani cohort". (Podium presentation id161). - XXVII Congresso Nazionale della Società Italiana di Genetica Umana (SIGU), Padova, 2024 Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Pecori A, Spedicati B, Morgan A, Persichillo M, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. "Age-Related Hearing Loss (ARHL) genetics at a corner: a GWAS meta-analysis on Italian cohorts" (Podium presentation C22)
Congressi e convegni nazionali e internazionali - presentazioni di poster	Santin A, Tesolin P, Spedicati B, Zito G, Romano F, Morgan A, Concas MP, Ricci G, Girotto G. "Shedding light on Endometriosis (EM) disease: Whole Exome Sequencing (WES) and new genes discovery in a fully clinical characterized Italian cohort." ESHG 2022; Vienna, Austria (Poster presentation). Santin A, Tesolin P, Spedicati B, Nardone GG, Zito G, Romano F, Di Lorenzo G, Morgan A, Concas MP, Ricci G, Girotto G. "Novel genetic insights into Endometriosis (EM) disease: the first Italian Whole-Exome sequencing (WES) study". SIGU 2022; Trieste, Italia (Poster presentation P099).

	3. Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Spedicati B, Morgan A, Persichillo M, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. “Puzzling out the genetic landscape of Hearing Function (HF): a combined approach of Genome-Wide Association Studies (GWAS) and Transcriptome-Wide Association Studies (TWAS)”. ESHG 2023; Glasgow, UK (Poster presentation). 4. Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Spedicati B, Morgan A, Persichillo M, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. “Hearing Function: a combined Approach of Genome-Wide Association Studies (TWAS) analysis”. IEB Meeting 2023; Londra, UK (Poster presentation). 5. Santin A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone GG, Camarda S, Stevens H, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Concas MP, Zito G, Ricci G, Girotto G. “Endometriosis (EM): still an unsolved genetic dilemma? Whole-Exome Sequencing (WES) analysis and gene discovery in a highly characterized cohort”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation). 6. Santin A, Lenarduzzi S, Nardone GG, Spedicati B, Morgan A, Persichillo MR, De Curtis A, Costanzo S, Gialluisi A, Iacoviello L, Gasparini P, Concas MP, Girotto G. “Hearing Function (HF) genetics: you have heard only a little about. Genome-Wide Association Studies (GWAS) meta-analyses and Transcriptome-Wide Association Studies (TWAS) analyses on Italian cohorts”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation). 7. Santin A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone GG, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Concas MP, Zito G, Ricci G, Girotto G. “Unravelling the genetic enigma of Endometriosis: novel insights and gene discovery on a deeply characterized cohort”. ASHG 2023; Washington, USA. 8. Santin A, Pecori A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone GG, Camarda S, Stevens H., Pianigiani G, Rosso L.E., Vinerbi E, Bon C, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Campisciano G, Zito G, Sanna S, Concas MP, Ricci G, Girotto G. “Connecting the dots of Endometriosis disease: the role of genetics, diet, and microbiome”. HGM 2024, Rome, Italy. 9. Santin A, Pecori A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone GG, Camarda S, Stevens H., Pianigiani G, Rosso L.E., Vinerbi E, Bon C, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Campisciano G, Zito G, Sanna S, Concas MP, Ricci G, Girotto G. “The molecular riddle of Endometriosis (EM) disorder: filling in the blanks between genetics, diet, and microbiome”. ESHG 2024, Berlin, Germany. 10. Santin A, Pecori A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone G.G, Camarda S, Stevens H, Pianigiani G, Rosso L.E, Vinerbi E, Bon C, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Campisciano G, Zito G, Sanna S, Concas M.P, Ricci G, Girotto G. “Inside-out Endometriosis disease: a 360°-degree view on clinics, genetics, microbiome and diet”. SIGU Padua; Italy.
--	---

Relatore a corsi, convegni	9 Novembre 2023: Relatore al “Convegno sulla Genealogia”, Trieste. Il Convegno è stato organizzato dall’Associazione Genealogica del Friuli-Venezia Giulia. Titolo della relazione: <i>“Entangled roots: quando genetica e genealogia si incontrano”</i> .
-----------------------------------	--

Abstract presentati a convegni e convegni nazionali e internazionali	• Morgan A, Lenarduzzi S, Spedicati B, Tesolin P, Santin A, Rubinato E, Girotto G. “Accurate clinical evaluation and high throughput technologies for the molecular characterization of hereditary hearing loss in a large cohort of Italian patients”. ESHG 2022, Vienna, Austria (Poster presentation). • Morgan A, Lenarduzzi S, Spedicati B, Nardone GG, Tesolin P, Santin A, Rubinato E, Girotto G. “Deep phenotyping and high throughput sequencing technologies for the molecular diagnosis of hereditary hearing loss in an Italian cohort of patients”. SIGU 2022; Trieste; Italia (Podium presentation C49). • Nardone GG, Concas MP, Santin A, Morgan A, Gasparini P, Battaglia-Parodi M, Girotto G. “Identifying missing pieces in Color Vision Defects (CVDs): a Genome-Wide Association Study (GWAS) in Silk Road populations”. SIGU 2022; Trieste, Italia (Poster presentation P385). • Nardone GG, Crudele F, Santin A, Morgan A, Concas MP, Girotto G. “Whole Genome Sequencing for the molecular diagnosis of Hearing Loss: overcoming the limits of Whole Exome Sequencing”. SIGU 2022; Trieste, Italia (Poster presentation P148).
---	---

- Tesolin P, Roesch S, Dossena S, Zampollo S, **Santin A**, Rubinato E, Brotto D, Morgan A, Girotto G. “Next-generation sequencing technologies to molecularly diagnose patients affected by Pendred syndrome-like symptoms”. SIGU 2022; Trieste, Italia (Poster presentation P122).
- Spedicati B, Nardone GG, Concas MP, Crudele F, Pecori A, **Santin A**, Tirelli G, Gasparini P, Morgan A, Boscolo-Rizzo P, Girotto G. “Unravelling the genetic bases of persistent olfactory dysfunction in COVID-19 patients: the psychophysical and molecular characterization of a large Italian cohort”. SIGU 2022; Trieste, Italia (Poster presentation P096).
- Spedicati B, Morgan A, Ambrosetti U, Garavelli L, Lenarduzzi S, Pelliccione G, Peluso F, **Santin A**, Gasparini P, Girotto G. “Dual molecular diagnosis in complex hearing loss patients: when a single gene is not enough”. IEB 2022; Trieste, Italia (Podium presentation id131).
- Nardone GG, Crudele F, **Santin A**, Morgan A, Concas MP, Girotto G. “Overcoming the limits of Whole Exome Sequencing: the application of Whole Genome Sequencing for the molecular diagnosis of Hearing Loss”. IEB 2022; Trieste, Italia (Poster presentation).
- Pecori A, Luppieri V, Spedicati B, **Santin A**, Schito R, Cadenaro M, Girotto G, Maria Pina Concas. “Genetic factors involved in bruxism: the first Genome-Wide Association Study (GWAS) in isolated populations from North-Eastern Italy”. ESHG 2023; Glasgow, UK (Poster presentation).
- Spedicati B, **Santin A**, Nardone GG, Lenarduzzi S, Rubinato E, Graziano C, Garavelli L, Miccoli S, Bigoni S, Morgan A, Girotto G. “Unveiling the genetic bases of Hereditary Hearing Loss (HHL): the application of a multistep diagnostic approach in a large Italian cohort”. ESHG 2023; Glasgow, UK (Poster presentation).
- Nardone GG, **Santin A**, Morgan A, Spedicati B, Concas MP, Girotto G. “Whole Genome Sequencing (WGS) for the molecular diagnosis of Hereditary Hearing Loss (HHL): the underestimated role of Structural Variants (SVs)”. ESHG 2023; Glasgow, UK (Poster presentation).
- Spedicati B, **Santin A**, Nardone GG, Lenarduzzi S, Paccagnella E, Rubinato E, Morgan A, Girotto G. “Unravelling the Genetic Bases of Hearing Loss: a Multistep and Integrative Approach in a Deeply Characterised Italian Cohort.” IEB Meeting 2023; Londra, UK (Poster presentation).
- Pecori A, Zampieri S, Luppieri V, Spedicati B., **Santin A**, Cadenaro M, Girotto G, Concas MP. “Exploring new genes and risk factors associated with bruxism in Italian samples”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation).
- Morgan A, Spedicati B, **Santin A**, Nardone GG, Lenarduzzi S, Paccagnella E, Rubinato E, Girotto G. “Unravelling the genetic bases of Hearing Loss (HL): deep phenotyping and high throughput sequencing technologies in an Italian Cohort of patients”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation).
- Nardone GG, Spedicati B, Pecori A, **Santin A**, Morgan A, Concas MP, Gasparini P, Boscolo-Rizzo P, Girotto G. “Whole Genome Sequencing (WGS) in a highly characterized Italian cohort: assessing the role of Loss of Function variants (LoF) in COVID-19 persistent chemosensory dysfunction”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation).
- Nardone GG, Andrioletti V, **Santin A**, Morgan A, Spedicati B, Concas MP, Limongelli I, Girotto G. “Structural Variation in short-read Whole Genome Sequencing (srWGS): towards a more accurate detection for clinical practice implementation”. SIGU meeting 2023; Rimini, Italia (Poster presentation).
- Nardone GG, Spedicati B, Pecori A, **Santin A**, Morgan A, Concas MP, Tirelli G, Gasparini P, Boscolo-Rizzo P, Girotto G. “Whole Genome Sequencing in COVID-19 persistent chemosensory dysfunction: a deep characterization of a highly selected Italian cohort”. ASHG 2023; Washington, USA (Poster presentation).
- Pecori A, Luppieri V, **Santin A**, Spedicati B, Zampieri S, Cadenaro M, Girotto G, Concas MP. “Investigation of environmental and genetic factors associated with bruxism in five genetically isolated populations from North-Eastern Italy”. HGM 2024; Rome, Italy (Poster presentation).
- Nardone GG, Andrioletti V, **Santin A**, Morgan A, Spedicati B, Concas MP, Limongelli I, Girotto G. “Optimizing Structural Variant Calling: towards a robust and reliable detection from Whole Genome Sequencing (WGS)”. HGM 2024; Rome, Italy (Podium presentation).
- Tesolin P, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Rubinato E, **Santin A**, Troian M, Marangoni D, Girotto G. “The Hidden Truth of Hereditary Hearing Loss: Gaining

	Insight into the genetic basis of Non-syndromic Mimics". IEB 2024; Warsaw. • Tesolin P, Nardone G.G, Pecori A, Troian M, Santin A, Rosso L.E, Pianigiani G, Spedicati B, Girotto G. "Whole genome sequencing (WGS) in Italian genetic isolates reveals a new CYP2D6 allele". SIGU 2024, Padua, Italy. • Nardone G.G, Andrioletti V, Santin A, Morgan A, Spedicati B, Troian M, Concas M.P, Limongelli I, Girotto G. "Structural Variant (SV) calling optimization: towards a robust and reliable detection from short read Whole Genome Sequencing (srWGS) data". SIGU 2024, Padua, Italy.
--	--

Pubblicazioni	1. Mega Vascular Cognitive Impairment and Dementia (MEGAVCID) consortium (including Santin A). A genome-wide association meta-analysis of all-cause and vascular dementia. <i>Alzheimers Dement.</i> 2024 Jul 24. doi: 10.1002/alz.14115. Epub ahead of print. PMID: 39046104. 2. Young WJ, van der Most PJ, Bartz TM, Bos MM, Biino G, Duong T, Foco L (including Santin A). Genome-Wide Interaction Analyses of Serum Calcium on Ventricular Repolarization Time in 125 393 Participants. <i>J Am Heart Assoc.</i> 2024 Sep 3;13(17):e034760. doi: 10.1161/JAHA.123.034760. Epub 2024 Aug 29. PMID: 39206732. 3. Agostinis C, Toffoli M, Zito G, Balduit A, Pegoraro S, Spazzapan M, Pascolo L, Romano F, Di Lorenzo G, Mangogna A, Santin A, Spedicati B, Valencic E, Girotto G, Ricci G, Kishore U, Bulla R. Proangiogenic properties of complement protein C1q can contribute to endometriosis. <i>Front Immunol.</i> 2024 Jun 25;15:1405597. doi: 10.3389/fimmu.2024.1405597. 4. Pecori A, Luppiieri V, Santin A, Spedicati B, Zampieri S, Cadenaro M, Girotto G, Concas MP. Clenching the Strings of Bruxism Etiopathogenesis: Association Analyses on Genetics and Environmental Risk Factors in a Deeply Characterized Italian Cohort. <i>Biomedicines.</i> 2024 Jan 28;12(2):304. doi: 10.3390/biomedicines12020304. PMID: 38397906. 5. Santin A, Spedicati B, Pecori A, Nardone GG, Concas MP, Piatti G, Menini A, Tirelli G, Boscolo-Rizzo P, Girotto G. The Bittersweet Symphony of COVID-19: Associations between TAS1Rs and TAS2R38 Genetic Variations and COVID-19 Symptoms. <i>Life (Basel).</i> 2024 Feb 3;14(2):219. doi: 10.3390/life14020219. PMID: 38398728. 6. Santin A, Spedicati B, Morgan A, Lenarduzzi S, Tesolin P, Nardone GG, Mazzà D, Di Lorenzo G, Romano F, Buonomo F, Mangogna A, Concas MP, Zito G, Ricci G, Girotto G. Puzzling Out the Genetic Architecture of Endometriosis: Whole-Exome Sequencing and Novel Candidate Gene Identification in a Deeply Clinically Characterised Cohort. <i>Biomedicines.</i> 2023 Jul 27;11(8):2122. doi: 10.3390/biomedicines11082122. PMID: 37626618. 7. Tesolin P, Santin A, Morgan A, Lenarduzzi S, Rubinato E, Girotto G, Spedicati B. Which Came First? When Usher Syndrome Type 1 Couples with Neuropsychiatric Disorders. <i>Audiol Res.</i> 2023 Dec 11;13(6):989-995. doi: 10.3390/audiolres13060086. PMID: 38131811. 8. Nardone GG, Spedicati B, Concas MP, Santin A, Morgan A, Mazzetto L, Battaglia-Parodi M, Girotto G. Identifying missing pieces in color vision defects: a genome-wide association study in Silk Road populations. <i>Front Genet.</i> 2023 Jun 9; 14:1161696. doi: 10.3389/fgene.2023.1161696. eCollection 2023. PMID: 37359372 Free PMC article. 9. Spedicati B, Santin A, Nardone GG, Rubinato E, Lenarduzzi S, Graziano C, Garavelli L, Miccoli S, Bigoni S, Morgan A, Girotto G. The Enigmatic Genetic Landscape of Hereditary Hearing Loss: A Multistep Diagnostic Strategy in the Italian Population. <i>Biomedicines.</i> 2023 Feb 24;11(3):703. doi: 10.3390/biomedicines11030703. PMID: 36979683 10. Luppiieri V, Pecori A, Spedicati B, Schito R, Pozzan L, Santin A, Girotto G, Cadenaro M, Concas MP. Odontostomatological Traits in North-Eastern Italy's Isolated Populations: An Epidemiological Cross-Sectional Study. <i>J Clin Med.</i> 2023 Apr 6;12(7):2746. doi: 10.3390/jcm12072746. PMID: 37048829 11. Spedicati B, Morgan A, Pianigiani G, Musante L, Rubinato E, Santin A, Nardone GG, Faletra F, Girotto G. Challenging Occam's Razor: Dual Molecular Diagnoses Explain Entangled Clinical Pictures. <i>Genes (Basel).</i> 2022 Nov 3;13(11):2023. doi: 10.3390/genes13112023. PMID: 36360260 12. Concas MP, Morgan A, Tesolin P, Santin A, Girotto G, Gasparini P. Sensory Capacities and Eating Behavior: Intriguing Results from a Large Cohort of Italian Individuals. <i>Foods.</i> 2022 Mar 2;11(5):735. doi:
----------------------	---

		10.3390/foods11050735.PMID: 35267368 13. Napoletano F, Ferrari Bravo G, Voto IAP, Santin A et. al. The prolyl-isomerase PIN1 is essential for nuclear Lamin-B structure and function and protects heterochromatin under mechanical stress. Cell Rep. 2021 Sep 14;36(11):109694. doi: 10.1016/j.celrep.2021.109694. PMID: 34525372
--	--	---

Patente di guida	B
-------------------------	---

Trieste, 14 Ottobre 2024

Curriculum ai fini della diffusione online.