

CURRICULUM VITAE
MARULLO LETIZIA, MSc

INFORMAZIONI PERSONALI

Cittadinanza: Italiana
Genere: Femminile
Lingue: Italiano (Lingua madre), Inglese (Fluente), Francese (Base)

EDUCAZIONE E IMPIEGHI ACCADEMICI

- Set 2013- Attualmente* **Tutor didattico in Biostatistica Avanzata.**
Supervisore: Dr. Andrea Benazzo
Dipartimento di Scienze della Vita e Biotechnologie, Università di Ferrara, Ferrara, Italia
- Mag 2013- Attualmente* **Visite di Ricerca** (una settimana ogni due mesi) al Wellcome Trust Centre for Human Genetics (Oxford, UK) e all'Imperial College di Londra (London, UK) per la realizzazione di un progetto che riguarda lo studio dell'impatto di effetti pleiotropici delle varianti del DNA associate a Diabete di Tipo 2 (T2D) su tratti cardiometabolici multipli, finanziato dalla **European Foundation for the Study of Diabetes** (Düsseldorf, Germany) come parte del programma **Albert Renold Travel Fellowships for Young Scientists**.
Supervisori: Dr. Inga Prokopenko, Dr. Andrew Morris
The Wellcome Trust Centre for Human Genetics, Oxford, UK
The Imperial College of London, Londra, UK
- Dic 2012- Set 2013* **Tutor didattico in Biostatistica.**
Supervisore: Prof. Giorgio Bertorelle
Dipartimento di Scienze della Vita e Biotechnologie, Università di Ferrara, Ferrara, Italia
- 26 Ago-1 Set 2012* **Visita di Ricerca** all'Estonian Genome Center di Tartu per la realizzazione del progetto "Setting the pipelines for the final ENGAGE meta-analyses of cohort-specific results for GIPR, FADS1 and FTO loci within the ENGAGE Flagship Project Large-scale genotyping of selected causal variants", come parte del programma "ENGAGE Exchange and Mobility Program for ENGAGE training funds".
Supervisore: Dr. Reedik Magi
Estonian Genome Center, Università di Tartu, Tartu, Estonia
- Nov 2011- Dic 2012* **Internato presso Wellcome Trust Centre for Human** per una collaborazione nell'ambito del mio progetto di Dottorato.
Supervisori: Dr. Inga Prokopenko, Dr. Andrew Morris, Prof. Chiara Scapoli
The Wellcome Trust Centre for Human Genetics, Oxford, UK
- Set 2011- Nov 2011* **Tutor didattico in Biologia.**
Supervisore: Prof. Maria Gabriella Marchetti

*Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara,
Ferrara, Italia*

Gen 2011- Attualmente

Ph.D. (Dottorato) in Biologia Evoluzionistica ed Ambientale

Supervisore: Prof. Chiara Scapoli

*Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara,
Ferrara, Italia*

Ott 2008- Lug 2010

Laurea Specialistica In Scienze Biomolecolari e Cellulari presso l'Università di Ferrara, con voto finale di 110/110 con lode.

Supervisori: Prof. Silvia Fuselli e Prof. Michele Rubini

Tesi (in Italiano): "Epistasi tra geni del metabolismo dei folati nelle palatoschisi non sindromiche".

Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Università di Ferrara, Ferrara, Italia

Ott 2005-Lug 2008

Laurea Triennale In Scienze Biologiche presso l'Università di Ferrara, con voto finale di 110/110 con lode.

Supervisore: Prof. Silvia Fuselli

Tesi (in Italiano): "La variabilità genetica al locus ApoE e la risposta alla terapia farmacologica in pazienti affetti dal morbo di Alzheimer".

Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Università di Ferrara, Ferrara, Italia

Set 2000-Giu 2005

Diploma di Maturità Scientifica con voto finale di 94/100.

*Liceo Scientifico "Istituto Statale di Istruzione Superiore Galileo Galilei",
Ostiglia (MN), Italy*

CORSI E WORKSHOPS

23 Set-27 Set 2013

Conferenza Europea: **"The 49th European Association for the Study of Diabetes Annual Meeting 2013"**

Fira Gran Via, Barcellona, Spagna

07 Set-10 Set 2013

Wellcome Trust Conference: **"The Genomics of Common Diseases 2013 "**

Keble College, Oxford, UK

08-11 Giu 2013

Conferenza Europea: **"European Society of Human Genetics conference 2013".**

Palais des Congrès, 2 Place de la Porte Maillot, Parigi, Francia

22 Ott-2 Nov 2012

Corso Avanzato: **"Statistical Data Analysis with R - Genomics"**

Wellcome Trust Centre for Human Genetics, Oxford, UK

24-28 Set 2012

Wellcome Trust Advanced Course: **"Design and Analysis of Genetic-based Association Studies"**

Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire, UK

27-29 Ago 2012

The 3rd OpenGENE Young Investigator Workshop in The Baltic Region: **"Biobanking, New Technologies, Complex Genetic Traits and Personalized Medicine"**

Estonian Genome Center, Università di Tartu, Tartu, Estonia

12 Lug 2012

Workshop: **"The 8th Medical Sciences DPhil Day".**

John Radcliffe Hospital, Headley Way, Headington, Oxford, UK

- 23-26 Giu 2012 Conferenza Europea: **“European Society of Human Genetics conference 2012”**.
Nürnberg Convention Center Ost, Norimberga, Germania
- 07 Giu 2012 Corso Avanzato: **“R: Further features”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 16-18 Mag 2012 Workshop: **“ENGAGE Pleiotropy Workshop”**.
Hotel Europa, Ferrara, Italy
- 12-13 Apr 2012 Conferenza Europea: **“European Mathematical Genetics Meeting 2012”**.
Georg-August-University, Gottinga, Germania
- 28 Feb 2012 Corso Avanzato: **“Stata: Statistical, survey and graphical analyses”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 27 Feb 2012 Corso Avanzato: **“Linux: Finding and installing programs (session 6)”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 27 Feb 2012 Corso Avanzato: **“Stata: Data manipulation and analysis”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 13 Feb 2012 Corso Avanzato: **“Linux: Further command line (session 4)”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 06 Feb 2012,
13 Feb 2012 Corso Avanzato: **“Programming: Perl introduction”**.
OUCS, 13 Banbury Road, Oxford, UK
- 26 Gen 2012 Corso Avanzato: **“An introduction to supercomputing at Oxford Training Day”**.
Access Grid Room, Oxford e-Research Centre, Oxford, UK
- 19-22 Set 2011 Conferenza Italiana: **“Convegno congiunto AGI-SIBV-SIGA”**.
Cittadella d’Assisi, Assisi (PG), Italy
- 7-11 Feb 2011 Workshop: **“12th Bologna Winter School_ Deep Sequencing Data Analysis”**.
Bologna, Italy
- 14-17 Ott 2010 Conferenza Italiana: **“XIII Congresso Società Italiana di Genetica Umana SIGU 2010”**.
Firenze, Italy

ASSOCIAZIONI

Gen 2013 - Attualmente Membro della European Association for the Study of Diabetes (EASD).

PUBBLICAZIONI A CONFERENZE E WORKSHOPS

1. **L Marullo**, B Voight, C Fuchsberger, C Scapoli, J Dupuis, JB Meigs, AP Morris, I Prokopenko, on behalf of XC-Pleiotropy group
Dissecting the pleiotropic effects of established type 2 diabetes (T2D) and other cardiometabolic trait loci to define pathways and gene networks involved in T2D pathogenesis (Poster).
"The 49th European Association for the Study of Diabetes Annual Meeting 2013" (*Fira Gran Via, Barcellona, Spagna, 23-27 Set 2013*).
2. I Prokopenko, I Surakka, A-P Sarin, R Mägi, M Horikoshi, T Ferreira, **L Marullo**, G Thorleifsson, A Mahajan, MI McCarthy, AP Morris, S Ripatti, for the ENGAGE Consortium
Large-scale genome-wide association meta-analysis of the 1000 genomes project imputed data identifies 19 novel lipid loci and new variants in previously known loci (Presentazione orale).
"The 49th European Association for the Study of Diabetes Annual Meeting 2013" (*Fira Gran Via, Barcelona, Spain, 23-27 Sep 2013*).
3. M Horikoshi, R Mägi, I Surakka, A-P Sarin, A Mahajan, **L Marullo**, T Ferreira, T Esko, CM Lindgren, AP Morris, MI McCarthy, S Ripatti, I Prokopenko, for the ENGAGE Consortium
Large-scale genome-wide association meta-analysis of the 1000 genomes project imputed data identifies novel susceptibility loci for glycaemic and obesity traits (Platform).
"The 49th European Association for the Study of Diabetes Annual Meeting 2013" (*Fira Gran Via, Barcellona, Spagna, 23-27 Set 2013*).
4. **L Marullo**, BK Cornes, TO Kilpeläinen, J Dupuis, C Scapoli, R Loos, JB Meigs, AP Morris, I Prokopenko
Dissecting the genetic architecture of loci with established effects on multiple cardio-metabolic traits (Poster).
"The Genomics of Common Diseases 2013" (*Keble College, Oxford, UK, 07-10 Set 2013*).
5. **L Marullo**, BK Cornes, TO Kilpeläinen, J Dupuis, C Scapoli, R Loos, JB Meigs, AP Morris, I Prokopenko
Dissecting the genetic architecture of loci with established effects on multiple cardio-metabolic traits (Poster).
"The Genomics of Common Diseases 2013" (*Keble College, Oxford, UK, 07-10 Set 2013*).
6. M Horikoshi, R Mägi, I Surakka, A-P Sarin, A Mahajan, **L Marullo**, T Ferreira, T Esko, AP Morris, MI McCarthy, S Ripatti, I Prokopenko
Large-scale genome-wide association meta-analysis using imputation from the dense 1000 Genomes project map identifies novel susceptibility loci for glycemic and obesity traits (Presentazione orale).
"73rd American Diabetes Association 2013" (*Chicago, Illinois, USA, 21-25 Giu 2013*).
7. R Mägi, I Surakka, A-P Sarin, M Horikoshi, T Ferreira, **L Marullo**, A Mahajan, CM Lindgren, AP Morris, M McCarthy, I Prokopenko, S Ripatti
Large-scale genome-wide association meta-analysis using imputation from 1000 Genomes project reference panel identifies 29 novel lipid loci and new variants in previously known loci (Presentazione orale).
"73rd American Diabetes Association 2013" (*Chicago, Illinois, USA, 21-25 Giu 2013*).
8. I Prokopenko, V Lagou, R Mägi, I Surakka, A Sarin, M Horikoshi, **L Marullo**, T Ferreira, G Thorleifsson, S Hägg, M Beekman, C Ladenvall, A Mahajan, J Hottenga, JS Ried, TW Winkler, C Willenborg, MI McCarthy, AP Morris, S Ripatti
Pleiotropic effects on lipid levels and obesity identified in multi-trait meta-analysis of genome-wide association studies (GWAS) of type 2 diabetes (T2D) related traits (Poster).
"73rd American Diabetes Association 2013" (*Chicago, Illinois, USA, 21-25 Giu 2013*).

9. V Lagou, R Mägi, **L Marullo**, K Fischer, G Thorleifsson, B Benyamin, M Akerlund, S Ligthart, HHM Draisma, I Surakka, S Hägg, J Dumont, A Meirhaeghe, M Kaakinen, M Mangino, JS Ried, A Mahajan, M Horikoshi, K Strauch¹, S Ripatti, AP Morris, V Lyssenko, I Prokopenko for the ENGAGE (European Network for Genetic and Genomic Epidemiology) consortium
Large-scale multi-phenotype meta-analysis evaluates pleiotropic effects on cardiometabolic factors and risk for type 2 diabetes (T2D) at *FTO*, *FADS1* and *GIPR* loci (Poster).
"73rd American Diabetes Association 2013" (Chicago, Illinois, USA, 21-25 Giu 2013).
10. **L Marullo**, A Antonov, AP Morris, C Scapoli, I Prokopenko
Discovery of new potentially associated loci from pathway analysis of known influencing genes for Type 2 Diabetes (Poster).
"European Society of Human Genetics Conference 2013" (Parigi, Francia, 8-11 Giu 2013).
11. V Lagou, R Mägi, **L Marullo**, K Fischer, G Thorleifsson, B Benyamin, M Akerlund, S Ligthart, HHM Draisma, I Surakka, S Hägg, J Dumont, A Meirhaeghe, M Kaakinen, M Mangino, JS Ried, A Mahajan, M Horikoshi¹, K Strauch, S Ripatti, AP Morris, V Lyssenko, I Prokopenko
Multi-phenotype meta-analysis in up to 167,984 individuals evaluates pleiotropic effects on cardiometabolic traits at *FTO*, *FADS1* and *GIPR* loci (Poster).
"European Society of Human Genetics Conference 2013" (Paris, France, 8-11 Jun 2013).
12. M Horikoshi, R Mägi, I Surakka, A Sarin, A Mahajan, **L Marullo**, T Ferreira, T Esko, CM Lindgren, AP Morris, MI McCarthy, S Ripatti, I Prokopenko
Large-scale genome-wide association meta-analysis using imputation from the dense 1000 Genomes Project identifies novel susceptibility loci for glycemic and obesity traits: ENGAGE Consortium report (Presentazione Orale).
"European Society of Human Genetics Conference 2013" (Parigi, Francia, 8-11 Giu 2013).
13. A Simonelli, **L Marullo**, R Zanforlin, A Carrieri, C Scapoli, L Trombelli
Polimorfismi Genici e severità della perdita ossea in pazienti con parodontite aggressiva. Studio Clinico Multicentrico (Best Poster).
"Collegio Nazionale dei Docenti di Discipline Odontostomatologiche" (Roma, Italia, 18-20 Apr 2013).
14. **L Marullo**, J Dupuis, C Scapoli, JB Meigs, AP Morris, I Prokopenko
Impact of type 2 diabetes susceptibility loci on variation in multiple cardio-metabolic traits (Poster).
"Diabetes UK Professional Conference 2013" (Manchester Central, UK, 13-15 Mar 2013).
15. R Mägi, M Horikoshi, I Surakka, S Wiltshire, A-P Sarin, T Esko, A Mahajan, T Ferreira, M Beekman, S Gustafsson, S Hägg, C Ladenvall, **L Marullo**, C P Nelson, JS Ried, G Thorleifsson, N Tsernikova, S M Willems, C Willenborg, T Winkler, C M Lindgren, MI McCarthy, S Ripatti, I Prokopenko, AP Morris for ENGAGE Consortium
Large-scale rare-variant analyses of eight quantitative traits reveal novel loci for triglycerides and fasting insulin in genome-wide studies imputed from 2188-haplotype 1000 Genomes reference panel (Poster).
"The American Society of Human Genetics 2012" (San Francisco, California, US, 6-10 Nov 2012).
16. I Surakka, A-P Sarin, R Mägi, M Horikoshi, S Wiltshire, T Esko, T Ferreira, **L Marullo**, G Thorleifsson, A Mahajan, S Hägg, A Isaacs, M Beekman, J S Ried, T W Winkler, C P Nelson, C Willenborg, A Morris, M I McCarthy, I Prokopenko, S Ripatti for the ENGAGE Consortium
Genome-wide screen with 1000 Genomes imputed data identifies 19 new lipid loci and new variants with stronger effects in previously known loci (Presentazione Orale).
"The American Society of Human Genetics 2012" (San Francisco, California, US, 6-10 Nov 2012).

17. I Prokopenko, R Mägi, M Horikoshi, I Surakka, S Wiltshire, A-P Sarin, A Mahajan, **L Marullo**, T Ferreira, S Hägg, JS Ried, G Thorleifsson, T Esko, SM Willems, AP Morris, MI McCarthy, S Ripatti, European Network for Genetic and Genomic Epidemiology Consortium
Large-scale genome-wide association meta-analysis of fasting glycemic traits using imputation from 2188-haplotype 1000 Genomes reference panel within ENGAGE consortium (Poster).
"The American Society of Human Genetics 2012" (San Francisco, California, US, 6-10 Nov 2012).
18. M Horikoshi, R Mägi, I Surakka, S Wiltshire, A Sarin, A Mahajan, **L Marullo**, T Ferreira, S Hägg, JS Ried, T Winkler, G Thorleifsson, N Tsernikova, T Esko, C Willenborg, CP Nelson, M Beekman, SM Willems, AP Morris, CM Lindgren, MI McCarthy, S Ripatti, I Prokopenko on behalf of ENGAGE Consortium
Large-scale genome-wide association meta-analysis using imputation from 2188-haplotype 1000 Genomes reference panel identifies five novel susceptibility loci for BMI and additional novel sex-specific loci for BMI and WHR (Poster).
"The American Society of Human Genetics 2012" (San Francisco, California, US, 6-10 Nov 2012).
19. V Lagou, R Mägi, K Fischer, M Akerlund, I Surakka, M Kaakinen, JS Ried, A Mahajan, M Horikoshi, **L Marullo**, K Strauch, C Gieger, S Ripatti, A P Morris, V Lyssenko, I Prokopenko for the ENGAGE (European Network for Genetic and Genomic Epidemiology) consortium
Large-scale multi-phenotype meta-analysis evaluates pleiotropic effects at FADS1 and GIPR loci (Presentazione Orale).
"The American Society of Human Genetics 2012" (San Francisco, California, US, 6-10 Nov 2012).
20. **L Marullo**, BK Cornes, J Dupuis, JB Meigs, A Morris, I Prokopenko
Estimating the fraction of established metabolic trait loci with discernible pleiotropic effects.
"The 8th Medical Sciences DPhil Day" (John Radcliffe Hospital, Headington, Oxford, UK, 12 Lug 2012).
21. **L Marullo**, BK Cornes, J Dupuis, C Fuchsberger, B Voight, C Scapoli, JB Meigs, A Morris, I Prokopenko
Estimating the fraction of established metabolic trait loci with discernible pleiotropic effects.
"European Society of Human Genetics Conference 2012" (Nürnberg Convention Center Ost, Norimberga, Germania, 23-26 Giu 2012).
22. **L Marullo**, BK Cornes, J Dupuis, JB Meigs, A Morris, I Prokopenko
Estimating the fraction of established metabolic trait loci with discernible pleiotropic effects.
"European Mathematical Genetics Meeting 2012" (Georg-August-University, Gottinga, Germania, 12-13 Apr 2012).
23. **L Marullo**, E Mamolini, A Carrieri, MA Guarnelli, M Annunziata, L Guida, F Romano, M Aimetti, C Scapoli
Gene-gene interaction among cytokine polymorphisms influence susceptibility to aggressive periodontitis.
"Convegno congiunto AGI-SIBV-SIGA" (Cittadella d'Assisi, Assisi (PG), Italia, 19-22 Set 2011).
24. **L Marullo**, M Ferrian, S Bruni, C Baluardo, D Balestra, M Rubini
Epistasis between genes of folate metabolism in non-syndromic cleft palate.
"XIII Congresso Società Italiana di Genetica Umana SIGU 2010" (Firenze, Italia, 14-17 Ott 2010).
25. M Rubini, M Ferrian, C Baluardo, **L Marullo**, D Balestra, M Padovan, M Govoni, F Trotta
Gender-specific gene-gene interactions in the response to methotrexate therapy of rheumatoid arthritis patients.
"Annual European Congress of Rheumatology EULAR 2010" (Roma, Italia, 16-19 Giu 2010).

PRESENTAZIONI ORALI A CONFERENZE SCIENTIFICHE

1. **L Marullo**, BK Cornes, J Dupuis, C Fuchsberger, B Voight, C Scapoli, JB Meigs, A Morris, I Prokopenko
Estimating the fraction of established metabolic trait loci with discernible pleiotropic effects.
“European Society of Human Genetics Conference 2012” (Nürnberg Convention Center Ost, Norinberga, Germania, 23-26 Giu 2012).
2. **L Marullo**, E Mamolini, A Carrieri, MA Guarnelli, M Annunziata, L Guida, F Romano, M Aimetti, C Scapoli
Gene-gene interaction among cytokine polymorphisms influence susceptibility to aggressive periodontitis.
“Convegno congiunto AGI-SIBV-SIGA” (Cittadella d’Assisi, Assisi (PG), Italia, 19-22 Set 2011).

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE SIENTIFICHE

1. Mihaescu R, Navarro P, Prokopenko I, Bragg-Gresham J, Strassburger K, Yengo L, van Hoek M, Amin N, Balkau B, Boehnke M, Campbell H, Charpentier G, Frayling TM, Gögele M, Grallert H, Hayward C, Hicks AA, Hofman A, Illig T, Lindgren CM, **Marullo L**, Oostra BA, Pichler I, Polasek O, Rayner NW, Rudan I, Sijbrands EJG, Uitterlinden AG, Wild SH, Willems SM, Jackson AU, Bonnycastle LL, Tuomilehto J, Cauchi S, Rathmann W, Scott L, Froguel P, van Duijn CM, Pramstaller PP, Wright AF, Wilson JF, McCarthy MI, Janssens ACJW.
Comparison of Performance of Genetic Risk Prediction Models for Type 2 Diabetes in Nine European Samples.
Plos genetics (in revisione).
2. Scott RA, Lagou V, Welch RP, Wheeler E, Montasser ME, Luan J, Mägi R, Strawbridge RJ, Rehnberg E, Gustafsson S, Kanoni S, Rasmussen-Torvik LJ, Yengo L, Lecoeur C, Shungin D, Sanna S, Sidore C, Johnson PC, Jukema JW, Johnson T, Mahajan A, Verweij N, Thorleifsson G, Hottenga JJ, Shah S, Smith AV, Sennblad B, Gieger C, Salo P, Perola M, Timpson NJ, Evans DM, Pourcain BS, Wu Y, Andrews JS, Hui J, Bielak LF, Zhao W, Horikoshi M, Navarro P, Isaacs A, O’Connell JR, Stirrups K, Vitart V, Hayward C, Esko T, Mihailov E, Fraser RM, Fall T, Voight BF, Raychaudhuri S, Chen H, Lindgren CM, Morris AP, Rayner NW, Robertson N, Rybin D, Liu CT, Beckmann JS, Willems SM, Chines PS, Jackson AU, Kang HM, Stringham HM, Song K, Tanaka T, Peden JF, Goel A, Hicks AA, An P, Müller-Nurasyid M, Franco-Cereceda A, Folkersen L, **Marullo L**, Jansen H, Oldehinkel AJ, Bruinenberg M, Pankow JS, North KE, Forouhi NG, Loos RJ, Edkins S, Varga TV, Hallmans G, Oksa H, Antonella M, Nagaraja R, Trompet S, Ford I, Bakker SJ, Kong A, Kumari M, Gigante B, Herder C, Munroe PB, Caulfield M, Antti J, Mangino M, Small K, Miljkovic I, Liu Y, Atalay M, Kiess W, James AL, Rivadeneira F, Uitterlinden AG, Palmer CN, Doney AS, Willemsen G, Smit JH, Campbell S, Polasek O, Bonnycastle LL, Herberg S, Dimitriou M, Bolton JL, Fowkes GR, Kovacs P, Lindström J, Zemunik T, Bandinelli S, Wild SH, Basart HV, Rathmann W, Grallert H; DIAbetes Genetics Replication and Meta-analysis (DIAGRAM) Consortium, Maerz W, Kleber ME, Boehm BO, Peters A, Pramstaller PP, Province MA, Borecki IB, Hastie ND, Rudan I, Campbell H, Watkins H, Farrall M, Stumvoll M, Ferrucci L, Waterworth DM, Bergman RN, Collins FS, Tuomilehto J, Watanabe RM, de Geus EJ, Penninx BW, Hofman A, Oostra BA, Psaty BM, Vollenweider P, Wilson JF, Wright AF, Hovingh GK, Metspalu A, Uusitupa M, Magnusson PK, Kyvik KO, Kaprio J, Price JF, Dedoussis GV, Deloukas P, Meneton P, Lind L, Boehnke M, Shuldiner AR, van Duijn CM, Morris AD, Toenjes A, Peyser PA, Beilby JP, Körner A, Kuusisto J, Laakso M, Bornstein SR, Schwarz PE, Lakka TA, Rauramaa R, Adair LS, Smith GD, Spector TD, Illig T, de Faire U, Hamsten A, Gudnason V, Kivimaki M, Hingorani A, Keinanen-Kiukaanniemi SM, Saaristo TE, Boomsma DI, Stefansson K, van der Harst P, Dupuis J, Pedersen NL, Sattar N, Harris TB, Cucca F, Ripatti S, Salomaa V, Mohlke KL, Balkau B, Froguel P, Pouta A, Jarvelin MR, Wareham

NJ, Bouatia-Naji N, McCarthy MI, Franks PW, Meigs JB, Teslovich TM, Florez JC, Langenberg C, Ingelsson E, Prokopenko I, Barroso I, for the MAGIC investigators.
Large-scale association study using the MetaboChip array reveals new loci influencing glycaemic traits and provides insight into the underlying biological pathways.
Nat Genet 2012 Sep;44(9):991-1005.

2. Casonato A, Daidone V, Barbon G, Pontara E, Di Pasquale I, Gallinaro L, **Marullo L**, Bertorelle G.
A common ancestor more than 10,000 years old for patients with R854Q-related type 2N von Willebrand disease in Italy.
Haematologica 2012 Aug 8.

BORSE DI STUDIO E FINANZIAMENTI

- Set 2013* **Finanziamento dell'Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) come parte del **Fondo Mobilità Dottorandi 2013** per finanziare le spese di viaggio per la partecipazione alla conferenza "The Genomics of Common Diseases 2013" presso il Keble College (Oxford, UK). Durata: 4 giorni, Ammontare: 400€.
- Set 2013* **Finanziamento del Wellcome Trust Advanced Courses and Scientific Conferences Selection Committee** (Hinxton, UK) per finanziare la metà del costo di registrazione alla conferenza "The Genomics of Common Diseases 2013" presso il Keble College (Oxford, UK). Durata: 4 giorni, Ammontare: 207£.
- Mag 2013* **Fondo di ricerca** attribuito dalla **European Foundation for the Study of Diabetes** (Düsseldorf, Germany) come parte del **Albert Renold Travel Fellowships for Young Scientists** per finanziare un progetto di collaborazione con il Wellcome Trust Centre for Human Genetics (Oxford, UK) e l'Imperial College of London (Londra, UK). Durata: 9 mesi, Ammontare: 8000€.
- Set 2012* **Finanziamento dell'Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) come parte del **Fondo Mobilità Dottorandi 2013** per finanziare la metà del costo di registrazione al corso Wellcome Trust Advanced Course: "**Design and Analysis of Genetic-based Association Studies**" (Hinxton, Cambridgeshire, UK). Durata: 5 giorni, Ammontare: 350€.
- Set 2012* **Finanziamento del Wellcome Trust Advanced Courses and Scientific Conferences Selection Committee** (Hinxton, UK) per finanziare la metà del costo di registrazione al corso Wellcome Trust Advanced Course: "**Design and Analysis of Genetic-based Association Studies**" (Hinxton, Cambridgeshire, UK). Durata: 5 giorni, Ammontare: 337.50£.
- Ago 2012* **Finanziamento del Wellcome Trust Centre for Human Genetics of Oxford** (Oxford, UK) per sostenere in parte il progetto "Setting the pipelines for the final ENGAGE meta-analyses of cohort-specific results for GIPR, FADS1 and FTO loci within the ENGAGE Flagship Project Large-scale genotyping of selected causal variants". Durata: 1 settimana, Ammontare: ≈250€.

- Ago 2012* **Finanziamento del ENGAGE Exchange and Mobility Program for ENGAGE training** per sostenere in parte il progetto “Setting the pipelines for the final ENGAGE meta-analyses of cohort-specific results for GIPR, FADS1 and FTO loci within the ENGAGE Flagship Project Large-scale genotyping of selected causal variants”– ENGAGE project, grant agreement HEALTH-F4-2007-201413 Durata: 1 settimana, Ammontare: ≈450€.
- Apr 2012* **Borsa di Studio dell’ARCA Nazionale** (Associazione per le Attività Ricreative, Culturali e sportive dei dipendenti del Gruppo ENEL) nel contesto del Programma Studio ed Educazione. Tale finanziamento è stato assegnato sulla base della carrier universitaria durante il precedente anno accademico. Durata: 1 anno, Ammontare: 700€.
- Feb 2012* **Fondo di ricerca dell’Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) e dell’**Ufficio Ricerca Nazionale** per il “Bando rivolto a giovani ricercatori non strutturati dell’Università degli Studi di Ferrara per il finanziamento di Progetti di ricerca e mobilità internazionale_Fondi 5 x 1000 anno 2009” per il progetto “Identificazione e caratterizzazione di alleli causali per tratti glicemici attraverso studi di fine-mapping e approcci longitudinali”. Tale progetto è finanziato utilizzando i fondi “5 per mille” assegnati all’Università di Ferrara per l’anno 2009. Durata: 8 mesi, Ammontare: 6000€.
- Nov 2011-Dic 2012* **Incremento del 50% della borsa di studio ministeriale di Dottorato dall’Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) Per il Dottorato in Biologia Evoluzionistica ed Ambientale (Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara) per promuovere periodi di ricerca e studio all’estero in Università o Istituti stranieri. Durata: 13 mesi, Ammontare: 6500€.
- Set 2011* **Finanziamento dell’Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) come parte del **Fondo Mobilità Dottorandi 2013** per finanziare le spese di viaggio per la partecipazione alla conferenza “**Convegno congiunto AGI-SIBV-SIGA**” (Cittadella d’Assisi, Assisi, Italia). Durata: 4 giorni, Ammontare: 310€.
- Apr 2011* **Borsa di Studio dell’ARCA Nazionale** (Associazione per le Attività Ricreative, Culturali e sportive dei dipendenti del Gruppo ENEL) nel contesto del Programma Studio ed Educazione. Tale finanziamento è stato assegnato sulla base della carrier universitaria durante il precedente anno accademico. Durata: 1 anno, Ammontare: 700€.
- Gen 2011-Attualmente* **Borsa di Studio ministeriale di Dottorato dall’ Università di Ferrara** (Ferrara, Italia) Per il Dottorato in Biologia Evoluzionistica ed Ambientale (Dipartimento di Scienze della Vita e Biotecnologie, Università di Ferrara). Durata: 3 anni, Ammontare: ≈39000€.
- Apr 2010* **Borsa di Studio dell’ARCA Nazionale** (Associazione per le Attività Ricreative, Culturali e sportive dei dipendenti del Gruppo ENEL) nel contesto del Programma Studio ed Educazione. Tale finanziamento è stato assegnato sulla base della carrier universitaria durante il precedente anno accademico. Durata: 1 anno, Ammontare: 700€.

Apr 2009

Borsa di Studio dell'ARCA Nazionale (Associazione per le Attività Ricreative, Culturali e sportive dei dipendenti del Gruppo ENEL) nel contesto del Programma Studio ed Educazione. Tale finanziamento è stato assegnato sulla base della carriera universitaria durante i precedenti due anni accademici. Durata: 1 anno, Ammontare: 1200€.

COMPETENZE PROFESSIONALI

- Computer** Ottima conoscenza del sistema operativo Windows e del pacchetto Office per Windows, in particolare Excel, Word, PowerPoint, OneNote. Buona conoscenza del software R per l'analisi statistica dei dati biologici, la manipolazione di tabelle e la creazione dei grafici. Conoscenza basilare di Unix (LINUX), linguaggio di programmazione C++ e Perl. Conoscenza basilare di STATA e Statistica.
- Analisi dei dati Genetici** Ottima conoscenza dei software MDR, Haploview, PLINK, SNPtest, IMPUTE, GWAMA e METAL. Capacità di generazione, controllo qualità, manipolazione e analisi statistica dei dati genotipici genome-wide da diversi array di genotipizzazione.
- Database Online** Ottima conoscenza delle fonti NCBI, Genome Browser, Ensemble, HapMap, Kegg, NHGRI. Ottima conoscenza dei web tool SNAP, LocusZoom, DAPPLE, GRAIL and LocusSpider. Conoscenza basilare del web tool TESS.
- Tecniche di laboratorio** Estrazione del DNA da sangue periferico e desquamato boccale, PCR, analisi RFLP, elettroforesi su gel di agarosio e poliacrilamide, silver staining, real-time PCR con Taqman probe, sequenziamento del DNA con metodo Sanger.

INTERESSI PROFESSIONALI

Fin dall'inizio della mia carriera universitaria, il mio interesse principale si è focalizzato sulla genetica umana; tale interesse si è acuito specialmente durante la laurea Specialistica, quando ho contribuito ad uno studio sulla componente genetica coinvolta in malattie umane complesse, un campo che mi affascina moltissimo.

Al momento, sto svolgendo il programma di Dottorato di ricerca in Biologia Evoluzionistica e Ambientale presso l'Università di Ferrara (Ferrara, Italia).

Durante il primo anno di Dottorato ho lavorato ad un progetto di studio dell'associazione tra varianti genetiche a Parodontite Aggressiva (AP), una malattia umana complessa che coinvolge il sistema immunitario, con particolare interesse all'individuazione di interazioni Genotipo-Genotipo che diano una maggiore predisposizione alla malattia. Durante lo svolgimento di tale progetto, ho imparato l'uso di del software R e dell'ambiente Unix per la manipolazione e l'analisi statistica dei dati.

Da Novembre 2011 a Dicembre 2012 sono stata ospite al Wellcome Trust Centre for Human Genetics (WTCHG), Università di Oxford. Lì ho lavorato sotto la supervisione della Dr. Inga Prokopenko (Senior Research Associate al WTCHG, ora Senior Lecturer all'Imperial College di Londra) e del Dr. Andrew Morris (Senior Research Associate al WTCHG) sulla ricerca di effetti pleotropici di varianti comuni dell'intero genoma su tratti metabolici (all'interno del programma di ricerca del cross-consortia Pleiotropy group).

In particolare, mi sono interessata alla stima della frazione di loci associati a livello genome-wide con più di un tratto cardio-metabolico, al confronto delle relazioni tra fenotipi per i loci con associazione multi-tratto con le correlazioni epidemiologiche stabilite nel passato, e alla caratterizzazione di effetti multi-fenotipici volta alla generazione di ipotesi riguardanti i geni causali, i tessuti di azione e i processi biologici chiave che

contribuiscono alla gamma di tratti complessi considerati. La collaborazione con i Dr. Inga Prokopenko e Dr. Andrew Morris è attualmente attiva per lo sviluppo e la continuazione degli studi già iniziati insieme e l'elaborazione di nuovi progetti.

Nel corso dello scorso anno ho iniziato a lavorare anche sulla più recente fase di Meta-Analisi Genome-Wide e di progetti di fine-mapping per i tratti glicemici quantitativi, all'interno del consorzio MAGIC e sull'indagine dell'impatto delle varianti associate a tratti glicemici sul Diabete di Tipo 2.

Grazie alla collaborazione con il WTCHG, ho acquisito competenze nella generazione, controllo qualità e manipolazione dei dati genome-wide ricavati da diversi array.

Sono molto interessata allo svolgimento di imputazione genome-wide tramite l'utilizzo delle versioni più aggiornate dei pannelli di riferimento (1000 Genome project ad esempio); vorrei inoltre studiare ulteriori approcci per l'approfondimento e il miglioramento dell'interpretazione dei risultati GWAS, per esempio tramite l'integrazione con dati funzionali, annotazioni e l'esplorazione di network biologici.

Infine, sono molto interessata a lavorare con dati generati dai più recenti metodi di sequenziamento genomico, all'esplorazione della diversità genetica ottenuta attraverso le nuove tecnologie e alla loro applicazione a vari tipi di fenotipi e metodi di studio.

A handwritten signature in black ink, appearing to read "Andrew Morris". The signature is written in a cursive style with a long horizontal flourish extending to the right.