

PROGETTI REALIZZATI NEGLI ULTIMI 3 ANNI O IN FASE DI SVILUPPO

- Fondazione Telethon, progetto GGP16010
Marino V, Dal Cortivo G, Maltese PE, Placidi G, De Siena E, Falsini B, Bertelli M, Dell'Orco D. Impaired Ca²⁺ Sensitivity of a Novel GCAP1 Variant Causes Cone Dystrophy and Leads to Abnormal Synaptic Transmission Between Photoreceptors and Bipolar Cells. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(8):4030.
<https://doi.org/10.3390/ijms22084030>
- Joint project 2018, progetto JPVR184ZZ5
Marino V, Dal Cortivo G, Maltese PE, Placidi G, De Siena E, Falsini B, Bertelli M, Dell'Orco D. Impaired Ca²⁺ Sensitivity of a Novel GCAP1 Variant Causes Cone Dystrophy and Leads to Abnormal Synaptic Transmission Between Photoreceptors and Bipolar Cells. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(8):4030.
<https://doi.org/10.3390/ijms22084030>
Biasi A, Marino V, Dal Cortivo G, Maltese PE, Modarelli AM, Bertelli M, Colombo L, Dell'Orco D. A Novel *GUCA1A* Variant Associated with Cone Dystrophy Alters cGMP Signaling in Photoreceptors by Strongly Interacting with and Hyperactivating Retinal Guanylate Cyclase. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(19):10809.
<https://doi.org/10.3390/ijms221910809>
- PRIN 2017, progetto 201744NR8S
Marino V, Dal Cortivo G, Maltese PE, Placidi G, De Siena E, Falsini B, Bertelli M, Dell'Orco D. Impaired Ca²⁺ Sensitivity of a Novel GCAP1 Variant Causes Cone Dystrophy and Leads to Abnormal Synaptic Transmission Between Photoreceptors and Bipolar Cells. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021; 22(8):4030.
<https://doi.org/10.3390/ijms22084030>
Dal Cortivo G, Barracchia CG, Marino V, D'Onofrio M, Dell'Orco D. Alterations in calmodulin-cardiac ryanodine receptor molecular recognition in congenital arrhythmias. *Cell Mol Life Sci*. 2022 Feb 8;79(2):127.
<https://doi.org/10.1007/s00018-022-04165-w>
Dal Cortivo G, Marino V, Bianconi S, Dell'Orco D. Calmodulin variants associated with congenital arrhythmia impair selectivity for ryanodine receptors. *Front Mol Biosci*. 2023 Jan 5;9:1100992.
<https://doi.org/10.3389/fmolb.2022.1100992>
- Fondo Sociale Europeo REACT EU—Programma Operativo Nazionale “Ricerca e innovazione”
Dal Cortivo G, Marino V, Bianconi S, Dell'Orco D. Calmodulin variants associated with congenital arrhythmia impair selectivity for ryanodine receptors. *Front Mol Biosci*. 2023 Jan 5;9:1100992.
<https://doi.org/10.3389/fmolb.2022.1100992>
- GEMS: "Geometric evolution of multi agent systems"
- ValueDX, <https://ca-valuedx.ddsp.univr.it/> website per algoritmi clinici per una guida per la diagnosi per le infezioni nel tratto respiratorio
- Orchestra: <https://longcovid.orchestra-cohort.eu/> website che mostra le analisi del progetto LongCovid, i risultati sono stati pubblicati in [https://www.thelancet.com/journals/eclinm/article/PIIS2589-5370\(23\)00284-5/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/eclinm/article/PIIS2589-5370(23)00284-5/fulltext).
- Analisi di meta-genomica of the gut microbiome analysis of the post-COVID patients (16S rRNA sequencing published here: <https://www.mdpi.com/2227-9059/10/11/2786>), and whole-genome (under preparation), and the specializing doctors working at the clinic (publication was submitted today)
- Analisi di meta-genomica dell'analisi del microbioma intestinale dei pazienti post-COVID (sequenziamento dell'rRNA 16S pubblicato qui: <https://www.mdpi.com/2227-9059/10/11/2786>) e dell'intero genoma (sotto preparazione) e i medici specialisti che lavorano nella clinica (la pubblicazione è stata presentata oggi),
- Analisi approfondita e articolata dei genomi del SARS-CoV-2 sequenziati dai collaboratori del progetto Orchestra (pubblicazione in preparazione), per pazienti europei. Stavamo studiando mutazioni specifiche nel genoma e come potrebbero influenzare la gravità della malattia COVID. Abbiamo analizzato le mutazioni, ma anche le diverse popolazioni all'interno di un singolo paziente, che richiede memoria e CPU considerevoli. Abbiamo proposto di riformulare la variante all'interno di un'analisi dei dati clinici come un vettore probabilistico sulle possibili mutazioni piuttosto che come una determinata presentazione.
- Progetti di Eccellenza (2018-2022 e 2023-2027) Dipartimento di Lingue e Letterature Straniere in ambito: SSH -> Digital Humanities
- Machine learning for the automatizzare le meta analisi usando LLMs differenti.
- NBFC (National Biodiversity Future Center), SPOKE 6, activity 2, Biomolecules and bioactivities”, finanziato con i fondi del PNR. Ambito: biologico, chimico. Inizio: settembre 2022.
- PRINPNRR 2022, che partirà il 30/11/2023 (durata biennale): “Mining the biodiversity of non conventional yeasts as bioresources for innovative fermented beverages through a genomics and bioinformatics approach - NCYdiversity”

- Smart Airport, 2023-2025, Fondo: Joint Research con l'entità privata Neodata Group s.p.a.
- MNESYS A multiscale integrated approach to the study of the nervous system in health and disease. Fondo: PNRR Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza.
- NBFC National Biodiversity Future Center, CN5 Biodiversity. Fondo: PNRR, Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza.
- ADAIR: From air pollution to brain pollution – novel biomarkers to unravel the link of air pollution and Alzheimer's disease.
- Fondo: EU JPCO-Fund call for Personalised Medicine (adair-jpnd.eu) JPND2019-466-037.
- TUBE – Transport-Derived Ultrafines and the Brain Effects. Fondo: H2020 - Framework Programme for Research and Innovation (2014-2020) (tube-project.eu) 814978.
- EDIPO: una soluzione computazionale per portare la genetica di neuroimaging nella ricerca traslazionale. Fondo: ENTI.RIC - Finanziamento da enti vari per la ricerca, CariVerona.
- Un'infrastruttura IoT per monitorare i disturbi neuropsichiatrici e comportamentali nei pazienti con malattia di Parkinson. Fondo: Ente non profit con lo stato di ONLUS BRFV (Brain Research Foundation Verona).
- Una piattaforma per lo sviluppo di applicazioni di intelligenza artificiale basata su analisi intelligente di video per attività commerciali di ristorazione con servizio al tavolo. Fondo: Joint Research con l'entità privata Digital Restaurant Srl.
- Database: Costruzione di un database di varianti genetiche di soggetti italiani da dati Whole Exome Sequencing su genoma di riferimento HG38 (in corso).
- Cavalli: Analisi di dati Oxford Nanopore Technology per ottenere le sequenze di genoma equino da utilizzare successivamente per assemblare il genoma (in corso).
- 1 plus Million Genomes: Definizione di linee guida per l'analisi di dati NGS clinici tramite il confronto di procedure standard di diversi laboratori europei (in corso).
- Garding: Sviluppo di un metodo diagnostico per la rilevazione di patogeni da quarantena in piante ornamentali tramite tecnologia Oxford Nanopore (in corso).
- COVID: Definizione di un protocollo sperimentale ottimale per il sequenziamento ed analisi delle varianti di campioni virali Covid-19 basato su ampliconi (terminato).