

Fabio Marroni



Temi di ricerca:
Genetica
Bioinformatica
(Meta)Genomica
Genetica statistica



Informazioni personali

Sede di lavoro Università di Udine, via delle Scienze 206, 33100 Udine
Telefono +39 0432 558609
E-mail fabio.marroni@uniud.it; marroni@appliedgenomics.org

Esperienze lavorative

- 4 Aprile 2022 – Ad oggi**
Posizione Professore associato di Genetica (BIO/18, 05/I1)
Ente di appartenenza Università di Udine, Via Palladio 8, 33100 Udine
- 2 Aprile 2019 – 2 Aprile 2022**
Posizione Ricercatore di tipo B
Ente di appartenenza Università di Udine, Via Palladio 8, 33100 Udine
- 21 Dicembre 2017 – 1 Aprile 2019**
Posizione Bioinformatics Operations Manager
Ente di appartenenza IGA Technology Services s.r.l., Via J. Linussio 51, 33100 Udine
- 21 Dicembre 2012 – 20 Dicembre 2017**
Posizione Ricercatore di tipo A
Ente di appartenenza Università di Udine, Via Palladio 8, 33100 Udine
- Agosto 2012 – Dicembre 2012**
Posizione Collaboratore di ricerca
Ente di appartenenza IGA Technology Services S.r.l., Via Linussio 51, 33100 Z.I.U. Udine
- Agosto 2008 – Agosto 2012**
Posizione Assistente di laboratorio con mansioni di ricerca
Ente di appartenenza Istituto di Genomica Applicata (IGA), Via Linussio 51, 33100 Z.I.U. Udine
- Giugno 2005 – Luglio 2008**
Posizione Ricercatore, Section Manager
Ente di appartenenza EURAC research, Viale Druso 1, 39100 Bolzano
- Gennaio 2005 – Settembre 2005**
Posizione Collaboratore di ricerca / Volontario Speciale
Ente di appartenenza NIH/NHGRI, IDRIB, 333 Cassell Drive, 21224 Baltimore, MD, USA
- Marzo 2000 – Giugno 2001**
Posizione Collaboratore di ricerca
Ente di appartenenza Istituto di Biofisica, CNR, Area Della Ricerca, Via G. Moruzzi 1 - 56124 Pisa

Abilitazione	Abilitazione a professore di prima fascia (Professore Ordinario) in Genetica, 05/I1 e Chimica Agraria, Genetica Agraria e Pedologia, 07/E1, valida fino al 2034
Insegnamento	
2021-2022	Docente di Genetica per il corso di Biologia (AG0281) per studenti del corso di Scienze dell'ambiente e della Natura, Università di Udine. Docente della parte pratica di Bioinformatica per il Modulo III del corso di Genetica Speciale e Bioinformatica (MM2301), Università di Udine.
2021	Docente del corso di specializzazione "Trascrittoma: dal disegno sperimentale all'interpretazione biologica del dato", organizzato dalla Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA).
2020-2021	Docente di Genetica per il corso di Biologia (AG0281) per studenti del corso di Scienze dell'ambiente e della Natura, Università di Udine.
2020	Docente di Bioinformatica Applicata per studenti della Scuola Superiore dell'Università di Udine (SUP0302).
2018-2023	Docente di Genetica per il Master in Coffee Economics and Science "Ernesto Illy"
2017	Docente per il seminario "Mapping the Molecular phenotype: eQTL and sQTL analysis", nella serie Frontiers in Biotechnology, organizzata dalla Scuola Superiore Sant'Anna, Pisa, 29 ⁿ Novembre. Docente di mappatura eQTL nel corso organizzato dalla Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA), "GWAS: from theory to practice", Canazei 4-7 Luglio. Docente (tre lezioni) del corso di Genetica del Caffè nel Master in Coffee Economics and Science "Ernesto Illy" (Trieste, 2, 3 e 5 Maggio)
2016	Docente (RNA-seq) nel corso "Bioinformatica per tutti, bioinformatica per tutto: genomica –epigenomica –trascrittomica", organizzato per conto della Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA) Udine, 28 Giugno, 1 Luglio
2014	Seminario presso la Scuola Superiore Sant'Anna (Pisa), per il corso di Bioinformatica Applicata Seminario (16 ore) in Analisi di varianti strutturali nell'ambito PON Ricerca e Competitività (PONa3_00134/F5), 20 e 21 Novembre, CRA, Turi (BA) Docente del corso "Introduzione alla Genomica", serie di tre lezioni nell'ambito del progetto: "MODULI FORMATIVI DALLA SCUOLA ALL'UNIVERSITA'"
2013	Seminario nel modulo di bioinformatica nel corso PON Ricerca e Competitività 2007-2013 (01_01623/F) Seminario nel modulo di Genetica Animal nel corso PON Onev – Corso Esperto in Omiche Animali
2012	Seminario presso la Scuola Superiore Sant'Anna (Pisa) nel corso di Bioinformatica Applicata
2008-2010	Docente a contratto nel corso di Genetica (BIO/05) per studenti del primo anno di Scienze Animali e Scienze dell'Ambiente e della Natura, Università di Udine
Supervisione di studenti di dottorato	Co-supervisore (con il Prof. Michele Morgante) dei progetti di dottorato "Building Catalogues of Genetic Variation in Poplar" (candidata, Sara Pinosio, 2012), "Characterisation of the pan-genome of Vitis vinifera using Next Generation Sequencing" (candidato Gabriele Magris, 2014), "Identification and mapping of loci controlling viability in <i>Vitis vinifera</i> crosses (candidata Alice Fornasiero, 2016), "Identification of structural variation in <i>Zea mays</i> : use of paired-end mapping and development of a novel algorithm based on split reads" (candidato Ettore Zapparoli, 2016). Supervisore del progetto di Dottorato attualmente in corso "Omics data integration in grapevine" (candidato Massimo Guazzini)
Istruzione	
2005: PhD	Oncologia sperimentale e molecolare
Tesi	La predizione dello stato di portatore di mutazioni germinali in <i>BRCA1</i> e <i>BRCA2</i> - Valutazione dei modelli esistenti, stima delle penetranze, ed elaborazione di un modello adattato alle popolazioni italiane
Università	Università di Pisa
Data	08/04/05

Relatore	Silvano Presciuttini
1999: Laurea	Scienze Biologiche (110 e lode)
Tesi	Risposta e fotorisposta di <i>Ophryoglena flava</i> a radiazioni ultraviolette
Università	Università di Pisa
Data	19/07/1999
Relatori	Giuliano Colombetti e Roberto Marangoni
Lingue	Inglese (avanzato), Tedesco (base)
Indicatori	Web of Science: Total citations 6682 , H-index 30 Google Scholar: Total citations 11023 , H-index 35 Scopus: Total citations 7170 , H-index 31
Pubblicazioni	<ol style="list-style-type: none"> Rossi A, Marroni F, Renoldi N, Di Filippo G, Gover E, Marino M, Innocente N, An integrated approach to explore the microbial biodiversity of natural milk cultures for cheesemaking, <i>Journal of Dairy Science</i>, 2024 Buoso S, Lodovici A, Salvatori N, Tomasi N, Arkoun M, Maillard A, Marroni F, Alberti G, Peressotti A, Pinton R, Zanin L, Nitrogen nutrition and xylem sap composition in Zea mays: effect of urea, ammonium and nitrate on ionic and metabolic profiles, <i>Plant Science</i>, 2023, 336, 111825. Zanni V, Frizzera D, Marroni F, Seffin E, Annoscia D, Nazzi F, Age-related response to mite parasitization and viral infection in the honey bee suggests a trade-off between growth and immunity, <i>PLoS One</i>, 2023, 18(7), e0288821 Savian F, Marroni F, Ermacora P, Firrao G, Martini M, A metabarcoding approach to investigate fungal and oomycete communities associated with kiwifruit vine decline syndrome in Italy, <i>Phytobiomes Journal</i>, 2022, 6(4), 290-304 Sillo F, Brunetti C, Marroni F, Vita F, dos Santos Nascimento LB, Vizzini A, Mello A, Balestrini R, Systemic effects of Tuber melanosporum inoculation in two Corylus avellana genotypes, <i>Tree Physiology</i>, 2022, 42 (7), 1463-1480. Paxton RJ, Schäfer MO, Nazzi F, Zanni V, Annoscia D, Marroni F, Bigot D, Laws-Quinn ER, Panziera D, Jenkins C, Shafiey H: Epidemiology of a major honey bee pathogen, deformed wing virus: potential worldwide replacement of genotype A by genotype B. <i>International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife</i> 2022, 18, 157-171 Buoso S, Musetti R, Marroni F, Calderan A, Schmidt W, Santi S: Infection by phloem-limited phytoplasma affects mineral nutrient homeostasis in tomato leaf tissues <i>Journal of Plant Physiology</i> 2022 271, 153659 Magris G, Marroni F, D'Agaro E, Vischi M, Chiabà C, Scaglione D, Kijas J, Messina M, Tibaldi E, Morgante M: ddRAD-seq reveals the genetic structure and detects signals of selection in Italian brown trout. <i>Genetics Selection Evolution</i>. 2022. 54(1), 1-14 Di Gaspero G, Radovic S, De Luca E, Spadotto A, Magris G, Falginella L, Cattonaro F, Marroni F: Evaluation of sensitivity and specificity in RNA-Seq-based detection of grapevine viral pathogens. <i>Journal of Virological Methods</i>. 2022. 300 114383. Magris <i>et al.</i>, The genomes of 204 Vitis vinifera accessions reveal the origin of European wine grapes. <i>Nature communications</i>. 2021. 12(1), 1-12. Sherbina K, León-Novelo LG, Nuzhdin SV, McIntyre LM, Marroni F: Power calculator for detecting allelic imbalance using hierarchical Bayesian model. <i>BMC research notes</i>. 2021. 14(1) 1-18. Buoso S, Tomasi N, Arkoun M, Maillard A, Jing L, Marroni F, Pluchon S, Pinton R, Zanin L: Transcriptomic and metabolomic profiles of Zea mays fed with urea and ammonium. <i>Physiologia plantarum</i>. 2021. 173(3) 935-953. Miculan M, Nelissen H, Ben Hassen M, Marroni F, Inze D, Pè ME, Dell'Acqua M: A forward genetics approach integrating genome-wide association study and expression quantitative trait locus mapping to dissect leaf development in maize (Zea mays). <i>The Plant journal: for cell and molecular biology</i>. 2021. 107 (4), 1056-1071. Miller BR, Morse AM, Borgert JE, Liu Z, Sinclair K, Gamble G, Zou F, Newman

- JRB, León-Novelo LG, Marroni F, McIntyre LM: **Testcrosses are an efficient strategy for identifying cis-regulatory variation: Bayesian analysis of allele-specific expression (BayesASE)**. *G3*. 2021. 11 (5) jkab096.
15. Valadares R, Marroni F, Sillo F, Oliveira RRM, Balestrini R, Perotto S: **A Transcriptomic Approach Provides Insights on the Mycorrhizal Symbiosis of the Mediterranean Orchid *Limodorum abortivum* in Nature**. *Plants* 2021. 10(2), 251.
 16. Misson G, Mainardis M, Marroni F, Peressotti A, Goi D: **Environmental methane emissions from seagrass wrack and evaluation of salinity effect on microbial community composition**. *Journal of Cleaner Production*. 2020 12546
 17. Ciani E, *et al.* **On the origin of European sheep as revealed by the diversity of the Balkan breeds and by optimizing population-genetic analysis tools**. *Genetics Selection Evolution*. 2020 52, 1-14.
 18. Pinosio S, Marroni F, Zuccolo A, Vitulo N, Mariette S, Sonnante G, Aravanopoulos FA, Ganopoulos I, Palasciano M, Vidotto M, Magris G, Iezzoni A, Vendramin GG, Morgante M. **A draft genome of sweet cherry (*Prunus avium* L.) reveals genome-wide and local effects of domestication**. *The Plant Journal*. 2020. 103 (4), 1420-1432
 19. Marino M, Dubsy de Wittenau G, Saccà E, Cattonaro F, Spadotto A, Innocente N, Radovic S, Piasentier E, Marroni F. **Metagenomic profiles of different types of Italian high-moisture Mozzarella cheese**. *Food microbiology* 2019 79:123-131.
 20. Leon-Novelo L, Gerken AR, Graze RM, McIntyre LM, Marroni F. **Direct Testing for Allele-Specific Expression Differences Between Conditions**. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 2017 doi: 10.1534/g3.117.300139
 21. Marroni F, Scaglione D, Pinosio S, Policriti A, Miculan M, Di Gaspero G, Morgante M. **Reduction of heterozygosity (ROH) as a method to detect mosaic structural variation**. *Plant Biotechnol J*. 2017 Jan 5. doi: 10.1111/pbi.12691.
 22. Pinosio S, Giacomello S, Faivre-Rampant P, Taylor G, Jorge V, Le Paslier MC, Zaina G, Bastien C, Cattonaro F, Marroni F, Morgante M. **Characterization of the Poplar Pan-Genome by Genome-Wide Identification of Structural Variation**. *Mol Biol Evol*. 2016 Oct;33(10):2706-19. doi: 10.1093/molbev/msw161
 23. International Peach Genome Initiative, Verde I, Abbott AG, Scalabrin S, Jung S, Shu S, Marroni F, Zhebentyayeva T, Dettori MT, Grimwood J, Cattonaro F, Zuccolo A, Rossini L, Jenkins J, Vendramin E, Meisel LA, Decroocq V, Sosinski B, Prochnik S, Mitros T, Policriti A, Cipriani G, Dondini L, Ficklin S, Goodstein DM, Xuan P, Del Fabbro C, Aramini V, Copetti D, Gonzalez S, Horner DS, Falchi R, Lucas S, Mica E, Maldonado J, Lazzari B, Bielenberg D, Pirona R, Miculan M, Barakat A, Testolin R, Stella A, Tartarini S, Tonutti P, Arús P, Orellana A, Wells C, Main D, Vizzotto G, Silva H, Salamini F, Schmutz J, Morgante M, Rokhsar DS. **The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution**. *Nat Genet*. 2013 May;45(5):487-94.
 24. Dastani Z, *et al.* **Novel loci for adiponectin levels and their influence on type 2 diabetes and metabolic traits: a multi-ethnic meta-analysis of 45,891 individuals**. *PLoS Genet*. 2012;8(3):e1002607.
 25. Marroni F, Pinosio S, Di Centa E, Jurman I, Boerjan W, Felice N, Cattonaro F, Morgante M. **Large-scale detection of rare variants via pooled multiplexed next-generation sequencing: towards next-generation Ecotilling**. *Plant J*, 2011 Aug;67(4):736-45.
 26. Marroni F, Pinosio S, Zaina G, Fogolari F, Felice N, Cattonaro F, Morgante M. **Nucleotide diversity and linkage disequilibrium in *Populus nigra* cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD4) gene**. *Tree Genetics and Genomes*, 2011, 7(5): 1011-23.
 27. Teslovich TM *et al.* **Biological, clinical and population relevance of 95 loci for blood lipids**. *Nature*, 2010 Aug 5;466(7307):707-13.
 28. Pichler I, Fuchsberger C, Platzer C, Calişkan M, Marroni F, Pramstaller PP, Ober C. **Drawing the history of the Hutterite population on a genetic landscape: inference from Y-chromosome and mtDNA genotypes**. *Eur J Hum Genet*. 2010 18(4):463-70.

29. Pichler I, Marroni F, Pattaro C, Lohmann K, de Grandi A, Klein C, Hicks AA, Pramstaller PP. **Parkin gene modifies the effect of RLS4 on the age at onset of restless legs syndrome (RLS).** *Am J Med Genet B Neuropsychiatr Genet*, **2010**; Jan 5;153B(1):350-5.
30. Hicks AA *et al.* **Genetic determinants of circulating sphingolipid concentrations in European populations.** *PLoS Genet*. 2009 Oct;5(10):e1000672.
31. Marroni F, Pfeufer A, Aulchenko YS, Franklin CS, Isaacs A, Pichler I, Wild SH, Oostra BA, Wright AF, Campbell H, Witteman JC, Kääb S, Hicks AA, Gyllensten U, Rudan I, Meitinger T, Pattaro C, van Duijn CM, Wilson JF, Pramstaller PP, on behalf of the EUROSPAN Consortium. **A Genome-Wide Association Scan of RR and QT Interval Duration in 3 European Genetically Isolated Populations: The EUROSPAN Project.** *Circ Cardiovasc Genet*, **2009** Aug; 2: 322 - 328.
32. Pattaro C, Aulchenko YS, Isaacs A, Vitart V, Hayward C, Franklin CS, Polasek O, Kolcic I, Biloglav Z, Campbell S, Hastie N, Lauc G, Meitinger T, Oostra BA, Gyllensten U, Wilson JF, Pichler I, Hicks AA, Campbell H, Wright AF, Rudan I, van Duijn CM, Riegler P, Marroni F, Pramstaller PP; EUROSPAN Consortium. **Genome-wide linkage analysis of serum creatinine in three isolated European populations.** *Kidney Int*. 2009 Aug;76(3):297-306.
33. Johansson A, Marroni F, Hayward C, Franklin CS, Kirichenko AV, Jonasson I, Hicks AA, Vitart V, Isaacs A, Axenovich T, Campbell S, Dunlop MG, Floyd J, Hastie N, Hofman A, Knott S, Kolcic I, Pichler I, Polasek O, Rivadeneira F, Tenesa A, Uitterlinden AG, Wild SH, Zorkoltseva IV, Meitinger T, Wilson JF, Rudan I, Campbell H, Pattaro C, Pramstaller P, Oostra BA, Wright AF, van Duijn CM, Aulchenko YS, Gyllensten U; EUROSPAN Consortium.: **Common variants in the JAZF1 gene associated with height identified by linkage and genome-wide association analysis.** *Hum Mol Genet*. **2009** Jan 15;18(2):373-80.
34. Aulchenko YS, *et al.* **Loci influencing lipid levels and coronary heart disease risk in 16 European population cohorts.** *Nat Genet*. **2009** Jan;41(1):47-55.
35. Pichler I, Marroni F, Beu Volpato C, Gusella JF, Kleine C, Casari G, De Grandi A, Pramstaller PP: **Linkage Analysis Identifies a Novel Locus for Restless Legs Syndrome on Chromosome 2q in a South Tyrolean Population Isolate.** *American Journal of Human Genetics* **2006** 79(4):716-23.
36. Marroni F, *et al*: **Penetrances of breast and ovarian cancer in a large series of families tested for BRCA1/2 mutations.** *European Journal of Human Genetics* **2004**;12(11):899-906.
37. Marroni F, *et al*: **Evaluation of widely used models for predicting BRCA1 and BRCA2 mutations.** *Journal of Medical Genetics* **2004**;41(4):278-85.

Esperienze come Visiting Scientist

Ottobre 2004: Johns Hopkins University, Department of Biostatistics, Baltimore, MD, USA (prof. Giovanni Parmigiani)

Giugno 2006: Medical Research Council, Human Genetics Unit, Western General Hospital, Edinburgh, Scotland, UK (Dr. Veronique Vitart)

19 Agosto - 8 Settembre 2014: INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. Visita nell'ambito del progetto DEANN (Grant: PIRSES-GA-2013-612583). Riferimento: Norma Paniego

17 Agosto - 7 Settembre 2015: Langebio/CINVESTAV, Irapuato Mexico. Visita nell'ambito del progetto DEANN (Grant: PIRSES-GA-2013-612583). Riferimento: Rafael Montiel

15 Agosto - 23 Settembre 2016: Università della Florida, Gainesville, FL, USA. Visita nell'ambito del progetto DEANN (Grant: PIRSES-GA-2013-612583).

Riferimento: Lauren McIntyre

21 Agosto - 28 Settembre 2017: Università della Florida, Gainesville, FL, USA. Visita nell'ambito del progetto DEANN (Grant: PIRSES-GA-2013-612583).

Riferimento: Matias Kirst

20-28 Gennaio 2024 e 21-30 Giugno 2024: Università della Florida, Gainesville, FL, USA. Visita presso Lauren McIntyre

Progetti di ricerca

- 2022-2024** Progetto PRIN: Telomere-to-telomere sequencing: the new era of Centromere and neocentromere eVolution (CenVolution), codice 2022E8NN2N
- 2022-2024** Artificial Intelligence: Progetto interdepartimentale e interdisciplinare dell'Università degli studi di Udine
- 2021-2026** SEEDFORCE: Using SEED banks to restore and reinFORCE the endangered native plants of Italy (LIFE20 NAT/IT/001468)
- 2019-2020** GenSal: Genomic analysis of brown trout (*Salmo trutta*), finanziato dall'Università degli Studi di Udine.
- 2014-2017** DEANN: Developing an European American NGS Network (PIRSSES-GA-2013-612583)
- 2012-2017** NOVABREED: Novel variation in plant breeding and the plant pan-genomes (ERC 294780)
- 2008-2012** ENERGYPOPLAR:
Enhancing Poplar Traits for Energy Applications (FP7, grant 211917)
- 2005-2008** EUROSPAN: EUROpean special populations research Network: quantifying and harnessing genetic variation for gene discovery (FP6, Grant Number LSHG-CT-2006-018947)

Organizzazione di corsi e conferenze

- 2018** Direttore scientifico dei corsi di bioinformatica "Data Crunching: from hell to heaven" (Udine, 25-27 Luglio) ed "Epigenetics: on the top of Genetics" (Udine, 4-7 Settembre).
Direttore scientifico del corso ECM : "Next Generation Diagnostics: la diagnostica ai tempi del sequenziamento di nuova generazione" Udine, 22 Giugno.
- 2016** Membro del comitato organizzatore del corso di bioinformatica: "Bioinformatica per tutto, bioinformatica per tutti" organizzato per conto della Società Italiana di Genetica Agraria, Udine 28 Giugno – 1 Luglio
- 2015** Nell'ambito del progetto DEANN, membro del comitato organizzatore del Workshop "On top of genetics" Udine, 22-23 Giugno

Presentazioni

- 2022** Winter School in Agricultural Chemistry (ACWS), 14-17 Febbraio, Udine
- 2018** BITS, congresso della Società Italiana di Bioinformatica, 27-29 Giugno, Torino.
- 2014** GRAcious symposium on grape genetics, genomics and physiology (Sde Boqer, Israel, October 29-31, 2014)
Bioinformatiha 3 (Pisa, October 20, 2014)
Genomics meets metabolomics (IGA, Udine, 05/10/2014)
Scuola Superiore Sant'Anna, Pisa (05/03/2014)
- 2013** IGA Technology services (Watbio)
Università di Udine (Giornata di studio sui Big Data)
- 2012** METLA, Helsinki (Noveltree)
IGA Technology services (Udine)

Attività come editor e reviewer

Editor per le seguenti riviste peer reviewed: Scientific Data, Frontiers in Plants Science (Technical Advances).
Reviewer per le seguenti riviste peer reviewed: BMC Genetics, BMC genomics, Journal of Genetics, PLoS One, Molecular Ecology, European Journal of Human Genetics, Human Mutation, Journal of Medical Genetics, Tree Genetics and Genomes, Journal of the American Society for Horticultural Science, Clinical Genetics, Human Molecular Genetics, Human Biology, Journal of Experimental Botany, Molecular Biology Reports, Plant Science, Plant Genetic Resources, Scientific Reports

Attività come Reviewer di Grants

Commissione Europea, Malta Council for Science and Technology, Czech Science Foundation, National Research Foundation of South Africa, Regione Autonoma Sardegna

Premi

- 2011** New Phytologist Trust travel grant: 26th New Phytologist Symposium "Bioenergy trees".

2017	Recipiente del "Finanziamento delle attività base di ricerca" (3000 Euro)
2019-2020	Finanziamento "Short mission" per brevi soggiorni all'estero, per la proposta Scaling up Genomics in Aquaculture, Univeristà di Udine (10000 Euro)
Articoli di divulgazione	Marroni F: La misura dell'isolamento . Academia N.42, Dicembre 2006. Marroni F: Viaggi genetici? No grazie . Academia N.45, Dicembre 2007.
Abilità professionali	Esperienza con metodi statistici di analisi di lineage e di associazione per mappatura di tratti qualitativi, quantitativi e di eQTL. Esperienza in genetica di popolazioni: differenziazione di popolazioni, Linkage Disequilibrium, datazione di mutazioni, inferenza di aplotipi, ricerca di segnali di selezione Esperienza in anlisi di dati di Next Generation Sequencing
Abilità di laboratorio	Elettroforesi, estrazione di acidi nucleici, PCR, sequenziamento Sanger, preparazione di librerie per next generation sequencing.
Abilità di programmazione	R, shell
Interessi di ricerca	Metagenomica Studio di espressione genica mediante RNAseq Genome Wide Association Mapping, QTL mapping, eQTL mapping Genetica di popolazioni Genomica Identificazione di varianti a singolo nucleotide e di varianti strutturali
Interessi e hobbies	Attore teatrale non professionista Tessuti aerei Autore non professionista di racconti e poesie. Socio fondatore di Kaleidoscienza, associazione dedicata ad avvicinare i cittadini alla scienza

Fabio Marroni