

CURRICULUM VITAE

Francesca Antonacci

DATI PERSONALI

Nome Francesca
Cognome Antonacci
Codice fiscale ██████████
Cittadinanza Italiana
Data di nascita ██████████
e-mail francesca.antonacci@uniba.it

ISTRUZIONE

7 Marzo 2008 Conseguimento del titolo di Dottore di Ricerca in Genetica ed Evoluzione Molecolare presso l'Università degli Studi di Bari "Aldo Moro"

22 Luglio 2004 Laurea magistrale in Scienze Biologiche presso l'Università degli Studi di Bari "Aldo Moro" con la votazione di 110/110 e lode

QUALIFICHE ACCADEMICHE

18 Novembre 2020 Abilitazione Scientifica Nazionale (ASN) alle funzioni di professore universitario di I Fascia per il settore concorsuale 05/I1, Genetica (BIO/18) (BANDO D.D. 2175/2018)

19 Ottobre 2018 Abilitazione Scientifica Nazionale (ASN) alle funzioni di professore universitario di I Fascia per il settore concorsuale 06/A1, Genetica Medica (MED/03) (BANDO D.D. 1532/2016)

ESPERIENZE PROFESSIONALI

Da Febbraio 2020 ad oggi **Professore associato (PA)** per il settore scientifico-disciplinare BIO/18 GENETICA presso il Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Bari "Aldo Moro"

Da Luglio 2012 a Febbraio 2020 Ricercatore a tempo indeterminato (RU) per il settore scientifico-disciplinare BIO/18 GENETICA presso il Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Bari "Aldo Moro"

Da Novembre 2007 a Luglio 2012 Postdoctoral fellow presso il laboratorio del Prof. ██████████, Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle WA (USA). Progetto di ricerca: "Variabilità strutturale del genoma di primati umani e non umani" (settore scientifico-disciplinare BIO/18)

Da Ottobre 2008 a Settembre 2010 Tirocinio presso il laboratorio di *Clinical Cytogenetics* della Division of Medical Genetics in the Department of Medicine, University of Washington, Seattle WA (USA)

- Da Marzo 2007
a Giugno 2007** Esperienza di lavoro all'estero come *Visiting Scholar* nell'ambito del dottorato in Genetica ed Evoluzione Molecolare presso il laboratorio del Prof. ██████████, Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle WA (USA) Progetto di ricerca: "Caratterizzazione di varianti d'inversione nelle popolazioni umane"
- Da Maggio 2006
a Dicembre 2006** Esperienza di lavoro all'estero come *Visiting Scholar* nell'ambito del dottorato in Genetica ed Evoluzione Molecolare presso il laboratorio del Prof. ██████████, Center for Medical Genetics, Ghent University Hospital, Ghent (Belgio). Progetto: "Duplicazioni segmentali: hotspot di instabilità genomica in uomo e primati"
- Da Novembre 2004
ad Ottobre 2007** Dottorato di ricerca in "Genetica ed Evoluzione Molecolare" XX ciclo, presso l'Università degli Studi di Bari, coordinato dal Prof. ██████████. Titolo della tesi: "Dinamiche Evolutive Di Un Neocentromero In *Macaca Mulatta*"
- Da Marzo 2003
a Luglio 2004** Internato pre-laurea in Citogenetica, presso il laboratorio del Prof. ██████████ (Dipartimento di Genetica e Microbiologia dell'Università degli Studi di Bari) Titolo della tesi: "Genesi dei neocentromeri: un suggerimento dalla *Macaca mulatta*"

INCARICHI ACCADEMICI

- Dal 4 Giugno 2021** Coordinatore del Master di II livello in "Citogenomica clinica e laboratorio di citogenetica" dell'Università degli Studi di Bari per l'a.a. 2021-2022
- Dal 2021** Componente del Collegio dei Docenti del Dottorato Di Ricerca In "Bioscienze e biotecnologie" (Indirizzo in Genetica, Microbiologia ed Evoluzione Molecolare - Settore Scientifico disciplinare: BIO/18) dell'Università degli Studi di Bari (XXXVII ciclo)
- Dal 29 Maggio 2019** Membro del Comitato Tecnico Scientifico del Master di II livello in "Citogenomica clinica e laboratorio di citogenetica" dell'Università degli Studi di Bari
- Dal 2016
al 13-07-2021** Delegato ERASMUS+ del Dipartimento di Biologia dell'Università degli Studi di Bari
- Dal 2013 ad oggi** Componente del Collegio dei Docenti del Dottorato Di Ricerca In "Biodiversità, Agricoltura E Ambiente" (Indirizzo in Genetica ed evoluzione molecolare e strutturale - Settore Scientifico disciplinare: BIO/18) dell'Università degli Studi di Bari (XXIX ciclo, XXXI ciclo, XXXII ciclo, XXXIII ciclo, XXXIV ciclo, XXXV ciclo, XXXVI; durata 3 anni per ciascun ciclo)
- 2012-2015** Componente del Collegio dei Docenti del Dottorato Di Ricerca In "Scienze Evoluzionistiche Ed Ambientali" XXVIII ciclo (Indirizzo In Genetica Ed Evoluzione Molecolare E Strutturale - Settore Scientifico

disciplinare: BIO/18) dell'Università degli Studi di Bari (XXVIII ciclo; durata 3 anni)

COMMISSIONI CONCORSO

- 20/09/2021** Componente aggregato della Commissione esaminatrice del concorso per l'ammissione ai corsi di laurea a numero programmato attivati presso i Dipartimenti di Biologia; Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica; Farmacia-Scienze del Farmaco di questa Università, per l'Anno Accademico 2021/2022 (Decreto del Rettore n. 2809 Del 07/09/2021)
- 07/09/2020** Componente della commissione esaminatrice prevista dal Bando di vacanza per gli insegnamenti di Inglese, Informatica, Metodologie BIO/10, Legislazione ambientale, Ecofisiologia animale, Biologia molecolare, Matematica e Fisica per l'a.a. 2020/2021, di cui all'allegato A del D.D. n. 27 del 03/07/2020 (Decreto del Direttore n. 37 del 02/09/2020).
- 2/09/2029** Componente della commissione esaminatrice del concorso di ammissione al Dottorato Di Ricerca In "Biodiversità, Agricoltura E Ambiente" XXXV ciclo dell'Università degli Studi di Bari "Aldo Moro".
- 11/09/2019** Componente della commissione esaminatrice prevista dal Bando di vacanza per gli insegnamenti di Inglese, Informatica e Metodologie BIO/10 per l'a.a. 2019/2020, di cui al D.D. n. 35 del 10/07/2019 (Decreto del Direttore n. 45 del 10/09/2019).
- 25/07/2018** Componente della commissione esaminatrice prevista dai Bandi di vacanza per gli insegnamenti di Inglese, Informatica e Metodologie BIO/10 per l'a.a. 2018/2019, di cui al D.D. n. 45 del 04/06/2018 e al D.D. n. 58 del 25/06/2018 (Decreto del Direttore n. 69 del 18/07/2018).

ATTIVITA' DIDATTICA

- A.A. 2020/2021** Titolare del modulo di *Sequenziamento e tecnologie NGS applicate alla citogenetica*, Università degli Studi di Bari, Master di II livello in "Citogenomica clinica e laboratorio di citogenetica" dell'Università degli Studi di Bari (25 ore di didattica frontale + 20 ore di esercitazione)
- A.A. 2020/2021** Titolare del corso di *Genetica umana e evoluzione*, Università degli Studi di Bari, Corso di Laurea Magistrale in Biologia, Cellulare e Molecolare (6 CFU di didattica frontale + 1 CFU di esercitazioni)
- A.A. 2019/2020** Titolare del modulo di *Sequenziamento e tecnologie NGS applicate alla citogenetica*, Università degli Studi di Bari, Master di II livello in "Citogenomica clinica e laboratorio di citogenetica" dell'Università degli Studi di Bari (25 ore di didattica frontale + 20 ore di esercitazione)
- A.A. 2019/2020** Titolare del corso di *Genetica e biometria*, Università degli Studi di Bari, Corso di Laurea Triennale in Biotecnologie Industriali e Agro-

Alimentari (6 CFU, 52 ore)

A.A. 2019/2020 Titolare del corso di *Strumenti, metodi e comunicazione della ricerca scientifica nel campo della genomica evolutiva*, Università degli Studi di Bari, Dottorato Di Ricerca In "Biodiversita', Agricoltura E Ambiente" XXXV ciclo – curriculum in Genetica ed evoluzione molecolare e strutturale (2 CFU, 20 ore)

A.A. 2018/2019 Titolare del corso di *Genomica Applicata e Tecniche di Sequenziamento*, Università degli Studi di Bari, Dottorato Di Ricerca In "Biodiversita', Agricoltura E Ambiente" XXXIV ciclo – curriculum in Genetica ed evoluzione molecolare e strutturale (6 CFU, 60 ore)

A.A. 2017/2018
A.A. 2018/2019 Titolare del corso di *Genomica Applicata*, Università degli Studi di Bari, Corso di Laurea Magistrale in Biologia, Cellulare e Molecolare (3 CFU, 24 ore)

Da A.A. 2012/2013
a A.A. 2016/2017 Titolare del corso di *Genomica*, Università degli Studi di Bari, Corso di Laurea Magistrale in Biologia, Cellulare e Molecolare (3 CFU, 24 ore)

SUPERVISIONE TESI DI LAUREA MAGISTRALE E DI DOTTORATO

2012-ad oggi Supervisione di 3 tesi di Dottorato Di Ricerca In "Biodiversita', Agricoltura E Ambiente" (curriculum in Genetica ed evoluzione molecolare e strutturale), di 6 tesi sperimentali di Laurea magistrale in Biologia, Cellulare e Molecolare, 14 tesi di laurea triennale in Scienze Biologiche e 1 tesi di laurea triennale in Biotecnologie mediche e farmaceutiche.

BORSE DI STUDIO E AWARDS

2012 ISSNAF (Italian Scientists and Scholars of North America Foundation) YOUNG INVESTIGATOR AWARD 2012 – FINALIST (www.issnaf.org/awards-finalists.html)

2006 EMBO Short term fellowship (ASTF 356-2006) per il progetto "Segmental duplication: hot spots of evolutionary and contemporary change". Il progetto e' stato portato avanti presso il laboratorio del Prof. [REDACTED], Center for Medical Genetics, Ghent University Hospital, Ghent (Belgio)

FINANZIAMENTI

2018-2020 Responsabile Scientifico del finanziamento di Ateneo "Contributo ordinario di supporto alla ricerca 2015/2016". Titolo del progetto: "Variabilità strutturale nei genomi di uomo e primati" (settore scientifico-disciplinare BIO/18)

2017-2020 Responsabile Scientifico del "Finanziamento delle attività base di ricerca" per il settore scientifico-disciplinare BIO/18 (Avviso pubblico di ANVUR n. 20/2017 del 15-06-2017)

- 2017-2020** Responsabile Scientifico del Progetto di Ricerca finanziabile con Fondi di Ateneo (contributo del Consiglio di Amministrazione per PRIN2015 con valutazione eccellente ma non ammessi al finanziamento) dal titolo "Structural variation of the human genome and its role in reproductive failure" (settore scientifico-disciplinare BIO/18)
- 2016-2018** Responsabile Scientifico del progetto FONDAZIONE CASSA DI RISPARMIO DI PUGLIA dal titolo "Varianti d'inversione nei genomi di uomo e primati" (settore scientifico-disciplinare BIO/18)

PRESENTAZIONI COME INVITED SPEAKER

- 2021**
15/01 Webinar, CNR Institute of Genetics and Biophysics (IGB) "Inversion variants in human and primate genomes"
- 2020**
11-13/11 XXIII Congresso Nazionale SIGU, Virtual edition
Presentazione orale come Invited speaker: "Evolutionary genomic inversions and recurrent rearrangements associated with disease"
- 2019**
26-28/09 Joint meeting AGI-SIMAG, Cortona, Italy
Presentazione orale come Invited speaker: "Structural plasticity of the human genome in disease and evolution"
- 2019**
06-09/07 12th European Cytogenomics Conference, Salzburg, Austria.
Presentazione orale come Invited speaker: "Inversion Variants in the Human Genome"
- 2015**
04-07/07 10th European Cytogenetics Conference, Strasbourg, France
Presentazione orale come Invited speaker: "SDs, CNVs and complex regions of the human genome"
- 2013**
12-13/04 8th International Meeting on CNVs and Genes in Intellectual Disability and Autism, Troina, Italia. Presentazione orale come Invited speaker: "Inversion polymorphisms and disease predisposition"

ATTIVITÀ DI EDITORIA E DI VALUTAZIONE SCIENTIFICA

- Revisore di riviste scientifiche internazionali *Nature Communications* (IF 12,3)
Genome Research (IF 10,1)
PLOS Genetics (IF 5,5)
European Journal of Human Genetics (IF 3,6)
- Dal 05/2020** Editorial Board, rivista scientifica internazionale *Genes* (IF 3.759), 'Molecular Genetics and Genomics' section
- 2019** Guest Editor della rivista scientifica internazionale *Genes* (IF 3.759) per lo special Issue "A Tale of Genes and Genomes"
- 2019** Revisore per progetti del Travel grant *Germaine de Staël* in "Biology, medicine, health"
- 2016** Revisore per le valutazioni scientifiche di progetti di ricerca del Research Foundation - Flanders (FWO) per l'Expert Panel di "Genetics,

2016

Valutatore nell'ambito della valutazione universitaria VQR 2011-2014

PRODUZIONE SCIENTIFICA E INDICATORI BIBLIOMETRICI

42 pubblicazioni su riviste scientifiche internazionali

Indice di Hirsch/H-index (fonte Scopus): 24

Numero totale di citazioni (fonte Scopus): 4440

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI

42. Cellamare A, Coccaro N, Nuzzi MC, Casieri P, Tampoia M, Maggiolini FAM, Gentile M, Ficarella R, Ponzi E, Conserva MR, Cardarelli L, Panarese A, **Antonacci F***, Gesario A*.

*** Corresponding authors contributed equally to this work.**

Cytogenetic and Array-CGH Characterization of a Simple Case of Reciprocal t(3;10) Translocation Reveals a Hidden Deletion at 5q12.

Genes (Basel). 2021 Jun 7;12(6):877. doi: 10.3390/genes12060877.

41. Ventura M*, **Antonacci F***.

*** Corresponding authors contributed equally to this work.**

Special Issue: A Tale of Genes and Genomes.

Genes (Basel). 2021 May 19;12(5):774. doi: 10.3390/genes12050774.

40. Mao Y, Catacchio CR, Hillier LW, Porubsky D, Li R, Sulovari A, Fernandes JD, Montinaro F, Gordon DS, Storer JM, Haukness M, Fiddes IT, Murali SC, Dishuck PC, Hsieh P, Harvey WT, Audano PA, Mercuri L, Piccolo I, **Antonacci F**, Munson KM, Lewis AP, Baker C, Underwood JG, Hoekzema K, Huang TH, Sorensen M, Walker JA, Hoffman J, Thibaud-Nissen F, Salama SR, Pang AWC, Lee J, Hastie AR, Paten B, Batzer MA, Diekhans M, Ventura M, Eichler EE.

A high-quality bonobo genome refines the analysis of hominid evolution.

Nature. 2021 Jun;594(7861):77-81. doi: 10.1038/s41586-021-03519-x.

39. Warren WC, Harris RA, Haukness M, Fiddes IT, Murali SC, Fernandes J, Dishuck PC, Storer JM, Raveendran M, Hillier LW, Porubsky D, Mao Y, Gordon D, Vollger MR, Lewis AP, Munson KM, DeVogelaere E, Armstrong J, Diekhans M, Walker JA, Tomlinson C, Graves-Lindsay TA, Kremitzki M, Salama SR, Audano PA, Escalona M, Maurer NW, **Antonacci F**, Mercuri L, Maggiolini FAM, Catacchio CR, Underwood JG, O'Connor DH, Sanders AD, Korbelt JO, Ferguson B, Kubisch HM, Picker L, Kalin NH, Rosene D, Levine J, Abbott DH, Gray SB, Sanchez MM, Kovacs-Balint ZA, Kemnitz JW, Thomasy SM, Roberts JA, Kinnally EL, Capitanio JP, Skene JHP, Platt M, Cole SA, Green RE, Ventura M, Wiseman RW, Paten B, Batzer MA, Rogers J, Eichler EE.

Sequence diversity analyses of an improved rhesus macaque genome enhance its biomedical utility.

Science. 2020 Dec 18;370(6523):eabc6617. doi: 10.1126/science.abc6617.

38. Maggiolini FAM, Sanders AD, Shew CJ, Sulovari A, Mao Y, Puig M, Catacchio CR, Dellino M, Palmisano D, Mercuri L, Bitonto M, Porubský D, Cáceres M, Eichler EE, Ventura M, Dennis MY, Korbelt JO, **Antonacci F**

Single-cell strand sequencing of a macaque genome reveals multiple nested inversions and breakpoint reuse during primate evolution
Genome Res. 2020 Oct 22. doi: 10.1101/gr.265322.120. Online ahead of print.

37. Porubsky D, Sanders AD, Höps W, Hsieh P, Sulovari A, Li R, Mercuri L, Sorensen M, Murali SC, Gordon D, Cantsilieris S, Pollen AA, Ventura M, **Antonacci F**, Marschall T, Korbel JO, Eichler EE.
Recurrent inversion toggling and great ape genome evolution.
Nat Genet. 2020 Aug;52(8):849-858. doi: 10.1038/s41588-020-0646-x. Epub 2020 Jun 15.
36. Maggiolini FAM, Mercuri L, **Antonacci F**, Anaclerio F, Calabrese FM, Lorusso N, L'Abbate A, Sorensen M, Giannuzzi G, Eichler EE, Catacchio CR, Ventura M.
Evolutionary Dynamics of the POTE Gene Family in Human and Nonhuman Primates.
Genes (Basel). 2020 Feb 18;11(2):213. doi: 10.3390/genes11020213.
35. Hsieh P, Vollger MR, Dang V, Porubsky D, Baker C, Cantsilieris S, Hoekzema K, Lewis AP, Munson KM, Sorensen M, Kronenberg ZN, Murali S, Nelson BJ, Chiatante G, Maggiolini FAM, Blanché H, Underwood JG, **Antonacci F**, Deleuze JF, Eichler EE.
Adaptive archaic introgression of copy number variants and the discovery of previously unknown human genes.
Science. 2019 Oct 18;366(6463):eaax2083. doi: 10.1126/science.aax2083.
34. Maggiolini FAM, Cantsilieris S, D'Addabbo P, Manganelli M, Coe BP, Dumont BL, Sanders AD, Pang AWC, Vollger MR, Palumbo O, Palumbo P, Accadia M, Carella M, Eichler EE, **Antonacci F**.
Genomic inversions and GOLGA core duplicons underlie disease instability at the 15q25 locus.
PLoS Genet. 2019 Mar 27;15(3):e1008075. doi: 10.1371/journal.pgen.1008075.
33. Catacchio CR*, Maggiolini FAM*, D'Addabbo P, Bitonto M, Capozzi O, Lepore Signorile M, Miroballo M, Archidiacono N, Eichler EE, Ventura M, **Antonacci F**.
* These authors contributed equally to this work.
Inversion variants in human and primate genomes.
Genome Res. 2018 Jun;28(6):910-920. doi: 10.1101/gr.234831.118.
32. Dennis MY, Harshman L, Nelson BJ, Penn O, Cantsilieris S, Huddleston J, **Antonacci F**, Penewit K, Denman L, Raja A, Baker C, Mark K, Malig M, Janke N, Espinoza C, Stessman HAF, Nuttle X, Hoekzema K, Lindsay-Graves TA, Wilson RK, Eichler EE.
The evolution and population diversity of human-specific segmental duplications.
Nat Ecol Evol. 2017;1. pii: 0069. doi: 10.1038/s41559-016-0069. Epub 2017 Feb 17.
31. Dougherty ML, Nuttle X, Penn O, Nelson BJ, Huddleston J, Baker C, Harshman L, Duyzend MH, Ventura M, **Antonacci F**, Sandstrom R, Dennis MY, Eichler EE.
The birth of a human-specific neural gene by incomplete duplication and gene fusion.
Genome Biol. 2017 Mar 9;18(1):49. doi: 10.1186/s13059-017-1163-9.
30. Eslami Rasekh M, Chiatante G, Miroballo M, Tang J, Ventura M, Amemiya CT, Eichler EE, **Antonacci F***, Alkan C*.
* **Corresponding authors contributed equally to this work.**
Discovery of large genomic inversions using long range information.

BMC Genomics. 2017 Jan 10;18(1):65. doi: 10.1186/s12864-016-3444-1.

29. Nuttle X, Giannuzzi G, Duyzend MH, Schraiber JG, Narvaiza I, Sudmant PH, Penn O, Chiatante G, Malig M, Huddleston J, Benner C, Camponeschi F, Ciofi-Baffoni S, Stessman HA, Marchetto MC, Denman L, Harshman L, Baker C, Raja A, Penewit K, Janke N, Tang WJ, Ventura M, Banci L, **Antonacci F**, Akey JM, Amemiya CT, Gage FH, Reymond A, Eichler EE.
Emergence of a Homo sapiens-specific gene family and chromosome 16p11.2 CNV susceptibility.
Nature. 2016 Aug 11;536(7615):205-9.
28. Chaisson MJP, Huddleston J, Dennis MY, Sudmant PH, Malig M, Hormozdiari F, **Antonacci F**, Surti U, Sandstrom R, Boitano M, Landolin JM, Stamatoyannopoulos JA, Hunkapiller MW, Korlach J, Eichler EE.
Resolving the complexity of the human genome using single-molecule sequencing.
Nature. 2015 Jan 29;517(7536):608-11. doi: 10.1038/nature13907.
27. **Antonacci F**, Dennis MY, Huddleston J, Sudmant PH, Steinberg KM, Rosenfeld JA, Miroballo M, Graves TA, Vives L, Malig M, Denman L, Raja A, Stuart A, Tang J, Munson B, Shaffer LG, Amemiya CT, Wilson RK, Eichler EE.
Palindromic GOLGA8 core duplicons promote chromosome 15q13.3 microdeletion and evolutionary instability.
Nat Genet. 2014 Dec;46(12):1293-302. doi: 10.1038/ng.3120.
26. Huddleston J, Ranade S, Malig M, **Antonacci F**, Chaisson M, Hon L, Sudmant PH, Graves TA, Alkan C, Dennis MY, Wilson RK, Turner SW, Korlach J, Eichler EE.
Reconstructing complex regions of genomes using long-read sequencing technology.
Genome Res. 2014 Apr;24(4):688-96. doi: 10.1101/gr.168450.113.
25. Giannuzzi G, Paziienza M, Huddleston J, **Antonacci F**, Malig M, Vives L, Eichler EE, Ventura M.
Hominoid fission of chromosome 14/15 and the role of segmental duplications.
Genome Res. 2013 Nov;23(11):1763-73. doi: 10.1101/gr.156240.113.
24. Nuttle X, Huddleston J, O'Roak BJ, **Antonacci F**, Fichera M, Romano C, Shendure J, Eichler EE.
Rapid and accurate large-scale genotyping of duplicated genes and discovery of interlocus gene conversions.
Nat Methods. 2013 Sep;10(9):903-9. doi: 10.1038/nmeth.2572.
23. Sudmant PH, Huddleston J, Catacchio CR, Malig M, Hillier LW, Baker C, Mohajeri K, Kondova I, Bontrop RE, Persengiev S, **Antonacci F**, Ventura M, Prado-Martinez J; Great Ape Genome Project, Marques-Bonet T, Eichler EE.
Evolution and diversity of copy number variation in the great ape lineage.
Genome Res. 2013 Sep;23(9):1373-82. doi: 10.1101/gr.158543.113.
22. Steinberg KM*, **Antonacci F***, Sudmant P, Kidd JM, Campbell CD, Vives L, Malig M, Scheinfeldt L, Beggs W, Ibrahim M, Lema G, Nyambo TB, Omar SA, Bodo JM, Froment A, Donnelly MP, Kidd KK, Tishkoff SA, Eichler EE.
*** These authors contributed equally to this work.**
Structural diversity and African origin of the 17q21.31 inversion polymorphism.
Nat Genet. 2012 Jul 1;44(8):872-80. doi: 10.1038/ng.2335.

21. Fieuw A, Kumps C, Schramm A, Pattyn F, Menten B, **Antonacci F**, Sudmant P, Schulte JH, Roy NV, Vergult S, Buckley PG, Paepe AD, Noguera R, Versteeg R, Stallings R, Eggert A, Vandesompele J, Preter KD, Speleman F.
Identification of a novel recurrent 1q42.2-1qter deletion in high risk MYCN single copy 11q deleted neuroblastomas.
Int J Cancer. 2012 Jun 1;130(11):2599-606. doi: 10.1002/ijc.26317.
20. Dennis MY*, Nuttle X*, Sudmant PH, **Antonacci F**, Graves TA, Nefedov M, Rosenfeld JA, Sajjadian S, Malig M, Kotkiewicz H, Curry CJ, Shafer S, Shaffer LG, de Jong PJ, Wilson RK, Eichler EE
* These authors contributed equally to this work.
Evolution of human-specific neural SRGAP2 genes by incomplete segmental duplication.
Cell. 2012 May 11;149(4):912-22. doi: 10.1016/j.cell.2012.03.033.
19. Chen YZ, Matsushita M, Robertson P, Rieder M, Girirajan S, **Antonacci F**, Lipe H, Eichler EE, Nickerson D, Bird T, Raskind W.
Autosomal Dominant Familial Dyskinesia and Facial Myokymia: Single Exome Sequencing Identifies a Mutation in Adenylate Cyclase 5.
Arch Neurol. 2012 May;69(5):630-5. doi: 10.1001/archneurol.2012.54.
18. Hurle B, Marques-Bonet T, **Antonacci F**, Hughes I, Ryan JF; NISC Comparative Sequencing Program, Eichler EE, Ornitz DM, Green ED.
Lineage-specific evolution of the vertebrate Otopetrin gene family revealed by comparative genomic analyses.
BMC Evol Biol. 2011 Jan 24;11:23. doi: 10.1186/1471-2148-11-23.
17. Alkan C*, Cardone MF*, Catacchio CR, **Antonacci F**, O'Brien SJ, Ryder OA, Purgato S, Zoli M, Della Valle G, Eichler EE, Ventura M.
* These authors contributed equally to this work.
Genome-wide characterization of centromeric satellites from multiple mammalian genomes.
Genome Res. 2011 Jan;21(1):137-45. doi: 10.1101/gr.111278.110.
16. Sudmant PH*, Kitzman JO*, **Antonacci F**, Alkan C, Malig M, Tsalenko A, Sampas N, Bruhn L, Shendure J; 1000 Genomes Project, Eichler EE.
* These authors contributed equally to this work.
Diversity of human copy number variation and multicopy genes.
Science. 2010 Oct29;330(6004):641-6. doi:10.1126/science.1197005.
15. Mefford HC, Shafer N, **Antonacci F**, Tsai JM, Park SS, Hing AV, Rieder MJ, Smyth MD, Speltz ML, Eichler EE, Cunningham ML.
Copy number variation analysis in single-suture craniosynostosis: multiple rare variants including RUNX2 duplication in two cousins with metopic craniosynostosis.
Am J Med Genet A. 2010 Sep;152A(9):2203-10. doi: 10.1002/ajmg.a.33557.
14. **Antonacci F**, Kidd JM, Marques-Bonet T, Teague B, Ventura M, Girirajan S, Alkan C, Campbell CD, Vives L, Malig M, Rosenfeld JA, Ballif BC, Shaffer LG, Graves TA, Wilson RK, Schwartz DC, Eichler EE.
A large and complex structural polymorphism at 16p12.1 underlies microdeletion disease risk.
Nat Genet. 2010 Sep;42(9):745-50. doi: 10.1038/ng.643.

13. Kidd JM, Sampas N, **Antonacci F**, Graves T, Fulton R, Hayden HS, Alkan C, Malig M, Ventura M, Giannuzzi G, Kallicki J, Anderson P, Tsalenko A, Yamada NA, Tsang P, Kaul R, Wilson RK, Bruhn L, Eichler EE.
Characterization of missing human genome sequences and copy-number polymorphic insertions.
Nat Methods. 2010 May;7(5):365-71. doi: 10.1038/nmeth.2572.
12. Girirajan S*, Rosenfeld JA*, Cooper GM, **Antonacci F**, Siswara P, Itsara A, Vives L, Walsh T, McCarthy SE, Baker C, Mefford HC, Kidd JM, Browning SR, Browning BL, Dickel DE, Levy DL, Ballif BC, Platky K, Farber DM, Gowans GC, Wetherbee JJ, Asamoah A, Weaver DD, Mark PR, Dickerson J, Garg BP, Ellingwood SA, Smith R, Banks VC, Smith W, McDonald MT, Hoo JJ, French BN, Hudson C, Johnson JP, Ozmore JR, Moeschler JB, Surti U, Escobar LF, El-Khechen D, Gorski JL, Kussmann J, Salbert B, Lacassie Y, Biser A, McDonald-McGinn DM, Zackai EH, Deardorff MA, Shaikh TH, Haan E, Friend KL, Fichera M, Romano C, Géczy J, DeLisi LE, Sebat J, King MC, Shaffer LG, Eichler EE.
* These authors contributed equally to this work.
A recurrent 16p12.1 microdeletion supports a two-hit model for severe developmental delay.
Nat Genet. 2010 Mar;42(3):203-9. doi: 10.1038/ng.534.
11. Alkan C, Kidd JM, Marques-Bonet T, Aksay G, **Antonacci F**, Hormozdiari F, Kitzman JO, Baker C, Malig M, Mutlu O, Sahinalp SC, Gibbs RA, Eichler EE.
Personalized copy number and segmental duplication maps using next-generation sequencing.
Nat Genet. 2009 Oct;41(10):1061-7. doi: 10.1038/ng.437.
10. Cellamare A*, Catacchio CR*, Alkan C, Giannuzzi G, **Antonacci F**, Cardone MF, Della Valle G, Malig M, Rocchi M, Eichler EE, Ventura M.
* These authors contributed equally to this work.
New insights into centromere organization and evolution from the white-cheeked gibbon and marmoset.
Mol Biol Evol. 2009 Aug;26(8):1889-900. doi: 10.1093/molbev/msp101.
9. **Antonacci F**, Kidd JM, Marques-Bonet T, Ventura M, Siswara P, Jiang Z, Eichler EE.
Characterization of six human disease-associated inversion polymorphisms.
Hum Mol Genet. 2009 Jul 15;18(14):2555-66. doi: 10.1093/hmg/ddp187.
8. Smith JJ, **Antonacci F**, Eichler EE, Amemiya CT.
Programmed loss of millions of base pairs from a vertebrate genome.
Proc Natl Acad Sci U S A. 2009 Jul 7;106(27):11212-7. doi: 10.1073/pnas.0902358106.
7. Bekpen C, Marques-Bonet T, Alkan C, **Antonacci F**, Leogrande MB, Ventura M, Kidd JM, Siswara P, Howard JC, Eichler EE.
Death and resurrection of the human IRGM gene.
PLoS Genet. 2009 Mar;5(3):e1000403. doi: 10.1371/journal.pgen.1000403.
6. Buysse K*, **Antonacci F***, Callewaert B, Loeys B, Fränkel U, Siu V, Mortier G, Speleman F, Menten B.
* **These authors contributed equally to this work.**
Unusual 8p inverted duplication deletion with telomere capture from 8q.
Eur J Med Genet. 2009 Jan-Feb;52(1):31-6. doi: 10.1016/j.ejmg.2008.10.007.

5. Buysse K, Crepel A, Menten B, Pattyn F, **Antonacci F**, Veltman JA, Larsen LA, Tümer Z, de Klein A, van de Laar I, Devriendt K, Mortier G, Speleman F.
Mapping of 5q35 chromosomal rearrangements within a genomically unstable region.
J Med Genet. 2008 Oct;45(10):672-8. doi: 10.1136/jmg.2008.058883.

4. Zody MC*, Jiang Z*, Fung HC, **Antonacci F**, Hillier LW, Cardone MF, Graves TA, Kidd JM, Cheng Z, Abouelleil A, Chen L, Wallis J, Glasscock J, Wilson RK, Reily AD, Duckworth J, Ventura M, Hardy J, Warren WC, Eichler EE.
* These authors contributed equally to this work.
Evolutionary toggling of the MAPT 17q21.31 inversion region.
Nat Genet. 2008 Sep;40(9):1076-83. doi: 10.1038/ng.193.

3. Kidd JM, Cooper GM, Donahue WF, Hayden HS, Sampas N, Graves T, Hansen N, Teague B, Alkan C, **Antonacci F**, Haugen E, Zerr T, Yamada NA, Tsang P, Newman TL, Tüzün E, Cheng Z, Ebling HM, Tusneem N, David R, Gillett W, Phelps KA, Weaver M, Saranga D, Brand A, Tao W, Gustafson E, McKernan K, Chen L, Malig M, Smith JD, Korn JM, McCarroll SA, Altshuler DA, Peiffer DA, Dorschner M, Stamatoyannopoulos J, Schwartz D, Nickerson DA, Mullikin JC, Wilson RK, Bruhn L, Olson MV, Kaul R, Smith DR, Eichler EE.
Mapping and sequencing of structural variation from eight human genomes.
Nature. 2008 May 1;453(7191):56-64. doi: 10.1038/nature06862.

2. Vandesompele J, Michels E, De Preter K, Menten B, Schramm A, Eggert A, Ambros PF, Combaret V, Francotte N, **Antonacci F**, De Paepe A, Laureys G, Speleman F, Van Roy N.
Identification of 2 putative critical segments of 17q gain in neuroblastoma through integrative genomics.
Int J Cancer. 2008 Mar 1;122(5):1177-82. doi: 10.1002/ijc.26317.

1. Ventura M*, **Antonacci F***, Cardone MF, Stanyon R, D'Addabbo P, Cellamare A, Sprague LJ, Eichler EE, Archidiacono N, Rocchi M.
* **These authors contributed equally to this work.**
Evolutionary formation of new centromeres in macaque.
Science. 2007 Apr 13;316(5822):243-6. doi: 10.1126/science.1197005.

LINGUE CONOSCIUTE

Italiano (lingua madre)
Inglese (livello eccellente)

INTERRUZIONI LAVORATIVE

**Dal 30/04/2016
al 30/09/2016** Collocata in congedo obbligatorio per maternità, ai sensi dell'articolo 16 – lettera d) del Decreto Legislativo n. 151 del 26.03.2001

**Dal 29/03/2014
al 29/08/2014** Collocata in congedo obbligatorio per maternità, ai sensi dell'articolo 16 – lettera d) del Decreto Legislativo n. 151 del 26.03.2001