Davide Scaglione, PhD



[redacted]

ESPERIENZA LAVORATIVA

Maggio 2023 - presente

Chief Executive Officer

IGA Technology Services srl, Udine (Italy) – www.igatechnology.com

- Gestisco le attività strategiche e operative di una delle principali aziende biotecnologiche specializzata in servizi avanzati di sequenziamento del DNA e del RNA. Dirigo la strategia a lungo termine e le operazioni quotidiane, assicurando l'allineamento con la nostra missione di innovare nel mercato del sequenziamento genomico. Il mio ruolo include il guidare lo sviluppo aziendale attraverso partnership strategiche nei settori accademico, di ricerca e industriale, in particolare nella biotecnologia e nelle farmaceutiche. Gestisco le operazioni finanziarie, sostengo gli sforzi di ricerca e sviluppo per integrare tecnologie genomiche all'avanguardia e mantenere rigorosi standard di conformità e gestione del rischio. Inoltre, supervisiono un team di gestione, promuovendo una cultura di integrità ed eccellenza, mentre mi impegno attivamente con le parti interessate per mantenere trasparenza e fiducia.

Settore Biotecnologie, Servizi di sequenziamento e bioinformatica

Luglio 2018 – Maggio 2023

Chief Technology Innovation Officer

IGA Technology Services srl, Udine (Italy) - www.igatechnology.com

- Nel mio ruolo di Chief Technology Innovation Officer, ero responsabile del coordinamento di tutte le attività tecnologiche dell'azienda. Queste includevano l'implementazione di nuove tecnologie e metodi di laboratorio. Conducevo regolarmente analisi di mercato e definivo la strategia per il portafoglio di servizi. Coordinavo tra i vari dipartimenti: IT, laboratorio e unità di bioinformatica. Supervisionavo inoltre progetti di ricerca finanziati e pipeline di ricerca e sviluppo interne

Settore Biotecnologie, Servizi di sequenziamento e bioinformatica

Novembre 2017 – Giugno 2018

Head of Advanced Sequencing Technologies Lab

Merck Serono (Ist. Di Ricerche Biom. A. Marxer), Ivrea

- Ho coordinato le attività di un laboratorio basato su NGS (Next-Generation Sequencing). La mia responsabilità principale era lo sviluppo di sistemi basati su NGS per il controllo di qualità e la sicurezza dei prodotti biofarmaceutici, in conformità con gli standard GMP (Good Manufacturing Practice). Inoltre, ho collaborato a progetti finalizzati allo sviluppo e alla selezione di linee cellulari migliorate per la produzione. I dettagli sono omessi a causa di accordi di riservatezza.

Settore Ricerca e sviluppo settore farmaceutico

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu

Novembre 2015 – Novembre 2017

Bioinformatics Operation Manager

IGA Technology Services srl, Udine (Italy)

- Pur continuando le attività e i compiti descritti nella precedente posizione a termine (vedere sotto), mi è stato affidato il compito di guidare le attività di ricerca e sviluppo e produzione per la divisione bioinformatica. Inoltre, ero responsabile della ricerca e valutazione di nuove soluzioni, ottimizzazioni e miglioramenti tecnici per il portafoglio di genotipizzazione tramite sequenziamento e assemblaggio de novo, riguardanti protocolli di benchmarking, pipeline bioinformatiche e analisi dei costi. L'interazione con i clienti e le attività promozionali facevano anche parte delle mie responsabilità.

Settore Biotecnologie, Servizi di sequenziamento e bioinformatica

Settembre 2012 – Novembre 2015

Senior Scientist

IGA Technology Services srl, Udine (Italy)

- Ho lavorato presso IGA Technology Services come Senior Scientist per lo sviluppo di applicazioni bioinformatiche NGS. La mia responsabilità principale era l'analisi personalizzata, insieme allo sviluppo interno di nuovi protocolli e pipeline analitiche standardizzate per l'elaborazione dei dati. I miei compiti includevano lo sviluppo di pipeline bioinformatiche per vari tipi di dati NGS, la redazione di articoli scientifici, il continuo seguito dei clienti dal progetto alla consegna dei risultati, la valutazione della fattibilità e dei costi dei progetti, la ricerca di nuove tecnologie basate su NGS e lo sviluppo di algoritmi.

Settore Biotecnologie, Servizi di sequenziamento e bioinformatica

Settembre 2012 – Settembre 2014

Ricercatore (post-doc)

Parco Tecnologico Padano, Lodi (Italy)

- Ho lavorato al sequenziamento del genoma e all'assemblaggio de novo delle tre specie ancestrali di agrumi (mandarino, pompelmo e cedro), insieme al ri-sequenziamento delle specie derivate (arancia dolce, clementina, limone, pompelmo, ecc.). Il progetto (Progetto Europeo PON-Citrus) mirava a raccogliere maggiori informazioni sull'organizzazione del genoma di queste specie scoprendo mutazioni somatiche e varianti strutturali responsabili della diversità clonale somatica. Ero responsabile dello sviluppo di pipeline bioinformatiche volte all'identificazione della maggior parte della variabilità strutturale. Ho gestito il lavoro dalla generazione di dati di sequenziamento Illumina di alta qualità alla consegna di risultati biologicamente rilevanti attraverso lo sviluppo di algoritmi e pipeline ad hoc. Anche la pianificazione collaborativa e la diffusione con altri membri del progetto facevano parte dei miei compiti. Ho partecipato a numerosi congressi internazionali come relatore per presentare i risultati di questa ricerca.

Settore Ricerca nelle Scienze della Vita

Gennaio 2011 – Agosto 2012

Ricercatore (post-doc)

DISAFA – University of Turin (Italy)

- Ho eseguito analisi di dati di sequenziamento di nuova generazione (NGS) e progettato saggi di genotipizzazione utilizzando sistemi altamente parallelizzati (tecnologia Illumina). Come visiting scholar (Research Associate) presso il Genome Center dell'Università della California, Davis, sotto la supervisione del Prof. Richard Michelmore, la mia ricerca si è concentrata sullo sviluppo di pipeline di analisi di genotipizzazione per progetti di sequenziamento e sequenziamento del genoma. Sono stato coinvolto in diversi progetti di ricerca su specie vegetali, inclusi lattuga, cicoria, indivia e arachide. I miei compiti variavano dalla preparazione di librerie allo sviluppo di strumenti per l'analisi dei dati. Di recente, ho sottoposto alcuni dei risultati di questo lavoro a una rivista internazionale peer-reviewed. Ho anche presentato in numerosi congressi internazionali come relatore.

Settore Ricerca nelle Scienze della Vita

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu

FORMAZIONE

Gennaio 2008 – Gennaio 2011

Dottorato in Genetica Vegetale

EQF level 8

DISAFA – Università di Torino, Italia - Ph.D. in Agricultural, Forestry, and Food Sciences "Italo Eynard".
Sotto la supervision del Prof. Sergio Lanteri

- Come dottorando, ho collaborato con il gruppo di ricerca guidato dal Dr. Steven Knapp presso l'Università della Georgia (USA); l'obiettivo principale era lo sviluppo di nuovi marcatori molecolari e la genotipizzazione per Cynara cardunculus (carciofo e cardo). Questi marcatori sono stati utilizzati per migliorare le mappe molecolari della specie, posizionare QTL e realizzare analisi filogenetiche. I risultati di questo lavoro sono stati pubblicati in riviste scientifiche internazionali sottoposte a revisione paritaria e presentati in conferenze internazionali.

2005 – 2007

Laurea Magistrale in Biotecnologie Agrarie (con lode)

EQF level 7

Università di Torino, Italia

2002 – 2006

Laurea Triennale in Biotecnologie

EQF level 6

Università di Torino, Italia

1997 – 2002

Diploma di Maturità Scientifica

EQF level 3

"Ascanio Sobrero", Casale Monferrato (AL), Italia

CAPACITA' PROFESSIONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

	COMPRENSIONE		ORALE		SCRITTO
	Ascolto	Lettura	Interazione verbale	Produzione orale	
Inglese	B2	C1	C1	B2	B2

Capacità di comunicazione

- Nel mio ruolo di Chief Executive Officer presso IGA Technology Services, ho gestito efficacemente le attività interdipartimentali, allineando i team di IT, laboratorio e bioinformatica verso obiettivi comuni. Le mie responsabilità si estendevano a interazioni dettagliate con i clienti, dall'inizio del progetto fino alla consegna, dove una comunicazione chiara e costante era cruciale per soddisfare le aspettative e rispettare le tempistiche del progetto. Inoltre, il mio coinvolgimento nella redazione di pubblicazioni scientifiche e nella presentazione dei risultati di ricerca su piattaforme internazionali ha dimostrato la mia capacità di articolare chiaramente dati scientifici complessi. Ho contribuito anche a iniziative educative, insegnando tecniche biotecnologiche avanzate e bioinformatica, il che sottolineava la mia capacità di trasmettere efficacemente conoscenze complesse. Le mie collaborazioni internazionali hanno ulteriormente affinato le mie competenze comunicative, permettendomi di navigare e avere successo in ambienti diversi e dinamici, essenziali per la leadership nel settore scientifico ad alta tecnologia.

Capacità di gestione

- Nella mia veste di Chief Executive Officer presso IGA Technology Services, supervisiono un team di oltre 15 professionisti, promuovendo un ambiente che incoraggia l'innovazione e la produttività. Le mie competenze manageriali sono caratterizzate da un approccio strategico alla leadership, garantendo l'allineamento del team agli obiettivi aziendali attraverso direzioni chiare e supporto. Eccello nell'orchestrare lo sviluppo e l'implementazione di tecnologie e metodologie all'avanguardia, migliorando l'efficienza operativa e la qualità del servizio. Il mio stile di leadership pratico include il mentoring di talenti emergenti e la promozione dello sviluppo professionale continuo, cruciale per mantenere elevati standard di eccellenza. La mia capacità di gestire progetti complessi e navigare in scenari sfidanti è stata fondamentale nel guidare la crescita e il successo dell'azienda nel competitivo panorama della biotecnologia.

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu

Capacità tecniche

- Tecnologie di Sequenziamento di Nuova Generazione (NGS): Conoscenza approfondita di varie piattaforme NGS, inclusi Illumina e Oxford Nanopore, con enfasi sia sulle capacità di sequenziamento a lettura corta che lunga.

- Sviluppo di Pipeline Bioinformatiche: Competenza nella progettazione e implementazione di pipeline bioinformatiche personalizzate per l'analisi dei dati, incluse RNA-Seq, CHIP-Seq, BS-Seq e sequenziamento del genoma completo.

- Analisi dei Dati Genomici: Abilità nell'analisi comprensiva dei dati genomici, dalla chiamata di varianti e genotipizzazione all'analisi genomica comparativa e delle variazioni strutturali.

- Tecniche di Biologia Molecolare: Profonda comprensione delle tecniche di biologia molecolare essenziali per la preparazione di librerie, l'estrazione di DNA/RNA e le convalide basate su PCR.

- Sviluppo di Marcatori Genetici: Esperienza nello sviluppo di marcatori molecolari per il mapping genetico, l'analisi di QTL e gli studi filogenetici.

- Gestione di Progetti in Biotecnologia: Competenza nella gestione di progetti genomici su larga scala dalla concezione all'esecuzione, garantendo il rispetto dei tempi e dei budget.

- Conformità Normativa: Conoscenza delle pratiche GMP e dei quadri normativi della FDA, garantendo la conformità in tutte le operazioni di laboratorio e gli sviluppi di prodotti.

- Comunicazione Scientifica: Forte capacità di comunicare efficacemente informazioni scientifiche complesse, sia in forma scritta che verbale, a una varietà di pubblici.

- Sviluppo di Software e Algoritmi: Competenza nella programmazione per applicazioni bioinformatiche utilizzando Python, Bash e R, incluse la progettazione di algoritmi per l'analisi dei dati e l'ottimizzazione dei sistemi.

- Leadership di Team e Sviluppo del Talento: Comprovata esperienza nella guida di team multidisciplinari, nel mentoring del personale e nella promozione di una cultura di miglioramento continuo e innovazione.

Competenze digitali

Auto valutazione				
Elaborazione dati	Comunicazione	Creazione di contenuti	Sicurezza	Problem solving
Avanzato	Avanzato	Base	Autonomo	Avanzato

- Good command of Office suite (word processor, spread sheet, presentation software)
- Understanding of HPC infrastructure architecture and its management
- Python programming with object-oriented structures
- Development of complex pipeline via software orchestrators (Snakemake)



Patenti di guida A, B

INFORMAZIONI AGGIUNTIVE

Pubblicazioni

- Simone Scalabrin, Gabriele Magris, Mario Liva, Nicola Vitulo, Michele Vidotto , Davide Scaglione, Lorenzo Del Terra, Manuela Rosanna Ruosi, Luciano Navarini , Gloria Pellegrino, Jorge Carlos Berny Mier y Teran, Lucile Toniutti, Furio Suggi Liverani, Mario Cerutti, Gabriele Di Gaspero & Michele Morgante. A chromosome-scale assembly reveals chromosomal aberrations and exchanges generating genetic diversity in Coffea arabica germplasm. Nat Commun 15, 463 (2024). https://doi.org/10.1038/s41467-023-44449-8

- Luciano Navarini, Davide Scaglione, Lorenzo Del Terra, Simone Scalabrin, Lopes Mavuque, Luca Turello, Rafael Nguenha, Gianluca Luongo. Mozambican Coffea accessions from Ibo and Quirimba Islands: identification and geographical distribution. AoB PLANTS (2024), https://doi.org/10.1093/aobpla/plae004

- Tripodi P, Beretta M, Peltier D, Kalfas I, Vasilikiotis C, Laidet L, Briand G, Aichholz C, Zollinger T, Van Treuren R, Scaglione D, Goritschnig S. Development and application of Single Primer Enrichment Technology (SPET) SNP assay for population genomics analysis and candidate gene discovery in lettuce. Front. Plant Sci. Sec. Plant Bioinformatics Volume 14 - 2023 | doi: 10.3389/fpls.2023.1252777

- Irina Baccichet, Remo Chiozzotto, Davide Scaglione, Daniele Bassi, Laura Rossini, Marco Cirilli. Genetic dissection of fruit maturity date in apricot (P. armeniaca L.) through a Single Primer Enrichment Technology (SPET) approach BMC Genomics. 2022; 23: 712. Published online 2022 Oct 19. doi: 10.1186/s12864-022-08901-1

- 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. Genet Sel Evol 54, 8 (2022). https://doi.org/10.1186/s12711-022-00698-7

- Matúš Hrivnák, Diana Krajmerová, Daniel Kurjak, Alena Konôpková, Federica Magni, Davide Scaglione, Ľubica Ditmarová, Gabriela Jamnická, Jana Marešová, Dušan Gömöry Differential associations between nucleotide polymorphisms and physiological traits in Norway spruce (Picea abies Karst.) plants under contrasting water regimes Forestry: An International Journal of Forest Research, cpac027, 2022, https://doi.org/10.1093/forestry/cpac027

- Sara Lado, Jean Pierre Elbers, Angela Doskocil, Davide Scaglione, Emiliano Trucchi, Mohammad Hossein Banabazi, Faisal Almathen, Naruya Saitou, Elena Ciani & Pamela Anna Burger. Genome-wide diversity and global migration patterns in dromedaries follow ancient caravan routes. Commun Biol 3, 387 (2020). https://doi.org/10.1038/s42003-020-1098-7

- Simone Scalabrin, Lucile Toniutti, Gabriele Di Gaspero, Davide Scaglione, Gabriele Magris, Michele Vidotto, Sara Pinosio, Federica Cattonaro, Federica Magni, Irena Jurman, Mario Cerutti, Furio Suggi Liverani, Luciano Navarini, Lorenzo Del Terra, Gloria Pellegrino, Manuela Rosanna Ruosi, Nicola Vitulo, Giorgio Valle, Alberto Pallavicini, Giorgio Graziosi, Patricia E. Klein, Nolan Bentley, Seth Murray, William Solano, Amin Al Hakimi, Timothy Schilling, Christophe Montagnon, Michele Morgante & Benoit Bertrand. A single polyploidization event at the origin of the tetraploid genome of Coffea arabica is responsible for the extremely low genetic variation in wild and cultivated germplasm. Scientific Reports volume 10, Article number: 4642 (2020)

- Roberto Mariotti, Alice Fornasiero, Soraya Mousavi, Nicolò G.M. Cultrera, Federico Brizioli, Saverio Pandolfi, Valentina Passeri, Martina Rossi, Gabriele Magris, Simone Scalabrin, Davide Scaglione, Gabriele Di Gaspero, Pierre Saumitou-Laprade, Philippe Vernet, Fiammetta Alagna, Michele Morgante and Luciana Baldoni. Genetic Mapping of the Incompatibility Locus in Olive and Development of a Linked Sequence-Tagged Site Marker. Front. Plant Sci., 28 January 2020 | https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01760

- Barchi Lorenzo, Acquadro Alberto, Alonso David, Aprea Giuseppe, Bassolino Laura, Demurtas Olivia, Ferrante Paola, Gramazio Pietro, Mini Paola, Portis Ezio, Scaglione Davide, Toppino Laura, Vilanova Santiago, Díez María José, Rotino Giuseppe Leonardo, Lanteri Sergio, Prohens Jaime, Giuliano Giovanni. Single Primer Enrichment Technology (SPET) for High-Throughput Genotyping in Tomato and Eggplant Germplasm. 2019. Front. Plant Sci., 07 August 2019.https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01005

- Vera Vendramin, Danara Ormanbekova, Simone Scalabrin, Davide Scaglione, Marco Maccaferri, Pierluigi Martelli, Silvio Salvi, Irena Jurman, Rita Casadio, Federica Cattonaro, Roberto Tuberosa, Andrea Massi and Michele Morgante. Genomic tools for durum wheat breeding: de novo assembly of Svevo transcriptome and SNP discovery in elite germplasm. BMC Genomics. 2019 Apr 10;20(1):278. doi: 10.1186/s12864-019-5645-x.

- Davide Scaglione, Sara Pinosio, Fabio Marroni, Eleonora Di Centa, Alice Fornasiero, Gabriele Magris, Simone Scalabrin, Federica Cattonaro, Gail Taylor, Michele Morgante. Single primer enrichment technology as a tool for massive genotyping: a benchmark on black poplar and maize. Annals of Botany. 2019 Volume 124, Issue 4, 13 September 2019, Pages 543–551

- Alice Brunazzi, Davide Scaglione, Rebecca Fiorella Talini, Mara Miculan, Federica Magni, Jesse Poland, Mario Enrico Pè, Andrea Brandolini, Matteo Dell'Acqua. Molecular diversity and landscape genomics of the crop wild relative Triticum urartu across the Fertile Crescent. Plant Journal. 2018 May;94(4):670-684. doi: 10.1111/tpj.13888. Epub 2018 Apr 18.

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu

- Pilkington SM, Crowhurst R, Hilario E, Nardozza S, Fraser L, Peng Y, Gunaseelan K, Simpson R, Tahir J, Deroles SC, Templeton K, Luo Z, Davy M, Cheng C, McNeilage M, Scaglione D et al. A manually annotated Actinidia chinensis var. chinensis (kiwifruit) genome highlights the challenges associated with draft genomes and gene prediction in plants. BMC Genomics. 19(1):257
- Hirsch T, Rothoeft T, Teig N, Bauer JW, Pellegrini G, De Rosa L, Scaglione D, Reichelt J, Klausegger A, Kneisz D, Romano O, Secone Seconetti A, Contin R, Enzo E, Jurman I, Carulli S, Jacobsen F, Luecke T, Lehnhardt M, Fischer M, Kueckelhaus M, Quaglino D, Morgante M, Bicciato S, Bondanza S, De Luca M (2017) Regeneration of the entire human epidermis using transgenic stem cells. Nature. 551(7680):327-332
- Marroni F, Scaglione D, Pinosio S, Policriti A, Miculan M, Di Gaspero G, Morgante M (2017) Reduction of heterozygosity (ROH) as a method to detect mosaic structural variation. Plant Biotechnol J. 15(7):791-793.
- Davide Scaglione, Sebastian Reyes-Chin-Wo , Lutz Froenicke , Ezio Portis , Christopher Beitel , Matteo Tirone , Rosario Paolo Mauro , Antonino Lo Monaco , Giovanni Mauromicale , Primetta Faccioli , Luigi Cattivelli , Loren Rieseberg , Richard Michelmore , Sergio Lanteri. The genome sequence of the outbreeding globe artichoke constructed de novo incorporating a phase-aware low-pass sequencing strategy of F1 progeny. Scientific Reports (2016) 6:19427 | DOI: 10.1038/srep19427
- Davide Scaglione, Alice Fornasiero, Catalina Pinto, Federica Cattonaro, Alessandro Spadotto, Rodrigo Infante, Claudio Meneses, Rachele Messina, Orietta Lain, Guido Cipriani, Raffaele Testolin. A RAD-based linkage map of kiwifruit (Actinidia chinensis Pl.) as a tool to improve the genome assembly and to scan the genomic region of the gender-determinant for the marker-assisted breeding". Tree Genetics & Genomes (2015) 11:115
- Eugenia Martin, Vanina Cravero, Ezio Portis, Davide Scaglione, Esteban Acquaviva, Enrique Cointry. New genetic maps for globe artichoke and wild cardoon and their alignment with an SSR-based consensus map. Molecular Breeding June 2013, Volume 32, Issue 1, pp 177-187
- Davide Scaglione, Sergio Lanteri, Alberto Acquadro, Zhao Lai, Steven J Knapp, Loren Rieseberg, Ezio Portis (2012). Large-scale transcriptome characterization and mass discovery of SNPs in globe artichoke and its related taxa. Plant Biotechnology Journal. 10(8):956-69. doi: 10.1111/j.1467-7652.2012.00725.x.
- Ezio Portis, Davide Scaglione, Alberto Acquadro, Giovanni Mauromicale, Rosario P Mauro, Steven J Knapp and Sergio Lanteri (2012). Genetic mapping and identification of QTL for earliness in the globe artichoke/cultivated cardoon complex. BMC Research notes 5:252 doi:10.1186/1756-0500-5-252.
- Davide Scaglione, Alberto Acquadro, Ezio Portis, Matteo Tirone, Steven J Knapp and Sergio Lanteri (2012). RAD tag sequencing as a source of SNP markers in Cynara cardunculus L. BMC Genomics, 13:3 doi:10.1186/1471-2164-13-3.
- Davide Scaglione, Alberto Acquadro, Ezio Portis, Christopher A. Taylor, Sergio Lanteri, Steven J. Knapp (2009). Ontology and diversity of transcript-associated microsatellites mined from a globe artichoke EST database. BMC Genomics, 10:454.
- Acquadro A., Lanteri S., Scaglione D., Arens P., Vosman B., Portis E. (2009). Genetic mapping and annotation of genomic microsatellites isolated from globe artichoke (C. cardunculus L. var. scolymus (L.) Fiori). Theoretical and Applied Genetics, 118(8):1573-87.
- E. Portis, A. Acquadro, R. Mauro, G. Mauromicale, D. Scaglione, and S. Lanteri (2009). Construction of a reference linkage map of Cynara cardunculus L. Theoretical and Applied Genetics, 120(1):59-70.

Capitoli

- Scaglione, Davide (et al.) Genomics - *The Globe Artichoke Genome* (series: *Compedium of Plant Genomes*). Springer, 2019. DOI: 10.1007/978-3-030-20012-1
- Sergio Lanteri, Alberto Acquadro, **Davide Scaglione**, Ezio Portis. Mining SNPs and Linkage Analysis in Cynara Cardunculus. *Genomics of Plant Genetic Resources* - Springer, 2014, pp 533-557.
- Ross Crowhurst, Yifei Liu, **Davide Scaglione**. Chapter: The Kiwifruit Genome; The kiwifruit genome - *Part of the series Compendium of Plant Genomes* - Springer; pp 101-114. May 2016

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu

Referenze

Prof. Richard Michelmore
Director of the Genome Center – UC Davis
451 East Health Sciences Drive, 95616 Davis, California
rwmichelmore@ucdavis.edu

Prof. Sergio Lanteri
Plant Genetics and Breeding – University of Turin
Via L. da Vinci 44, 10095 Grugliasco (TO)
sergio.lanteri@unito.it

Prof. Michele Morgante
Scientific Director – FORGE
Via Jacopo Linussio 51, 33100 Udine
michele.morgante@uniud.it

Laura Rossini
Parco Tecnologico Padano
Via Einstein Albert, 26900 Lodi
laura.rossini@unimi.it

Federica Cattonaro
President, IGA Technology Services
Via Jacopo Linussio 51, 33100 Udine
fcattonaro@igatechnology.com

© European Union, 2002-2015 | europass.cedefop.europa.eu