



ALLA MAGNIFICA RETTRICE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 6979

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di Scienze Biomediche e Cliniche dell'Università degli Studi di Milano

Responsabile scientifico:Gianguglielmo Zehender

[Nome e cognome]

## CURRICULUM VITAE

### INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	DELLA VENTURA
Nome	CARLA

### OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Dottoranda al 3° anno in Scienze per la Sanità Pubblica, 37° ciclo	Dipartimento di Scienze biomediche e cliniche, Università degli Studi di Milano; via GB Grassi 74, 20157, Milano

### ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biologia applicata alla ricerca biomedica (LM - 6)	Università degli Studi di Milano	2020
Specializzazione	/	/	/
Dottorato Di Ricerca	Scienze per la Sanità Pubblica, MED/42	Università degli Studi di Milano	In corso
Master	/	/	/
Diploma Di Specializzazione Medica	/	/	/
Diploma Di Specializzazione Europea	/	/	/
Certificazione lingua inglese IELTS			2019



## ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

Data iscrizione	Ordine	Città
/	/	/

## LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
INGLESE	B2

## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2021	Attestato conseguimento premio "Luigi Sacco Awards 2021" per il miglior contributo scientifico del Convegno Internazionale "Giornate Infettivologiche Luigi Sacco 2021"
2020	Borsa di studio "Promettenti laureati"

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

### descrizione dell'attività

- Epidemiologia e genomica molecolare applicata alla sorveglianza e allo studio della patogenesi degli agenti delle principali malattie infettive;
- Allestimento di colture di linee cellulari in BLS3 (VeroE6, MDCK, CACO2) per isolamenti virali da diverso materiale biologico di partenza;
- Estrazione di acidi nucleici da diversi materiali biologici quali PBMC, sangue, tamponi nasofaringei, urine, omogenato di organo e amplificazione di genomi virali completi;
- Sequenziamento di genomi completi virali e batterici (piattaforma Illumina Miseq);
- Analisi dei dati di sequenziamento mediante specifici software (Geneious, Bioedit, Nextstrain, Mega);
- Valutazione di eventi di ricombinazione con RDP5;
- Metodi avanzati di evoluzione molecolare e filogenetici (filodinamica e filogeografia) per la ricostruzione dell'origine, dell'epidemiologia e della dispersione geografica di virus e patogeni emergenti di alto impatto sociale mediante metodi di Neighbor-Joining, Maximum Likelihood e Bayesiani, con particolare attenzione all'epidemiologia genomica e alla filogenesi dei virus SARS-CoV-2 e West Nile virus *lineage 2* in Italia e in Europa;
- Saggi immunoenzimatici per l'identificazione di anticorpi IgM e IgG in campioni biologici di pazienti suscettibili all'infezione da SARS-CoV-2;



## ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2023-2024	<ol style="list-style-type: none"><li>1. Raccolta di isolati ambientali West Nile virus positivi in collaborazione con l'istituto zooprofilattico sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna (IZSLER) e l'istituto zooprofilattico sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta (IZSPLV) per la stagione 2023;</li><li>2. Sequenziamento e caratterizzazione molecolare mediante <i>Next Generation Sequencing</i> degli isolati West Nile virus <i>lineage 2</i>;</li><li>3. Conduzione di analisi filogenetiche su linea di comando della piattaforma <i>Nextstrain</i>.</li><li>4. Conduzione di analisi filodinamiche e filogeografiche per ricostruire la storia epidemiologica del virus in Europa e in Italia, il suo ingresso nel nostro Paese e le dinamiche spazio-temporali della sua dispersione.</li></ol>
2022-2023	<ol style="list-style-type: none"><li>1. Raccolta di isolati ambientali West Nile virus positivi in collaborazione con l'istituto zooprofilattico sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna (IZSLER) e l'istituto zooprofilattico sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta (IZSPLV) per la stagione 2022;</li><li>2. Messa a punto di un protocollo per amplificazione del genoma completo di West Nile virus <i>lineage 2</i> e concomitante caratterizzazione molecolare mediante <i>Next Generation Sequencing</i>;</li><li>3. Conduzione di analisi filogenetiche su linea di comando della piattaforma <i>Nextstrain</i> e creazione di un gruppo <i>open source</i>.</li><li>4. Conduzione di analisi filodinamiche e filogeografiche per ricostruire la storia epidemiologica del virus in Europa e in Italia, il suo ingresso nel nostro Paese e le dinamiche spazio-temporali della sua dispersione.</li></ol>
2021-2022	<ol style="list-style-type: none"><li>1. Campionamento multi-regionale esteso di SARS-CoV-2 attraverso la collaborazione con il gruppo SCIRE e concomitante sequenziamento e caratterizzazione molecolare tramite Next Generation Sequencing di genomi interi di SARS-CoV-2 collezionati in Italia tra agosto 2020 e gennaio 2022;</li><li>2. Isolamento virale delle principali varianti di interesse di SARS-CoV-2;</li><li>3. Studio della prevalenza delle varianti di SARS-CoV-2 in Italia nel periodo compreso tra tra agosto 2020 e gennaio 2022.</li></ol>
2020-2021	<ol style="list-style-type: none"><li>1. Campionamento multi-regionale esteso di SARS-CoV-2 attraverso collaborazioni esistenti con numerosi centri clinici e laboratori inclusi nel gruppo collaborativo SCIRE, raccolta dei dati demografici, clinici e virologici dei pazienti inclusi nello studio e concomitante sequenziamento e caratterizzazione molecolare tramite Next Generation Sequencing (NGS)</li></ol>



	dei genomi interi di SARS-CoV-2 provenienti da centri italiani di diverse regioni tra febbraio e giugno 2020;
	2. Isolamento virale delle principali varianti di interesse di SARS-CoV-2;
	3. Conduzione di analisi filodinamiche e filogeografiche per ricostruire la storia epidemiologica del virus in Italia, il suo ingresso nel nostro Paese e le dinamiche spazio-temporali della sua dispersione a livello nazionale e internazionale;
	4. Studio della prevalenza delle varianti di SARS-CoV-2 in Italia nel periodo compreso tra ottobre 2020 e marzo 2021;
	5. Validazione di test sierologici e antigenici per SARS-CoV-2.

## TITOLARITÀ DI BREVETTI

<b>Brevetto</b>
/

## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
29-30 Ottobre 2024	Giornate Infettivologiche "Luigi Sacco"	Milano
23-26 Ottobre 2024	57° Congresso nazionale S.It.I., la sanità pubblica per il futuro del paese: innovazione, alleanze e sinergie istituzionali per la prevenzione	Palermo
11-12 Settembre 2024	INF-ACT meeting 2024	Pavia
12-14 Ottobre 2023	Conferenza Nazionale di Sanità Pubblica Straordinaria	Cernobbio, Como
25-27 Giugno 2023	7th National Congress of the Italian Society of Virology	Brescia
7-9 Giugno 2023	European Meeting of HIV and Hepatitis 2023	Roma
8-10 Giugno 2022	European Meeting of HIV and Hepatitis 2022	Parigi



18 Novembre 2022	Progetto Grandi Sfide di Ateneo GSA-IDEA	Milano
28 Settembre - 01 Ottobre 2022	55° Congresso Nazionale SItI - Rerum Cognoscere Causas	Padova
18-19 Ottobre 2021	Convegno internazionale Giornate Infettivologiche "Luigi Sacco"	Milano
4-5 Febbraio 2021	Convegno internazionale Giornate Infettivologiche "Luigi Sacco"	Milano
11 Giugno 2019	Pandora Evolution in Infectious Diseases Management. HBV: Nuovi Scenari	Milano
31 Maggio 2019	Update su Toxoplasma, Others, Rubella, CMV, Herpes	Milano
28-29 Maggio 2019	Convegno internazionale Giornate Infettivologiche "Luigi Sacco"	Milano
14-15 Giugno 2018	Convegno internazionale Giornate Infettivologiche "Luigi Sacco"	Milano

## PUBBLICAZIONI

### Libri

Capitolo 2 di Genomica in Sanità Pubblica Evidenze scientifiche e prospettive di integrazione nella pratica della prevenzione [Genomics in Public Health Scientific evidence and prospects for integration in the prevention practice] dal titolo: La genomica virale nella sorveglianza della COVID-19. **della Ventura C, Lai A, Bergna A, Galli M, Zehender G.**

### Articoli su riviste

1. Colaneri M, Scaglione G, Fassio F, Galli L, Lai A, Bergna A, Gabrieli A, Tarkowski M, **Ventura CD**, Colombo V, Cordier L, Bernasconi D, Corbellino M, Dedivitiis G, Borghetti S, Visigalli D, Sollima S, Casalini G, Rizzardini G, Gori A, Antinori S, Riva A, Schiavini M. **Early administration of nirmatrelvir/ritonavir leads to faster negative SARS-CoV-2 nasal swabs than monoclonal antibodies in COVID 19 patients at high-risk for severe disease.** Virol J. 2024 Mar 20;21(1):68. doi: 10.1186/s12985-024-02333-x. PMID: 38509536; PMCID: PMC10953281.
2. Colaneri M, Matone M, Fassio F, Lai A, Bergna A, **Ventura CD**, Galli L, Scaglione G, Gori A, Schiavini M. **Exploring early COVID-19 therapies, variants, and viral clearance dynamics: Insights from a high-risk outpatients study.** Diagn Microbiol Infect Dis. 2024 Oct;110(2):116452. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2024.116452. Epub 2024 Jul 17. PMID: 39032318.



3. Bergna A, Lai A, **Ventura CD**, Bruzzone B, Weisz A, d'Avenia M, Testa S, Torti C, Sagnelli C, Menchise A, Brindicci G, Francisci D, Vicenti I, Clementi N, Callegaro A, Rullo EV, Caucci S, De Pace V, Orsi A, Brusa S, Greco F, Letizia V, Vaccaro E, Franci G, Rizzo F, Sagradi F, Lanfranchi L, Coppola N, Saracino A, Sampaolo M, Ronchiadin S, Galli M, Riva A, Zehender G; SARS-CoV-2 ITALIAN RESEARCH ENTERPRISE - (SCIRE) collaborative Group. **Genomic epidemiology of the main SARS-CoV-2 variants in Italy between summer 2020 and winter 2021.** J Med Virol. 2023 Nov;95(11):e29193. doi: 10.1002/jmv.29193. PMID: 37927140.
4. Varasi I, Lai A, Fiaschi L, Bergna A, Gatti A, Caimi B, Biba C, **Della Ventura C**, Balotta C, Riva A, Zehender G, Zazzi M, Vicenti I. **Neutralizing antibodies response to novel SARS-CoV-2 omicron sublineages in long-term care facility residents after the fourth dose of monovalent BNT162b2 COVID-19 vaccination.** J Infect. 2023 Sep;87(3):270-272. doi: 10.1016/j.jinf.2023.06.019. Epub 2023 Jun 30. PMID: 37394012
5. Lai A, Bergna A, Fabiano V, **Ventura CD**, Fumagalli G, Mari A, Loiodice M, Zuccotti GV, Zehender G. **Epidemiology and molecular analyses of respiratory syncytial virus in the 2021-2022 season in northern Italy.** Front Microbiol. 2024 Jan 4;14:1327239. doi: 10.3389/fmicb.2023.1327239. PMID: 38239726; PMCID: PMC10794773.
6. Lai A, Bergna A, **Della Ventura C**, Zehender G. **Genomic epidemiology and phylogenetics applied to the study of SARS-CoV-2 pandemic.** New Microbiol. 2023 Feb;46(1):1-8. PMID: 36853811.
7. Traversi D, Calabrò GE, Francese C, Franchitti E, Pulliero A, Spatera P, Izzotti A, **Ventura CD**, Lai A, Bergna A, Galli M, Zehender G, Tamburro M, Lombardi A, Salzo A, DE Dona R, D'Amico A, Viccione V, Ripabelli G, Baccolini V, Migliara G, Pitini E, Marzuillo C, DE Vito C, Pastorino R, Villari P, Boccia S. **Genomica in Sanità Pubblica Evidenze scientifiche e prospettive di integrazione nella pratica della prevenzione [Genomics in Public Health Scientific evidence and prospects for integration in the prevention practice].** J Prev Med Hyg. 2023 Jan 13;63(3 Suppl 2):E1-E29. Italian. doi: 10.15167/2421-4248/jpmh2022.63.3s2. PMID: 36818497; PMCID: PMC9910509. (CAPITOLO 2: La genomica virale nella sorveglianza della COVID-19, C. DELLA VENTURA, A. LAI, A. BERGNA, M. GALLI, G. ZEHENDER).
8. Lai A, Bergna A, Toppo S, Morganti M, Menzo S, Ghisetti V, Bruzzone B, Codeluppi M, Fiore V, Rullo EV, Antonelli G, Sarmati L, Brindicci G, Callegaro A, Sagnelli C, Francisci D, Vicenti I, Miola A, Tonon G, Cirillo D, Menozzi I, Caucci S, Cerutti F, Orsi A, Schiavo R, Babudieri S, Nunnari G, Mastroianni CM, Andreoni M, Monno L, Guarneri D, Coppola N, Crisanti A, Galli M, Zehender G; SCIRE-SARS-CoV-2 Italian Research Enterprise-Collaborative Group. **Phylogeography and genomic epidemiology of SARS-CoV-2 in Italy and Europe with newly characterized Italian genomes between February-June 2020.** Sci Rep. 2022 Apr 6;12(1):5736. doi: 10.1038/s41598-022-09738-0. PMID: 35388091; PMCID: PMC8986836. (Member of SCIRE group).
9. Lai A, Bergna A, **Della Ventura C**, Menzo S, Bruzzone B, Sagradi F, Ceccherini-Silberstein F, Weisz A, Clementi N, Brindicci G, Vicenti I, Sasset L, Caucci S, Corvaro B, Ippoliti S, Acciarri C, De Pace V, Lanfranchi L, Bellocchi MC, Giurato G, Ferrarese R, Lagioia A, Francisci D, Colombo ML, Lazzarin S, Ogliastro M, Cappelletti MR, Iannetta M, Rizzo F, Torti C, Fumi M, d'Avenia M, Brusa S, Greco F, Menchise A, Letizia V, Vaccaro E, Santoro CR, Fraccalvieri C, Testa S, Carioti L, Rocco T, Saracino A, Cattelan A, Clementi M, Sarmati L, Riva A, Galli M, Antinori S, Zehender G, Sars-CoV-Italian Research Enterprise-Scire Collaborative Group. **Epidemiological and Clinical Features of SARS-CoV-2 Variants Circulating between April-December 2021 in Italy.** Viruses. 2022 Nov 12;14(11):2508. doi: 10.3390/v14112508. PMID: 36423117; PMCID: PMC9699621.
10. Galli C, Ebranati E, Pellegrinelli L, Airoidi M, Veo C, **Della Ventura C**, Seiti A, Binda S, Galli M, Zehender G, Pariani E. **From Clinical Specimen to Whole Genome Sequencing of A(H3N2) Influenza Viruses: A Fast and Reliable High-Throughput Protocol.** Vaccines (Basel). 2022 Aug 19;10(8):1359. doi: 10.3390/vaccines10081359. PMID: 36016246; PMCID: PMC9412868.
11. Lai A, Tambuzzi S, Bergna A, Battistini A, **Della Ventura C**, Galli M, Zoja R, Zehender G, Cattaneo C. **Evidence of SARS-CoV-2 Antibodies and RNA on Autopsy Cases in the Pre-Pandemic Period in Milan (Italy).** Front Microbiol. 2022 Jun 15;13:886317. doi: 10.3389/fmicb.2022.886317. PMID: 35783409; PMCID: PMC9240701.
12. Bergna A, **Ventura CD**, Marzo R, Ciccozzi M, Galli M, Zehender G, Lai A. **Phylogeographical and evolutionary history of variola major virus; a question of timescales?** Infez Med. 2022 Mar 1;30(1):109-





118. doi: 10.53854/liim-3001-13. PMID: 35350249; PMCID: PMC8929734.

13. Boccuto A, Dragoni F, Bergna A, **Ventura CD**, Giammarino F, Saladini F, Pezzati L, Zehender G, Zazzi M, Vicenti I, Lai A. **Decreased neutralization of the Eta SARS-CoV-2 variant by sera of previously infected and uninfected vaccinated individuals.** J Infect. 2022 Jan;84(1):94-118. doi: 10.1016/j.jinf.2021.08.005. Epub 2021 Aug 8. PMID: 34371077; PMCID: PMC8349389.

14. Tarkowski M, de Jager W, Schiuma M, Covizzi A, Lai A, Gabrieli A, Corbellino M, Bergna A, **Ventura CD**, Galli M, Riva A, Antinori S. **Anti-SARS-CoV-2 Immunoglobulin Isotypes, and Neutralization Activity Against Viral Variants, According to BNT162b2-Vaccination and Infection History.** Front Immunol. 2021 Dec 17;12:793191. doi: 10.3389/fimmu.2021.793191. PMID: 34975897; PMCID: PMC8718396.

15. Valenti L, Bergna A, Pelusi S, Facciotti F, Lai A, Tarkowski M, Lombardi A, Berzuini A, Caprioli F, Santoro L, Baselli G, **Ventura CD**, Erba E, Bosari S, Galli M, Zehender G, Prati D; Covid-19 Donors Study (CoDS) network (Appendix 1). **SARS-CoV-2 seroprevalence trends in healthy blood donors during the COVID-19 outbreak in Milan.** Blood Transfus. 2021 May;19(3):181-189. doi: 10.2450/2021.0324-20. Epub 2021 Feb 3. PMID: 33539289; PMCID: PMC8092034.

16. Boccuto A, Dragoni F, Picarazzi F, Lai A, **Della Ventura C**, Veo C, Giammarino F, Saladini F, Zehender G, Zazzi M, Mori M, Vicenti I. **Sofosbuvir Selects for Drug-Resistant Amino Acid Variants in the Zika Virus RNA-Dependent RNA-Polymerase Complex In Vitro.** Int J Mol Sci. 2021 Mar 6;22(5):2670. doi: 10.3390/ijms22052670. PMID: 33800884; PMCID: PMC7962015.

17. Ebranati E, Mancon A, Airolidi M, Renica S, Shkjezi R, Dragusha P, **Della Ventura C**, Ciccaglione AR, Ciccozzi M, Bino S, Tanzi E, Micheli V, Riva E, Galli M, Zehender G. **Time and Mode of Epidemic HCV-2 Subtypes Spreading in Europe: Phylodynamics in Italy and Albania.** Diagnostics (Basel). 2021 Feb 17;11(2):327. doi: 10.3390/diagnostics11020327. PMID: 33671355; PMCID: PMC7922790.

18. Veo C, **Della Ventura C**, Moreno A, Rovida F, Percivalle E, Canziani S, Torri D, Calzolari M, Baldanti F, Galli M, Zehender G. **Evolutionary Dynamics of the Lineage 2 West Nile Virus That Caused the Largest European Epidemic: Italy 2011-2018.** Viruses. 2019 Sep 3;11(9):814. doi: 10.3390/v11090814. PMID: 31484295; PMCID: PMC6784286.

## Atti di convegni

[titolo, struttura, città, anno]

## ALTRE INFORMAZIONI

2023: Progetto Linea 2 dal titolo " **Epidemiologia molecolare di West Nile Virus (WNV) in Italia nelle stagioni 2022-2023**"

2023: Progetto RIPrEi ISS "A comprehensive toolbox for timely phenotypic characterization of novel SARS-CoV-2 variants (PHENO-BOX)". Responsabile Dott.ssa A.Lai

2020-2023: Progetto HORIZON-HLTH-2021-CORONA-01-02- Cohorts United against COVID-19 Variants of Concern. EU-Africa Concerted Action on SAR-CoV-2 Virus Variant and Immunological Surveillance. Acronym: CoVICIS. Coordinatore: Prof. A. Riva

2020-2023: Progetto IDEA "Sistema integrato di ateneo per lo studio, il monitoraggio e il controllo delle infezioni, delle emergenze epidemiche e della resistenza ai farmaci antimicrobici". Responsabile Prof. C. Bandi



2020-2023: Membro del Gruppo collaborativo SCIRE: SARS-CoV-2 ITALIAN RESEARCH ENTERPRISE per la sorveglianza molecolare di SARS-CoV-2, composto da 74 Centri Clinici e Laboratori che ricoprono quasi tutto il territorio Nazionale. Centro coordinatore e promotore ASST Fatebenefratelli Sacco

2022: Finanziamento Fondazione Banca di Italia- Progetto "Epidemiologia genomica e filogenesi di SARS-CoV-2 in Italia"; Coordinatore: Prof. G. Zehender

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

**RICORDIAMO** che i curricula **SARANNO RESI PUBBLICI sul sito di Ateneo** e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Milano, 11/11/2024