

**Curriculum Vitae
in formato
Europeo**

Informazioni personali

Nome e Cognome *Orazio Romeo*

Attuale Amministrazione di appartenenza *Università degli Studi di Messina
Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali
Viale Ferdinando Stagno d'Alcontres, 31 –
98166 - Messina*

Attuale responsabilità Contatti *Professore Associato di Genetica
Tel. 090 6765203 (Ufficio) – e-mail: oromeo@unime.it*

Esperienza lavorativa

Dal 08/11/2021 ad oggi *Professore Associato di Genetica (SSD:Bio/18), Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali – Università di Messina.*

Dal 08/11/2018 al 07/11/2021 *Ricercatore Senior (RTD-b; art. 24 c. 3 legge 240/2010) in Genetica (SSD: Bio/18), Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali – Università di Messina.*

Dal 05/11/2014 al 04/11/2018 *"Principal Investigator", IRCCS Centro Neurolesi Bonino-Pulejo – progetto "Giovani ricercatori 2011-2012" finanziato dal Ministero della Salute. Codice Progetto GR-2011-02347606*

Dal 10/10/2012 al 09/10/2018 *Ricercatore a tempo determinato (ex art. 1, comma 14, legge 230/2005) in Genetica (SSD: Bio/18), Dipartimento di Scienze Chimiche, Biologiche, Farmaceutiche ed Ambientali – Università di Messina*

Istruzione e formazione

Dal 02/01/2007 al 09/04/2010 *Dottorato di Ricerca (XXII ciclo) in "Biotecnologie Microbiche e della proliferazione cellulare; curriculum: biotecnologie microbiche"; Facoltà di Medicina e Chirurgia - Università di Messina.*

Dal 16/04/2007 al 20/04/2007 *Borsa di studio per il 6° Corso di formazione avanzata: "Predizione Molecolare e Bioinformatica in Ematologia e Oncologia". Collegio Ghislieri - Centro per la Comunicazione e la Ricerca – in collaborazione con l'Università degli studi di Pavia.*

2005/2006 *Master in Tecnologie Bioinformatiche applicate alla Medicina Personalizzata. Sardegna Ricerche, Pula, Cagliari*

Dal 11/05/2008 al 16/05/2008 *8th BioSapiens European School of Bioinformatics. European Bioinformatics Institute, (EMBL-EBI) - Cambridge Outstation, Hinxton, Cambridge, UK.*

22/03/2005 *Laurea Magistrale in Scienze Biologiche (vecchio ordinamento) con votazione di 110/110 e lode. Facoltà di scienze Matematiche, Fisiche e Naturali Università di Messina.*

Madrelingua *Italiano*

Altre competenze linguistiche *Inglese (livello B2)*

MODELLO DI CV MINIMIZZATO

- Allegati**
- All. 1. Competenze nell'utilizzo delle tecnologie*
 - All. 2. Partecipazione a convegni e seminari*
 - All. 3. Redazione di pubblicazioni*

MODELLO INFORMATIVA SINTETICA

Modello informativa sintetica, informazioni sul trattamento

Ai sensi dell'art. 13 del Regolamento (UE) 2016/679, si informa la S.V. che questa Università è titolare del trattamento dei dati personali dalla S.V. conferiti e che il trattamento stesso sarà effettuato nel rispetto del citato regolamento europeo ai fini dell'assolvimento degli obblighi di pubblicazione di cui al d.lgs. 33/2013. I dati potranno essere utilizzati e conservati esclusivamente per gli adempimenti di legge correlati all'affidamento dell'incarico. Il conferimento dei dati è obbligatorio a tali fini. I dati saranno trattati dall'Università, in qualità di titolare, nel rispetto delle disposizioni del Regolamento (UE) 2016/679 con le modalità previste nell'informativa completa pubblicata sul sito dell'Università. La S.V. è informata che potrà comunque ed in qualsiasi momento, ai sensi degli artt. 15 ss. del Regolamento (UE) 2016/679, verificare i propri dati personali raccolti dal Titolare e farli correggere, aggiornare o cancellare rivolgendosi al Responsabile della protezione dei dati (inserire dati di contatto del DPO). La S.V. è informata che in caso di inosservanza del Regolamento (UE) 2016/679 potrà rivolgere reclamo al Garante per la protezione dei dati personali";

MODELLO ALERT

Modello alert su limitazione della finalità nel riutilizzo

I dati personali ivi pubblicati sono "riutilizzabili solo alle condizioni previste dalla normativa vigente sul riutilizzo dei dati pubblici (direttiva comunitaria 2003/98/CE e d. lgs. 36/2006 di recepimento della stessa), in termini compatibili con gli scopi per i quali sono stati raccolti e registrati, e nel rispetto della normativa in materia di protezione dei dati personali

All. 1. Competenze nell'utilizzo delle tecnologie

1. Bioinformatica
2. Amplificazione DNA in-vitro (PCR; qPCR), incluso elettroforesi
3. Sequenziamento standard di Sanger
4. Analisi microbiologiche dell'aria (UNI EN ISO 13098:2019)
5. Analisi microbiologiche di superfici (UNI EN ISO 18593:2018)
6. Analisi microbiologiche di campioni d'acqua, incluso ricerca di *Legionella* spp.
7. Analisi di conta particellare e classificazione degli ambienti ospedalieri (UNI EN ISO 14644-2015)
8. Analisi microclimatiche in ambienti ospedalieri (UNI EN ISO 7730:2006)
9. Utilizzo dei principali softwares per analisi di dati di "Next Generation Sequencing" (NGS)
10. Analisi genomiche, metagenomiche (microbiomi) e trascrittomiche
11. Genotipizzazione microbica mediante "Multilocus Sequence Typing" (MLST)
12. Analisi di microsatelliti
13. Ottima conoscenza delle principali pipelines bioinformatiche per analisi di big data omici

All. 2. Partecipazione a convegni e seminari

RELATORE A CONVEGNI/CONGRESSI INTERNAZIONALI

- **23 Novembre 2019.** Invited speaker; lecture: Recent advances in *Sporothrix* genomics: promise and challenges, 7th Asia Pacific Society for Medical Mycology (APSM) Congress, 22-24 Novembre, Guangzhou, China.
- **3 Luglio 2018.** Invited Speaker; lecture: RNA-seq and transcriptome-wide analysis of *Sporothrix schenckii* yeast and mycelial forms. 20th Congress of the International Society for Human and Animal Mycology (ISHAM), Amsterdam, The Netherlands.
- **24-27 Maggio 2018.** Invited Speaker; lecture: Scientists and Social Networks; 10th Anniversary of ResearchGate (www.researchgate.net), Berlin, Germany.

RELATORE A CONVEGNI/CONGRESSI NAZIONALI

- **13 Dicembre 2021.** Romeo O. Pandemie nascoste ai tempi del Coronavirus. Convention "Contrastiamo le pandemie Il nuovo scenario Sistemi di prevenzione e contrasto", Complesso Monumentale dello Steri, Palermo (Relazione su invito).
- **1 Ottobre 2022.** Romeo O. "Whole genome sequencing" (WGS) e infezioni fungine: il caso Candida"; VII Sessione: "Meet the Expert": analisi di sequenze geniche fungine", XV Congresso Nazionale FIMUA, Roma (Relazione su invito).
- **1 Ottobre 2022.** Romeo O. "Recenti progressi nella genomica di Sporothrix: traguardi raggiunti e sfide future"; VII Sessione: "Meet the Expert": analisi di sequenze geniche fungine", XV Congresso Nazionale FIMUA, Roma (Relazione su invito).
- **27-30 Settembre 2017.** Romeo O. Massive parallel sequencing and bioinformatics analysis of fungal genomes of pathogenic *Sporothrix* species. 45° Congresso della Società Italiana di Microbiologia, Genova (Relazione su invito).
- **6 Ottobre 2017.** Romeo O. Epidemiologia molecolare. Convegno CoRe FOCuS – alla radice del problema delle IFI. Palazzo Steri, Palermo (Relazione su invito).
- **26-27 Gennaio 2017.** Romeo O. Whole RNA-sequencing, transcriptome assembly and gene expression profiling of fungal pathogens. SMART SCIENCE 2017, Catania (Relazione su invito).
- **27-28 Maggio 2016.** Romeo O. "De Novo" Fungal Genome Assembly Using Short-read Sequences. Corso ECM Next Generation Sequencing and Bioinformatics: Methods, Tools and Applications in Basic. IRCCS Centro Neurolesi, Messina.
- **26 Febbraio 2016.** Romeo O. Draft genome sequence of *Sporothrix pallida*, a non-pathogenic member of the genus *Sporothrix*. SMART SCIENCE 2016, Catania (Relazione su invito).
- **29 Maggio 2015.** Bioinformatica per l'analisi di dati NGS: approcci sperimentali. Corso di Genomica, Proteomica e Bioinformatica per lo Studio e l'Identificazione dei Microrganismi. Aula Magna "V. Ricevuto" Università di Messina.
- **08 Maggio 2015.** Infezioni micotiche opportunistiche in ambito oncologico. II Conferenza Nazionale "Nuove Frontiere nella Diagnostica di Laboratorio". Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia "A. Mirri", Palermo (Relazione su invito).
- **22 Febbraio 2014.** Candidosi genitale: una malattia a trasmissione sessuale o soltanto una comune infezione micotica? I Conferenza Nazionale "Patologie Infettive a Trasmissione Sessuale e Neurologiche: Il Punto. Casa Internazionale delle Donne, Roma (Relazione su invito).
- **29 Novembre 2008.** *Candida africana*: Caratteristiche fenotipiche e relazioni filogenetiche con *Candida albicans*. 9° Congresso nazionale FIMUA, Catania.

All. 3. Redazione di pubblicazioni

1. Grassi A, Gambini M, Pantoli M, Toscano S, Albertetti A, Del Frassino DM, Ugochukwu ICI, Romeo O, Otranto D, Cafarchia C. A Lethal Case of Disseminated *Cladosporium allicinum* Infection in a Captive African Bullfrog. *Journal of Fungi*. 2023;9(2):191.
2. Tardiolo G, Romeo O, Zumbo A, Di Marsico M, Sutera AM, Cigliano RA, Paytuví A, D'Alessandro E. Characterization of the Nero Siciliano Pig Fecal Microbiota after a Liquid Whey-Supplemented Diet. *Animals*. 2023;13(4):642.
3. Du W, Giosa D, Wei J, Giuffrè L, Shi G, El Haamri L, D'Alessandro E, Hafidi M, de Hoog S, Romeo O, Huang H. Long-read PacBio genome sequencing of four environmental saprophytic *Sporothrix* species spanning the pathogenic clade. *BMC Genomics*. 2022;23(1):506.
4. Quindós G, et al. *In Vitro* Antifungal Activity of Ibrexafungerp (SCY-078) Against Contemporary Blood Isolates From Medically Relevant Species of *Candida*: A European Study. *Front Cell Infect Microbiol*. 2022;12:906563.
5. Dougue AN, El-Kholy MA, Giuffrè L, Galeano G, D Aleo F, Kountchou CL, Nangwat C, Dzoyem JP, Giosa D, Pernice I, Shawky SM, Ngouana TK, Boyom FF, Romeo O. Multilocus sequence typing (MLST) analysis reveals many novel genotypes and a high level of genetic diversity in *Candida tropicalis* isolates from Italy and Africa. *Mycoses*. 2022; 65(11):989-1000.
6. Lui M, Giosa D, Romeo O, Bitto A. Computational Pathways Analysis and Personalized Medicine in HER2-Positive Breast Cancer. *Curr Pharmacogenomics Person Med*. 2022; 19(1):40-52.
7. Corrêa-Moreira D, Menezes RC, Romeo O, Borba CM, Oliveira MME. Clinical and Anatomopathological Evaluation of BALB/c Murine Models Infected with Isolates of Seven Pathogenic *Sporothrix* Species. *Pathogens*. 2021; 10(12):1647.
8. Barreca D, Trombetta D, Smeriglio A, Mandalari G, Romeo O, Felice MR, Gattuso G, Nabavi SM. Food flavonols: Nutraceuticals with complex health benefits and functionalities. *Trends Food Sci Tech*. 2021; 117:194-204.
9. Shokoohi G, Javidnia J, Mirhendi H, Jahromi AR, Rezaei-Matehkolaei A, Ansari S, Maryami F, Goodarzi S, Romeo O. Molecular identification and antifungal susceptibility profiles of *Candida dubliniensis* and *Candida africana* isolated from vulvovaginal candidiasis: A single-center experience in Iran. *Mycoses*. 2021;64(7):771-779.
10. Giosa D, Felice MR, Giuffrè L, Aiese Cigliano R, Paytuví-Gallart A, Lo Passo C, Barresi C, D'Alessandro E, Huang H, Criseo G, Mora-Montes HM, de Hoog S, Romeo O. Transcriptome-wide expression profiling of *Sporothrix schenckii* yeast and mycelial forms and the establishment of the *Sporothrix* Genome DataBase. *Microb Genom*. 2020;6(10):mgen000445.
11. Corrêa-Moreira D, De Luca PM, Romeo O, C Menezes R, Paes RA, Oliveira RZ, de Moraes AM, de L Neto RG, Moraes Borba C, E de Oliveira MM. Tregs in the immune response of BALB/c mice experimentally infected with species of the *Sporothrix* genus. *Future Microbiol*. 2020;15:1217-1225.
12. Romeo O, Marchetta A, Giosa D, Giuffrè L, Urzì C, De Leo F. Whole Genome Sequencing and Comparative Genome Analysis of the Halotolerant Deep Sea Black Yeast *Hortaea werneckii*. *Life (Basel)*. 2020;10(10):229.

13. Monno R, Brindicci G, Romeo O, De Carolis E, Criseo G, Sanguinetti M, Fumarola L, Ingravallo G, Mariani M, Monno L. Infection caused by *Sporothrix schenckii*: an autochthonous case in Bari, Southern Italy. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2020;39(12):2457-2460.
14. Tamez-Castrellón AK, Romeo O, García-Carnero LC, Lozoya-Pérez NE, Mora-Montes HM. Virulence factors in *Sporothrix schenckii*, one of the causative agents of sporotrichosis. *Curr Protein Pept Sci*. 2020;21(3):295-312.
15. Nnadi NE, Giosa D, Ayanbimpe GM, D'Alessandro E, Aiese Cigliano R, Oheri UC, Aguiyi JC, Enweani IB, Romeo O. Whole-genome sequencing of an uncommon *Cryptococcus neoformans* MLST43 genotype isolated in Nigeria. *Mycopathologia*. 2019;184(5):555-557.
16. D'Alessandro E, Giosa D, Sapienza I, Giuffrè L, Cigliano RA, Romeo O, Zumbo A. Whole genome SNPs discovery in Nero Siciliano pig. *Genet Mol Biol*. 2019 ;42(3):594-602.
17. Scordino F, Giuffrè L, Felice MR, Orlando MG, Medici MA, Marino Merlo F, Romeo O. Genetic diversity of *Candida albicans* isolates recovered from hospital environments and patients with severe acquired brain injuries. *Infect Genet Evol*. 2019;76:104068.
18. Felice MR, Giuffrè L, El Aamri L, Hafidi M, Criseo G, Romeo O, Scordino F. Looking for new antifungal drugs from flavonoids: impact of the genetic diversity of *Candida albicans* on the in-vitro response. *Curr Med Chem*. 2019;26(27):5108-5123.
19. El Aamri L, Scordino F, Barresi C, Romeo O, Criseo G, Hafidi M. Esterase profiling and molecular identification of yeasts isolated from different environmental samples from Morocco. *Journal of Biological Research* 2019; 92(7935):56-60.
20. D'Arrigo M; Bisignano C; Irrera P; Smeriglio A; Zagami R; Trombetta D; Romeo O; Mandalari G. In vitro evaluation of the activity of an essential oil from Pistacia vera L. variety Bronte hull against *Candida* sp. *BMC Complementary and Alternative Medicine*. 2019; 19(1):6.
21. Ropars J, et al. Gene flow contributes to diversification of the major fungal pathogen of humans *Candida albicans*. *Nature Communications*. 2018; 9:2253.
22. Scordino F, Giuffrè L, Barberi G, Marino Merlo F, Orlando MG, Giosa D, Romeo O. Multilocus sequence typing reveals a new cluster of closely related *Candida tropicalis* genotypes in Italian patients with neurological disorders. *Front Microbiol*. 2018;9:679.
23. Giosa D, Felice MR, Lawrence TJ, Gulati M, Scordino F, Giuffrè L, Lo Passo C, D'Alessandro E, Criseo G, Ardell DH, Hernday AD, Nobile CJ, Romeo O. Whole RNA-Sequencing and Transcriptome Assembly of *Candida albicans* and *Candida africana* under Chlamydospore-Inducing Conditions. *Genome Biol Evol*. 2017;9:1971-1977.
24. Hagen F, et al. Importance of resolving fungal nomenclature: the case of multiple pathogenic species in the *Cryptococcus* genus. *mSphere*. 2017;2:e00238-17.
25. Chowdhary A, Hagen F, Sharma C, Al-Hatmi AM, Giuffrè L, Giosa D, Fan S, Badali H, Felice MA, de Hoog S, Meis JF, Romeo O. Whole genome-based amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis reveals genetic diversity in *Candida africana*. *Front. Microbiol*. 2017;8:556.
26. Huang L, Gao W, Giosa D, Criseo G, Zhang J, He T, Huang X, Sun J, Sun Y, Huang J, Zhang Y, Brankovics B, Scordino F, D'Alessandro E, van Diepeningen A, de Hoog S, Huang H, Romeo O. Whole-genome

- sequencing and in silico analysis of two strains of *Sporothrix globosa*. *Genome Biol Evol.* 2016; 8:3292-3296.
27. Nnadi NE, Enweani IB, Cogliati M, Ayanbimpe MG, Okolo OM, Kim E, Sabitu MZ, Criseo G, Romeo O, Scordino F. Molecular characterization of environmental *Cryptococcus neoformans* VNII isolates in Jos, Plateau State, Nigeria. *Journal de Mycologie Médicale.* 2016; 26:306-311.
 28. Chillemi V, Lo Passo C, van Diepeningen A, Rharmitt S, Delfino D, Cascio A, Nnadi NE, Cilo BD, Sampaio P, Tietz HJ, Pemán J, Criseo G, Romeo O, Scordino F. Multilocus microsatellites analysis of European and African *Candida glabrata* isolates. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Disease.* 2016; 35:885-892.
 29. Cogliati M, et al. Environmental distribution of *Cryptococcus neoformans* and *Cryptococcus gattii* around the Mediterranean basin. *FEMS Yeast Res.* 2016; 16(4):fow045.
 30. D'Alessandro E, Giosa D, Huang L, Zhang J, Gao W, Brankovics B, Oliveira MM, Scordino F, Lo Passo C, Criseo G, van Diepeningen AD, Huang H, de Hoog GS, Romeo O. Draft Genome Sequence of the Dimorphic Fungus *Sporothrix pallida*, a Non-pathogenic Species Belonging to *Sporothrix*, a Genus Containing Agents of Human and Feline Sporotrichosis. *Genome Announc.* 2016; 31:4(2).
 31. Felice MR, Gulati M, Giuffrè L, Giosa D, Di Bella LM, Criseo G, Nobile CJ, Romeo O, Scordino F. Molecular characterization of the N-acetylglucosamine catabolic genes in *Candida africana*, a natural N-acetylglucosamine kinase (*HXK1*) mutant. *PLoS One.* 2016;11(1):e0147902.
 32. Rharmitt S, Hafidi M, Hajjaj H, Scordino F, Giosa D, Giuffrè L, Barreca D, Criseo G, Romeo O. Molecular characterization of patulin producing and non-producing *Penicillium* species in apples from Morocco. *Int. J Food Microbiol.* 2016; 217:137-140.
 33. Giannetto A, Maisano M, Cappello T, Oliva S, Parrino V, Natalotto A, De Marco G, Barberi C, Romeo O, Mauceri A, Fasulo S. Hypoxia-inducible factor α and Hif-prolyl hydroxylase characterization and gene expression in short-time air exposed *Mytilus galloprovincialis*. *Marine Biotechnology.* 2015;17(6):768-781.
 34. Bonaccorsi P, Barattucci A, Papalia T, Criseo G, Faggio C, Romeo O. Pyrimidine derived disulfides as potential antimicrobial agents: synthesis and evaluation in vitro. *J Sulfur Chem.* 2015; 36:317-25.
 35. Oliveira M, Franco-Duarte R, Romeo O, Pais C, Criseo G, Sampaio P, Zancopé-Oliveira R. Evaluation of T3B fingerprinting for identification of clinical and environmental *Sporothrix* species. *FEMS Microbiol Lett.* 2015; 362(6):1-7.
 36. Okolo OM, van Diepeningen AD, Toma B, Nnadi NE, Ayanbimpe MG, Onyedibe IK, Sabitu MZ, Banwat BE, Groenewald M, Scordino F, Egah ZD, Criseo G, Romeo O. First report of neonatal sepsis due to *Moesziomyces bullatus* in a preterm low birth weight infant. *J Med Microbiol Case Rep.* 2015; 2:1-4.
 37. Criseo G, Scordino F, Romeo O. Current methods for identifying clinically important cryptic *Candida* species. *J Microbiol Met.* 2015; 111:50-56.
 38. de Oliveira MM, Santos C, Sampaio P, Romeo O, Almeida-Paes R, Pais C, Lima N, Zancopé-Oliveira R. Development and optimization of a new MALDI-TOF protocol for the identification of *Sporothrix* species complex. *Res Microbiol.* 2014; 166:102-10.
 39. Delfino D, Scordino F, Pernice I, Lo Passo C, Galbo R, David A, Barberi I, Criseo G, Cascio A, Romeo O. Potential association of specific *Candida parapsilosis* genotypes, bloodstream infections and colonization of health workers' hands. *Clin Microbiol Infec.* 2014; 20:946-51.

40. Cascio A, Pantaleo D, Corona G, Barberi G, Delfino D, Romeo O, Iaria C, Barberi I. Neonatal liver abscesses associated with candidemia: Three cases and review of literature. *J Mat. Fet. Neonatal Med.* 2014; 27:743-9.
41. Nnadi NE, Ojogba OM, Romeo O, Mebi AG, Scordino F, Bessie EI, Criseo G. Lack of *Candida bracariensis* and *Candida nivariensis* in vaginal *Candida glabrata* isolates in Jos, Plateau State. *Afri J Microbiol Res.* 2013; 7:4480-2.
42. Romeo O, Criseo G. What lies beyond genetic diversity in *Sporothrix schenckii* species complex? New insights into virulence profiles, immunogenicity, and protein secretion in *S. schenckii* sensu stricto isolates. *Virulence.* 2013; 4:203-6.
43. Romeo O, Tietz HJ, Criseo G. *Candida africana*: is it a fungal pathogen? *Curr. Fungal Infect. Rep.* 2013; 7:192-7.
44. Genovese G, Romeo O, Morabito M, Alessi D, Criseo G, Faggio C. Activity of ethanolic extracts of *Asparagopsis taxiformis* against the major molecular types of *Cryptococcus neoformans/C. gattii* complex. *Afr J Microbiol Res.* 2013; 7:2662-7.
45. Esposto MC, Prigitano A, Romeo O, Criseo G, Trovato L, Tullio V, Fadda ME, Tortorano AM and FIMUA working group. Looking for *Candida nivariensis* and *C. bracarensis* among a large Italian collection of *C. glabrata* isolates: results of the FIMUA working group. *Mycoses.* 2013; 56:394-6.
46. Romeo O, Delfino D, Cascio A, Lo Passo C, Amorini M, Romeo D, Pernice I. Microsatellite-based genotyping of *Candida parapsilosis* sensu stricto isolates reveals dominance and persistence of a particular epidemiological clone among neonatal intensive care unit patients. *Inf Gen Evol.* 2013; 13:105-8.
47. Biondo C, Mancuso G, Beninati C, Iaria C, Romeo O, Cascio A, Teti G. The role of endosomal toll-like receptors in bacterial recognition. *Eur. Rev. Med. Pharmacol. Sci.* 2012; 16: 1506-12.
48. Nnadi NE, Ayanbimpe GM, Scordino F, Okolo MJ, Enweani IB, Criseo G, Romeo O. Isolation and molecular characterization of *Candida africana* from Jos, Nigeria. *Med. Mycol.* 2012; 50:765-7.
49. Romeo O, Scordino F, Chillemi V, Criseo G. *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* Species Complex in Southern Italy: An Overview on the Environmental Diffusion of Serotypes, Genotypes and Mating-Types. *Mycopathologia.* 2012; 174:283-91
50. Romeo O, Delfino D, Costanzo B, Cascio A, Criseo G. Molecular characterization of Italian *Candida parapsilosis* isolates reveals the cryptic presence of the newly described species *Candida orthopsilosis* in blood cultures from newborns. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* 2012; 72:234-8.
51. Nnadi NE, Romeo O, Ayanbimpe GM, Okolo MO, Scordino F, Enweani IB, Criseo G. Genotyping and fluconazole susceptibility of *Candida albicans* strains from patients with vulvovaginal candidiasis in Jos, Nigeria. *Asian Pac. J Trop. Dis.* 2012; 2:48-50.
52. Romeo O, Scordino F, Criseo G. New insight into molecular phylogeny and epidemiology of *Sporothrix schenckii* species complex based on calmodulin-encoding gene analysis of Italian isolates. *Mycopathologia.* 2011; 172:179-86.
53. Romeo O, Criseo G. *Candida africana* and its closest relatives. *Mycoses.* 2011; 54:475-86.

54. Cascio A, Mandraffino G, Cinquegrani M, Delfino D, Mandraffino R, Romeo O, Criseo G, Saitta A. *Actinomadura pelletieri* mycetoma - an atypical case with spine and abdominal wall involvement. *J. Med. Microbiol.* 2011; 60:673-6.
55. Romeo O, Scordino F, Criseo G. Environmental isolation of *Cryptococcus gattii* serotype B, VGI/MAT α strains in Southern Italy. *Mycopathologia.* 2011; 171:423–30.
56. Romeo O, De Leo F, Criseo G. Adherence ability of *Candida africana*: A comparative study with *Candida albicans* and *Candida dubliniensis*. *Mycoses.* 2011; 54:57-61.
57. Criseo G, Romeo O. Ribosomal DNA sequencing and phylogenetic analysis of environmental *Sporothrix schenckii* strains: comparison with clinical isolates. *Mycopathologia* 2010; 169:351-8.
58. Romeo O, Scordino F, Pernice I, Lo Passo C, Criseo G. A multiplex PCR protocol for rapid identification of *Candida glabrata* and its phylogenetically related species *Candida nivariensis* and *Candida bracarensis*. *J. Microbiol Methods.* 2009; 79:117-20.
59. Romeo O, Criseo G. Morphological, biochemical and molecular characterisation of the first Italian *Candida africana* isolate. *Mycoses.* 2009; 52:454-7
60. Romeo O, Criseo G. Molecular epidemiology of *Candida albicans* and its closely related yeasts *Candida dubliniensis* and *Candida africana*. *J. Clin. Microbiol.* 2009; 47:212-4.
61. Criseo G, Zungri D, Romeo O. A stable yeast-like form of *Sporothrix schenckii*: lack of the dimorphic stage. *J. Clin. Microbiol.* 2008; 46:3870-1.
62. Romeo O, Criseo G. First molecular method for discriminating between *Candida africana*, *Candida albicans* and *Candida dubliniensis* by using the hwp1 gene. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* 2008; 62:230-3.
63. Criseo G, Racco C, Romeo O. High genetic variability in non-aflatoxigenic *A. flavus* strains by using Quadruplex PCR-based assay. *Int. J. Food Microbiol.* 2008; 125:341-3.
64. Criseo G, Malara G, Romeo O, Puglisi Guerra A. Lymphocutaneous sporotrichosis in an immunocompetent patient: a case report from extreme southern Italy. *Mycopathologia.* 2008; 166:159-62.
65. Romeo O, Racco C, Criseo G. Amplification of the Hyphal Wall Protein 1 Gene to distinguish *Candida albicans* from *Candida dubliniensis*. *J. Clin. Microbiol.* 2006; 44:25.