

Allegato B

Decreto Rettore Università di Roma "La Sapienza" n 3396/2019 del 07.11.2019

Lucia Piacentini

Curriculum vitae scientifico e professionale

TITOLI ED ISTRUZIONE UNIVERSITARIA

- 2018 - Abilitazione scientifica nazionale per il ruolo di Professore di seconda fascia per il settore concorsuale 05/I1-Genetica per il periodo 26/07/2018 al 26/07/2024.
- 2006 - Diploma di Specializzazione in Genetica Applicata (indirizzo CITOGENETICA e GENETICA MOLECOLARE) (votazione 70/70 con lode) conseguito presso Sapienza Università di Roma. Tesi sperimentale dal titolo: HP1 e attivazione trascrizionale: identificazione dei geni target nell' eucromatina di *Drosophila melanogaster*.
- 2004 - Dottorato di Ricerca in Genetica e Biologia molecolare (XVI ciclo) conseguito presso Sapienza Università di Roma. Tesi sperimentale dal titolo: "Analisi genetica e funzionale di HP1 (Heterochromatin protein 1) nell' eucromatina di *Drosophila melanogaster*"
- 1999 - Laurea in Scienze Naturali con il massimo dei voti con lode conseguita presso Sapienza Università di Roma. Tesi sperimentale dal titolo: "Variegazione per effetto di posizione in *Drosophila*: analisi citologica della proteina HP1 codificata dal gene Su(var)2-5".
- 1992 - Diploma di Maturità Classica conseguita presso il Liceo Classico "Giovannangelo Braschi", Subiaco (Rm).

OCCUPAZIONI E FORMAZIONE POST-LAUREAM

- Da Novembre 2007 ad oggi - Ricercatore universitario, SSD BIO18-Genetica, Facoltà di Scienze M.F.N., Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma.
- Da Aprile 2007 a Luglio 2007 - Borsa di studio di ricerca erogata dell'Istituto Pasteur-Fondazione "Cenci Bolognetti", Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma.
- Da Ottobre 2006 a Gennaio 2007 - Borsa di studio di ricerca erogata dell'Istituto Pasteur-Fondazione "Cenci Bolognetti", Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma.

- Da Aprile 2006 a Settembre 2006 - Contratto di Collaborazione Coordinata e Continuativa con il Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma
- 2000-2004 – Dottorato di Ricerca in Genetica e Biologia molecolare (XVI ciclo) presso il Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma.
- Dal 1999 al 2000 e dal 2004 al 2006 – Scuola di Specializzazione in Genetica Applicata (indirizzo Citogenetica e Genetica molecolare), Sapienza Università di Roma.
- Da Aprile 1999 a Luglio 1999 - Borsa di studio di ricerca erogata dell'Istituto Pasteur-Fondazione "Cenci Bolognetti", Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma.
- Da Settembre 1999 a Dicembre 1999 - Borsa di studio di ricerca erogata dell'Istituto Pasteur-Fondazione "Cenci Bolognetti", Dipartimento di Genetica e Biologia molecolare, Sapienza Università di Roma.

INCARICHI DI INSEGNAMENTO

- Dal 2019 ad oggi- titolare di un modulo di insegnamento (3CFU) di Genetica dell'invecchiamento per la Laurea magistrale in Genetica Biologia molecolare, presso Sapienza, Università di Roma.
- dal 2015 ad oggi - titolare di un modulo di insegnamento (3CFU) di Genomica dei Sistemi Modello Animali per la Laurea specialistica in Biotecnologie Genomiche, Industriali e Ambientali, presso Sapienza, Università di Roma.
- dal 2015 - ad oggi titolare del corso di Epigenetica (6CFU) per la Laurea magistrale in Genetica Biologia molecolare, presso Sapienza, Università di Roma.
- dal 2012 ad al 2015 - titolare del corso di Genomica dei Sistemi Modello Animali (6CFU) per la Laurea specialistica in Biotecnologie Genomiche, Industriali e Ambientali, presso Sapienza, Università di Roma.
- 2013-2014 - titolare di un modulo di insegnamento (3CFU) di Epigenetica per la laurea magistrale in Genetica Biologia molecolare, presso Sapienza, Università di Roma.
- 2009-2012 - titolare di un modulo di insegnamento (3CFU) di Genetica non canonica per la Laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare, presso Sapienza, Università di Roma.
- 2009-2011 - titolare di un modulo di insegnamento (3CFU) di Genomica Strutturale e Funzionale per la Laurea specialistica in Biotecnologie Genomiche, Industriali e Ambientali, presso Sapienza, Università di Roma

ALTRE ATTIVITA' DIDATTICHE

- dal 2013 ad oggi – Svolgimento esercitazioni di Evoluzione e Sviluppo per la Laurea magistrale in EcoBiologia (titolare Fanti)
- dal 2006 ad oggi – Svolgimento esercitazioni nell'ambito del corso di Biologia dello Sviluppo per Scienze Biologiche (titolare Tata)
- 2004-2010 - Svolgimento esercitazioni nell'ambito del corso di Genetica III per Biotecnologie (titolare Fanti)
- 2002-2005 - Svolgimento esercitazioni di Genetica e Citogenetica nell'ambito del corso di Genetica II per Scienze Biologiche (Titolare Pimpinelli)

Attività di tutoraggio per la preparazione di tesi di Laurea di studenti afferenti ai corsi di Laurea in Genetica e Biologia molecolare e Biotecnologie Genomiche, Industriali e Ambientali.

Attività di tutoraggio per la preparazione di tesi di Dottorato di studenti afferenti alle Scuole di Dottorato in Genetica e Biologia molecolare (Facoltà di SMFN) e Scienze della Vita (Facoltà di Farmacia e Medicina).

- 2017 - Invited external examiner for PhD degree in Functional and Structural Genomics, SISSA, the International School for Advanced Studies, Trieste, Italy
- 2019 - Invited external examiner for PhD degree in Plant Biology and Biotechnology, Autonomous University of Barcelona, Barcelona, Spain

ATTIVITA' DI TERZA MISSIONE

- 2019-2020 - Contratto conto terzi con la OFFHEALTH SPA (prot.n. 854 Rep.1/2019 del 02-04-2019).
- 2009-2019 - Attività di divulgazione scientifica per studenti della scuola primaria e secondaria (di primo e secondo grado) in collaborazione con l' Istituto Pasteur Italia-Fondazione Cenci Bolognetti. Le attività prevedono una serie di incontri annuali in cui studenti e insegnanti si confrontano con argomenti scientifici di attualità sia attraverso lezioni teoriche che esperienze pratiche di laboratorio.

ASSOCIAZIONI SCIENTIFICHE, PREMI E RICONOSCIMENTI

- 2004 - Vincitrice del premio AGI (Associazione Genetica Italiana) per la migliore tesi di Dottorato in Genetica nell'anno 2004.
- 2004 - Membro dell'Associazione Genetica Italiana e della Federazione Italiana Scienze della Vita (FISV)

COMPITI ORGANIZZATIVI INTERNI

- dal 2014 ad oggi - Membro della Commissione di Gestione AQ del CdS LM GBM per l'analisi degli indicatori quantitativi forniti dall'ANVUR per la stesura del Rapporto di riesame.

PROGETTI DI RICERCA FINANZIATI ⁽¹⁾

- **Titolarità**
 - o 2019: Responsabile scientifico del progetto di ricerca dal titolo "Biosintesi del Lanosterolo in E. coli" finanziato dalla OFFHEALT SPA con contratto conto terzi (prot.n. 854 Rep.1/2019 del 02-04-2019)
 - o 2018: Responsabile scientifico del progetto di ricerca "Drosophila melanogaster come modello sperimentale per studiare in vivo il ruolo degli Elementi Trasponibili (TE) nella patogenesi della malattia di Huntington (HD), finanziato dalla Fondazione Terzo pilastro
 - o 2015: Responsabile scientifico del progetto di ricerca "Analisi funzionale degli Elementi trasponibili nella patogenesi della malattia di Huntington", Finanziato da Sapienza (progetti di Ateneo per la ricerca, C26A15E7CM)
- **Partecipazione come componente**
 - o 2018: Progetto di ricerca dal titolo "Environmental stress effect on transposable elements in Drosophila melanogaster and Danio rerio" finanziato da Sapienza Università di Roma (progetti di Ateneo per la ricerca, proponente prof. Laura Fanti).

⁽¹⁾ La titolarità è comprovata dagli atti ufficiali del Dipartimento di Biologia e Biotechnologie "Charles Darwin" di Sapienza Università di Roma.

- o 2017: Progetto di ricerca dal titolo "Stress, trasposoni ed evoluzione dei genomi" finanziato da Sapienza Università di Roma (progetti di Ateneo per la ricerca, proponente prof. Laura Fanti).
- o 2016: Progetto di ricerca dal titolo "Investigating the molecular dynamics driving the evolution of heterochromatin in Drosophila" finanziato da Sapienza Università di Roma (progetti di Ateneo per la ricerca, proponente prof. Patrizio Dimitri).
- o 2015-2017: Componente del gruppo di ricerca coordinato dalla Prof. Laura Fanti nell'ambito del Progetto dal titolo " Circadian Rhythms and Stress: functional role of period gene", finanziato dall'Istituto Pasteur - Fondazione Cenci Bolognetti .
- o 2012-2015: Componente del gruppo di ricerca coordinato dal Prof. Sergio Pimpinelli nell'ambito del sottoprogetto EPIGEN dal titolo "Gli elementi trasponibili e la variabilità fenotipica ereditabile indotta dallo stress: stress, Hsp90, canalizzazione e assimilazione", finanziato dal Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca e gestito dal CNR.
- o 2014 - Progetto di ricerca dal titolo "Interazioni geniche e funzionali tra ritmi circadiani, stress e invecchiamento" finanziato da Sapienza Università di Roma (progetti di Ateneo per la ricerca, proponente prof. Laura Fanti).
- o 2012-2014: Componente del gruppo di ricerca coordinato dal Prof. Sergio Pimpinelli nell'ambito del progetto dal titolo " Stress, transposons and genomes evolution " finanziato dall'Istituto Pasteur-Fondazione Cenci Bolognetti.
- o 2012-2013 - Progetto di ricerca dal titolo "Determinazione epigenetica del centromero" finanziato da Sapienza Università di Roma (progetti di Ateneo per la ricerca, proponente prof. Laura Fanti).
- o 2007-2010 - Componente del gruppo di ricerca coordinato dal Prof. Sergio Pimpinelli nell'ambito del progetto PRIN dal titolo "RNAi, eterocromatina e controllo epigenetico dell'espressione genica e comportamento cromosomico ", finanziato dal Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca.

ATTIVITÀ EDITORIALE

- 2019 – membro dell'editorial board di Epigenomics and Epigenetics per Frontiers in Cell and Developmental Biology e Frontiers in Genetics.
- 2014 - Autore del capitolo EPIGENETICA In: "Genetica" a cura di Sergio Pimpinelli, Casa Editrice Ambrosiana, p.571-584.

- **Reviewer** per numerose riviste internazionali tra cui: Chromosoma, Genome Research, Epigenetics e Nucleic Acids Research.

ATTIVITÀ SCIENTIFICA

L'attività di ricerca è incentrata principalmente sullo studio di diversi aspetti della biologia del cromosoma, quali formazione e organizzazione strutturale dell' eterocromatina pericentromerica e telomerica, regolazione epigenetica dell'espressione genica, regolazione dell'attività degli elementi trasponibili in relazione allo stress ambientale, alle malattie neurodegenerative e all' evoluzione dei genomi.

In particolare, nei primi anni di attività, l'attenzione è stata principalmente rivolta alla caratterizzazione genetica e funzionale della proteina HP1 (Heterochromatin protein 1) nell'eucromatina di *Drosophila melanogaster*. I risultati di queste ricerche hanno permesso di dimostrare, per la prima volta, un chiaro coinvolgimento della proteina HP1, non solo nell'organizzazione strutturale e funzionale dell'eterocromatina centromerica e telomerica, ma anche nell'attivazione trascrizionale e nel controllo dell'espressione genica, fornendo un contributo essenziale alla comprensione degli aspetti genetici e molecolari responsabili della localizzazione di HP1 nei domini eucromatici. Nel dettaglio, l'analisi genomica globale dei trascritti target di HP1 ha dimostrato la tendenza della proteina a legare stabilmente i trascritti nascenti e l'analisi biochimica dei complessi ribonucleoproteici che coinvolgono HP1 ha permesso di stabilire che tale proteina è essenziale nel mantenimento della stabilità dei trascritti e nella modulazione post-trascrizionale dell'espressione genica (Piacentini et al., 2003; Perrini et al., 2004; Piacentini et al., 2009; Piacentini e Pimpinelli 2010; Casale et al., 2019). Negli anni successivi l'attività di ricerca si è concentrata, in particolar modo, sullo studio dei meccanismi genetici e molecolari che controllano l'attività degli elementi trasponibili in risposta allo stress ambientale. Per la loro capacità di modulare finemente e riprogrammare l'espressione di complesse reti genetiche, infatti, gli elementi trasponibili possono rappresentare un ottimo strumento attraverso il quale i genomi possono rispondere in modo adattivo ai cambiamenti e agli stress ambientali. I risultati delle nostre ricerche hanno dimostrato che diversi tipi di stress ambientali, sia biotici che abiotici, sono in grado di innescare la mobilitazione degli elementi trasponibili, generando, in tempi rapidi, quel substrato di variabilità genetica su cui la selezione naturale può agire (Piacentini et al., 2014; Fanti, Piacentini et al., 2017; Cappucci et al., 2018). Questi dati stabiliscono una forte correlazione funzionale tra stress, trasposoni ed evoluzione dei genomi e definiscono, per la prima volta, le

basi molecolari che permettono ai genomi di rispondere in modo adattativo ai cambiamenti ambientali. Utilizzando *Drosophila melanogaster* come modello sperimentale, abbiamo dimostrato che la proteina HSP70 è un mediatore chiave nell'attivazione degli elementi trasponibili in seguito ad uno stress ambientale; HSP70, infatti, se da un lato facilita il folding delle proteine denaturate dal calore, dall'altro compromette la funzionalità del piRNA pathway, normalmente coinvolto nel silenziamento post-trascrizionale degli elementi trasponibili nella linea germinale (Cappucci et al., 2019). Questo meccanismo ha implicazioni evolutive molto importanti perchè dimostra, per la prima volta, che drastici cambiamenti ambientali possono innescare, attraverso l'induzione di HSP70, "tempeste di trasposoni" in grado di aumentare rapidamente la variabilità genetica e cambiare, in tempi brevissimi, la struttura genetica di una popolazione. Inoltre, rispetto alla formulazione darwiniana classica che attribuisce all'ambiente esclusivamente un ruolo di selezione degli organismi più adatti sulla base della loro costituzione genetica, questi dati permettono di stabilire che cambiamenti ambientali e variabilità genetica non sono due fenomeni separati bensì strettamente interconnessi nell'innescare rapidi processi evolutivi: i cambiamenti ambientali agendo come mutageni aumentano la variabilità genetica attraverso la mobilitazione degli elementi trasponibili per poi agire su di essa selezionando i genotipi più adatti (Cappucci et al., 2019).

Negli ultimi anni, l'attività di ricerca si è estesa alla dissezione genetica e molecolare dei meccanismi cellulari che inducono, attraverso la mobilitazione degli elementi trasponibili, tossicità neuronale nella patogenesi della malattia di Huntington (HD) (Casale, Liguori et al, in preparation). Anche in questo caso, *Drosophila melanogaster* è stato il modello sperimentale prescelto, perché dotata di un sistema nervoso centrale strutturato e complesso con una architettura che separa funzioni specializzate, in modo del tutto simile al sistema nervoso dei mammiferi; inoltre, attraverso l'impiego di mosche transgeniche è possibile ricapitolare la maggior parte delle caratteristiche patologiche della malattia, tra cui l'aumento della neurotossicità, la formazione di inclusioni nucleari, la neurodegenerazione progressiva, le anomalie comportamentali e la morte prematura. I nostri dati dimostrano chiaramente che esiste una correlazione funzionale tra l'attivazione degli elementi trasponibili e la patogenesi della malattia di Huntington (HD). In particolare, abbiamo dimostrato che in modelli transgenici di mosche HD, gli elementi trasponibili risultano fortemente de-repressi e che, il trattamento dei moscerini malati con inibitori farmacologici specifici delle Reverse Trascrittasi, sopprime gli effetti neurotossici legati all'espressione neuronale della proteina Huntingtina mutata. Questi risultati sono potenzialmente molto interessanti perché, da una parte ampliano il panorama delle nostre conoscenze sui circuiti molecolari coinvolti nella malattia di Huntington, dall'altra

potrebbero aprire la strada a nuove strategie terapeutiche basate sull'uso di farmaci antiretrovirali.

I risultati di queste ricerche sono stati oggetto di pubblicazioni su qualificate riviste scientifiche internazionali e sono stati recensiti sulla pagine web di Ateneo (<https://www.uniroma1.it/it/notizia/adattati-se-ti-vuoi-evolvere>; <https://www.uniroma1.it/it/notizia/stress-e-danni-alla-salute-scoperta-una-possibile-base-genetica>; <https://www.uniroma1.it/it/notizia/oltre-la-selezione-darwiniana-lereditabilita-dei-caratteri-acquisiti-seguito-di-stress>) e sulla stampa nazionale.

Collaborazioni:

- Prof. Maria Pia Bozzetti, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche ed Ambientali (DiSTeBA), Università degli Studi del Salento, Lecce (Specchia et al., 2010; Bozzetti et al., 2011; Piacentini et al., 2014);
- Dr. Maria Francesca Berloco, Dipartimento di Biologia, Università degli studi di Bari "A. Moro" (Antonacci et al., 2017; Berloco et al., 2014; Piacentini et al., 2014, Cappucci et al. 2018, 2019);
- Dr. Elisa Caffarelli, Istituto di Biologia e Patologia Molecolari (IBPM) del CNR di Roma (Laneve, Piacentini et al., 2017);
- Prof. Patrizio Dimitri, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Sapienza, Università di Roma (Messina et al., 2017; Caizzi et al, 2016; Messina et al., 2014);
- Prof. Andrea Mele, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin" e Centro di Ricerca Neurobiologia, Sapienza, Università di Roma (Cappucci et al., 2018);
- Prof. Rodolfo Negri, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Sapienza, Università di Roma (Piacentini et al., 2009);
- Prof. Luciana Mosca, Dipartimento di Scienza Biochimiche "A. Rossi Fanelli", Sapienza, Università di Roma (Mattioli et al., 2019);
- Prof. Stefano Gustincich, Dipartimento di Neuroscience and Brain Technologies, Istituto Italiano di Tecnologia (IIT), Genova e Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati (SISSA), Trieste (Casale, Liguori et al., *Drosophila melanogaster* as a model to study in vivo the functional role of Transposable Elements (TE) in Huntington's disease pathogenesis, in preparation).

ORGANIZZAZIONE E PARTECIPAZIONE COME RELATORE A CONVEGNI SCIENTIFICI

- FISV-AGI Congress, Riva del Garda Ottobre 2004. Genetic and functional analysis of HP1 (Heterochromatin Protein 1) in *Drosophila* euchromatin. Relatore su invito.

- XIII Italian Drosophila Research Conference, Bologna 13-15 Settembre 2006. HP1 and gene expression: identification of target genes in Drosophila melanogaster euchromatin.
- XIV Italian Drosophila Research Conference, Ponzano Romano (RM) 2-4 Luglio 2008: HP1 and gene expression: identification of target transcripts by RIP-ChiP.
- Scuola di Genetica in Cortona "Epigenetica tra Lamarckismo e Darwinismo", Cortona 16-18 Giugno 2010. HP1 (Heterochromatin Protein 1): a multifunctional epigenetic adapter. Relatore su invito.
- XV Italian Drosophila Research Conference, Lecce 28-30 Giugno 2010. The Heterochromatin protein 1 (HP1) positively regulates euchromatic gene expression through RNA transcript association and hnRNPs interaction in Drosophila.
- XVI Italian Drosophila Research Conference, Palermo 1-3 Ottobre 2012. Environmental Stress, Transposons and Genomes evolution.

VALORI DEI CRITERI COMPARATIVI RICHIESTI PER LA VALUTAZIONE

- Numero complessivo di lavori su banche dati internazionali riconosciute per l'abilitazione scientifica nazionale: 21 (banca dati di riferimento: Scopus e ISI Web of Science). Ai 21 lavori si aggiunge una review ufficialmente accettata su Functional Ecology il giorno 8 Novembre 2019 (non ancora presente in banca dati).
- Indice di Hirsch relativo all'intera produzione scientifica: 9 (banca dati di riferimento: Scopus e ISI Web of Science)
- Numero totale delle citazioni relativo all'intera produzione scientifica: 752 (banca dati di riferimento: Scopus)
- Numero medio di citazioni per pubblicazione: 35.8 (banca dati di riferimento: Scopus)
- «impact factor» totale e «impact factor» medio per pubblicazione, calcolati in relazione all'anno della pubblicazione: 145.1 e 6.6 (banca dati di riferimento: ISI Web of Science/Journal Citation Reports).
- «impact factor» totale e «impact factor» medio per pubblicazione, calcolati in relazione all'anno della pubblicazione, come primo/co-primo/ultimo autore, o corresponding author: 60.24 e 5.476 (banca dati di riferimento: ISI Web of Science/Journal Citation Reports)
- Al numero complessivo di lavori su banche dati internazionali riconosciute per l'abilitazione scientifica nazionale si aggiunge la redazione del capitolo (Epigenetica) nel libro di testo GENETICA a cura di Sergio Pimpinelli, Casa Editrice Ambrosiana, p.571-584.

PUBBLICAZIONI

(Per ogni pubblicazione è indicato il DOI, quando disponibile e l'impact factor relativo all'anno di pubblicazione)

1. Pimpinelli S and **Piacentini L**. Environmental changes and evolution of genomes: transposons as translators of the phenotypic plasticity into genotypic variability. Accepted to Functional Ecology. 2019.
IF₂₀₁₈₋₂₀₁₉: 5.037
2. Cappucci U, Noro F, Casale AM, Fanti L, Berloco M, Alagia AA, Grassi L, Le Pera L, **Piacentini*** L, Pimpinelli S. The Hsp70 chaperone is a major player in stress-induced transposable element activation. Proc Natl Acad Sci U S A. 2019 Sep 3;116(36):17943-17950. doi: 10.1073/pnas.1903936116. Epub 2019 Aug 9. * co-corresponding author.
IF₂₀₁₈₋₂₀₁₉: 9.5804
3. **Piacentini L**, Marchetti M, Bucciarelli E, CasaleAM, Cappucci U, Bonifazi P, Renda F, Fanti L. A role of the Trx-G complex in Cid/CENP-A deposition at Drosophila melanogaster centromeres. Chromosoma. 2019 Jun 16. doi: 10.1007/s00412-019-00711-x.
IF₂₀₁₈: 3.530
4. Casale AM, Cappucci U, Fanti L, **Piacentini L**. Heterochromatin protein 1 (HP1) is intrinsically required for post-transcriptional regulation of Drosophila Germline Stem Cell (GSC) maintenance. Sci Rep. 2019 Mar 13;9(1):4372. doi: 10.1038/s41598-019-40152-1.
IF₂₀₁₈₋₂₀₁₉: 4.011
5. Mattioli R, Francioso A, d'Erme M, Trovato M, Mancini P, **Piacentini L**, Casale AM, Wessjohann L, Gazzino R, Costantino P, Mosca L. Anti-Inflammatory Activity of A Polyphenolic Extract from Arabidopsis thaliana in In Vitro and In Vivo Models of Alzheimer's Disease. Int J Mol Sci. 2019 Feb 7;20(3). pii: E708. doi: 10.3390/ijms20030708.
IF₂₀₁₈₋₂₀₁₉: 4.183
6. Cappucci U, Torromino G, Casale AM, Camon J, Capitano F, Berloco M, Mele A, Pimpinelli S, Rinaldi A, **Piacentini L**. Stress-induced strain and brain region-specific activation of LINE-1 transposons in adult mice. Stress. 2018 Nov;21(6):575-579. doi: 10.1080/10253890.2018.1485647. Epub 2018 Jul 11.
IF₂₀₁₈: 2.168
7. Fanti* L, **Piacentini*** L, Cappucci U, Casale AM, Pimpinelli S. Canalization by Selection of De Novo-Induced Mutations. Genetics. 2017 Aug;206(4):1995-2006. doi: 10.1534/genetics.117.201079. Epub 2017 Jun 1. * first co-author and co-corresponding author.
IF₂₀₁₇: 4.075

8. Antonacci R, Tritto P, Cappucci U, Fanti L, **Piacentini L**, Berloco M. *Drosophilidae* monitoring in Apulia (Italy) reveals *Drosophila suzukii* as one of the four most abundant species. *Bulletin of Insectology*. 2017 70: 139-146.
IF₂₀₁₇: 1.088
9. Messina G, Atterrato MT, Prozzillo Y, **Piacentini L**, Losada A, Dimitri P. The human Cranio Facial Development Protein 1 (Cfdp1) gene encodes a protein required for the maintenance of higher-order chromatin organization. *Sci Rep*. 2017 Apr 3;7:45022. doi: 10.1038/srep45022.
IF₂₀₁₇: 4.122
10. Laneve* P, **Piacentini* L**, Casale AM, Capauto D, Gioia U, Cappucci U, Di Carlo V, Bozzoni I, Di Micco P, Morea V, Di Franco CA, Caffarelli E. *Drosophila* CG3303 is an essential endoribonuclease linked to TDP-43-mediated Neurodegeneration. *Sci Rep*. 2017 Jan 31;7:41559. doi: 10.1038/srep41559. * first co-author.
IF₂₀₁₇: 4.122
11. Caizzi R, Moschetti R, **Piacentini L**, Fanti L, Marsano RM, Dimitri P. Comparative Genomic Analyses Provide New Insights into the Evolutionary Dynamics of Heterochromatin in *Drosophila*. *PLoS Genet*. 2016 Aug 11;12(8):e1006212. doi: 10.1371/journal.pgen.1006212. eCollection 2016 Aug.
IF₂₀₁₆: 6.100
12. Berloco M, Palumbo G, **Piacentini L**, Pimpinelli S, Fanti L. Position effect variegation and viability are both sensitive to dosage of constitutive heterochromatin in *Drosophila*. *G3 (Bethesda)*. 2014 Jul 21;4(9):1709-16. doi: 10.1534/g3.114.013045.
IF₂₀₁₄: 3.198
13. **Piacentini L**, Fanti L, Specchia V, Bozzetti MP, Berloco M, Palumbo G, Pimpinelli S. Transposons, environmental changes, and heritable induced phenotypic variability. *Chromosoma*. 2014 Aug;123(4):345-54. doi: 10.1007/s00412-014-0464-y. Epub 2014 Apr 22.
IF₂₀₁₄: 4.602
14. Messina G, Damia E, Fanti L, Atterrato MT, Celauro E, Mariotti FR, Accardo MC, Walther M, Verni F, Picchioni D, Moschetti R, Caizzi R, **Piacentini L**, Cenci G, Giordano E, Dimitri P. Yeti, an essential *Drosophila melanogaster* gene, encodes a protein required for chromatin organization. *J Cell Sci*. 2014 Jun 1;127(Pt 11):2577-88. doi: 10.1242/jcs.150243. Epub 2014 Mar 20.
IF₂₀₁₄: 5.432
15. Bozzetti MP, Fanti L, Di Tommaso S, **Piacentini L**, Berloco M, Tritto P, Specchia V. The "Special" crystal-Stellate System in *Drosophila melanogaster* Reveals Mechanisms Underlying piRNA Pathway-Mediated Canalization. *Genet Res Int*. 2012; 2012:324293. doi: 10.1155/2012/324293. Epub 2011 Dec 15.
IF₂₀₁₄: 1.579

16. Specchia V, **Piacentini L**, Tritto P, Fanti L, D'Alessandro R, Palumbo G, Pimpinelli S, Bozzetti MP. Hsp90 prevents phenotypic variation by suppressing the mutagenic activity of transposons. *Nature*. 2010 Feb 4;463(7281):662-5. doi: 10.1038/nature08739. Epub 2010 Jan 10.
IF₂₀₁₀: 36.104
17. **Piacentini L** and Pimpinelli S. Positive regulation of euchromatic gene expression by HP1. *Fly (Austin)*. 2010 Oct-Dec;4(4):299-301. Epub 2010 Oct 3.
IF₂₀₁₀: 1.56
18. **Piacentini L**, Fanti L, Negri R, Del Vescovo V, Fatica A, Altieri F, Pimpinelli S. Heterochromatin protein 1 (HP1a) positively regulates euchromatic gene expression through RNA transcript association and interaction with hnRNPs in *Drosophila*. *PLoS Genet*. 2009 Oct;5(10):e1000670. doi: 10.1371/journal.pgen.1000670. Epub 2009 Oct 2.
IF₂₀₀₉: 9.532
19. Fanti L, Perrini B, **Piacentini L**, Berloco M, Marchetti E, Palumbo G, Pimpinelli S. The trithorax group and Pc group proteins are differentially involved in heterochromatin formation in *Drosophila*. *Chromosoma*. 2008 Feb;117(1):25-39. Epub 2007 Sep 7.
IF₂₀₁₀: 4.196
20. Perrini B, **Piacentini L**, Fanti L, Altieri F, Chichiarelli S, Berloco M, Turano C, Ferraro A, Pimpinelli S. HP1 controls telomere capping, telomere elongation, and telomere silencing by two different mechanisms in *Drosophila*. *Mol Cell*. 2004 Aug 13;15(3):467-76.
IF₂₀₀₄: 16.811
21. **Piacentini L**, Fanti L, Berloco M, Perrini B, Pimpinelli S. Heterochromatin protein 1 (HP1) is associated with induced gene expression in *Drosophila* euchromatin. *J Cell Biol*. 2003 May 26;161(4):707-14. Epub 2003 May 19.
IF₂₀₀₃: 12.023
22. Fanti L, Berloco M, **Piacentini L**, Pimpinelli S. Chromosomal distribution of heterochromatin protein 1 (HP1) in *Drosophila*: a cytological map of euchromatic HP1 binding sites. *Genetica*. 2003 Mar;117(2-3):135-47.
IF₂₀₀₃: 2.057
23. **Piacentini L**. EPIGENETICA. (2014) In: "Genetica" a cura di Sergio Pimpinelli, Casa Editrice Ambrosiana, p.571-584.

Roma, 20/11/2019

In fede,
