

INFORMAZIONI PERSONALI **Elisabetta Pizzi**POSIZIONE RICOPERTA
TITOLO DI STUDIO **Ricercatrice presso Istituto Superiore di Sanità
Laurea in Fisica**ESPERIENZA
PROFESSIONALE

11/2000 a oggi

Ricercatrice presso l'Istituto Superiore di Sanità

Nel corso di questi anni sviluppa e applica strumenti di biologia computazionale per lo studio di dati “-omici” con interesse in ambito biomedico. In tale ambito, prosegue gli studi delle proprietà linguistico-composizionali dei genomi eucariotici, l'analisi delle sequenze proteiche e delle regioni non codificanti in *P. falciparum*; lo sviluppo di metodi computazionali predittivi specifici per i genomi dei parassiti malarici; l'analisi di dati di spettrometria di massa. Fornisce il supporto bioinformatico per l'analisi dei dati a diversi gruppi sperimentali.

L'attività di ricerca di analisi dei genomi eucariotici è stata finanziata da progetti di cui è stata Responsabile di Unità Operativa. L'attività di ricerca sui parassiti malarici è stata a lungo supportata dai progetti internazionali e nazionali. Nell'ambito dello sviluppo di approcci multidisciplinari alla ricerca e alla “integrazione dei dati” partecipa come Responsabile di Unità Operativa al Progetto INFN “Discosyn”.

Contribuisce a organizzare presso l'Istituto Superiore di Sanità il Corso di Bioinformatica per gli studenti PhD del progetto BioMalPar, il Convegno dedicato all'applicazione nella ricerca biomedica di metodi di proteomica e il Meeting Finale del Progetto Europeo MEPHITIS. E' parte del comitato scientifico dei meeting in Bioinformatica ECCB'08 e BITS2014.

Nell'ambito della sua partecipazione ai progetti europei in ricerca sulla malaria contribuisce come docente al corso del programma PhD di BioMalPar e come Keynote speaker nella sessione System Biology della 7th Annual Biomalpar Conference on the Biology and Pathology of the Malaria Parasite. Viene chiamata dalla Accademia Nazionale delle Scienze detta dei XL a svolgere una lezione rivolta ai professori di scuola media superiore sulla evoluzione della ricerca nello studio del DNA.

In questi anni è supervisore della tesi di dottorato del Dr. Emanuele Bultrini con argomento l'analisi della composizione in oligonucleotidi di diversi genomi eucariotici allo scopo di derivare di definire un set di parametri utili alla possibile identificazione di regioni regolative. Questo studio è stato preliminare per la messa a punto di un metodo predittivo per l'identificazione delle regioni promotore nel genoma di *P. falciparum*, metodo che è l'oggetto principale della tesi di PhD EMBL del Dr. Kevin Brick. Nell'ambito dell'analisi dei dati di proteomica ha seguito il Dr. Vincenzo Cusumano nella tesi di laurea magistrale in cui è stata presentata la messa a punto di una pipeline per l'analisi di dati di proteomica quantitativa “label free” di microdomini di membrana nei parassiti malarici. Sempre riguardo questa attività di ricerca ha supervisionato la tesi di PhD internazionale della Dr.ssa Gabriella Sferra in cui viene utilizzato un approccio di “system biology”, basato sulla ricostruzione di reti di interazione proteina-proteina, per lo studio della dinamica di questi compartimenti cellulari nel corso dello sviluppo del parassita. Nel 2021 risulta vincitrice del bando della Regione Lazio “Intervento per il rafforzamento della ricerca e innovazione nel Lazio – incentivi per i dottorati di innovazione per le imprese e per la PA” per il co-finanziamento di borsa di dottorato (Scuola di dottorato in Biochimica- Docente di riferimento Prof. Beatrice Vallone) assegnata alla Dr.ssa Laura Megliorini per lo svolgimento del progetto attualmente in corso “Sviluppo di una piattaforma di integrazione di dati “multi-omici” per l'inferenza di reti di interazioni molecolari tra patogeno e cellula “target”. Infine ha ospitato alcuni studenti tirocinanti del Master in Bioinformatica della Università “Sapienza”.

Sviluppa un nuovo metodo di “phylogenetic profiling” basato sulla “distance correlation” che viene

- 03/1997-12/2000 applicato ai dati genomici di *P. falciparum* per la predizione di una rete bayesiana di interazioni proteina-proteina. In collaborazione con gruppi sperimentali dell'Istituto contribuisce a sviluppare una procedura originale che attraverso un approccio integrato dei dati consenta l'analisi dei microdomini di membrana; collabora con gruppi di ricerca dell'Istituto Superiore di Sanità per l'analisi statistica e bioinformatica dei dati sperimentali e per l'analisi filogenetica dei virus HIV-1 in un campione della popolazione carceraria italiana. E' membro del comitato scientifico per il Meeting Annuale del Network Italiano sulla Malaria presso l'Istituto Superiore di Sanità. Nell'ambito degli approcci multidisciplinari e integrati per l'attività di ricerca partecipa come Responsabile di Unità Operativa al progetto INFN "ENESMA".
- 12/1992-02/1997 Ricercatrice a contratto presso l'Istituto Superiore di Sanità presso il Laboratorio di biologia Cellulare. Durante questo periodo si occupa dello studio delle proprietà statistico/linguistiche dei genomi eucariotici. In particolare, analizza la distribuzione di oligonucleotidi nel genoma di *Caenorhabditis elegans* e si occupa dello studio evolutivo dei genomi di *Plasmodium* attraverso l'analisi e il confronto delle sequenze delle diverse regioni (codificanti, introniche e intergeniche). Collabora con i colleghi sperimentali allo studio del gene della γ -glutamylcisteina sintetasi in due specie di parassiti malarici.
- 10/1991-12/1992 Ricercatrice presso l'Istituto di Ricerche di Biologia Molecolare (IRBM) Piero Angeletti di Pomezia. Collabora con i gruppi coinvolti nello sviluppo di "combinatorial libraries" contribuendo a elaborare un software per la mappatura di epitopi conformazionali sulla superficie di proteine di struttura nota e alla creazione di un database dedicato. Entrambi gli strumenti sono stati poi utilizzati per la gestione dei dati teorici (epitopi predetti) e il loro confronto con i risultati sperimentali. Elabora un modello strutturale della proteasi di HCV contribuendo alla comprensione del meccanismo di riconoscimento enzima-substrato e quindi alla identificazione sperimentale del sito di taglio nella poliproteina del virus. In collaborazione con l'Università il Milano conduce un'analisi della variabilità di sequenza nella famiglia delle lipasi in *Candida rugosa* identificando gli amino acidi coinvolti nella specificità per il substrato. Collabora con il Laboratorio di Ultrastrutture e il Laboratorio di Biologia Cellulare dell'Istituto Superiore di Sanità per l'analisi della sequenza del gene *cnf1* da isolati tossicogenici di *E. coli*. Come componente dell'Unità di Bioinformatica contribuisce all'organizzazione di un corso internazionale sulla predizione di struttura delle proteine, assistendo gli studenti nell'utilizzo degli strumenti computazionali adottati all'epoca per la costruzione di modelli proteici 3D. E' docente per due anni di seguito (1994-95) della Scuola Nazionale di Scienza delle Proteina.
- 05/1991-11/1991 Borsista presso l'Istituto di Ricerche di Biologia Molecolare (IRBM) Piero Angeletti di Pomezia (Unità di Bioinformatica). Acquisisce competenze nello studio della struttura tridimensionale delle proteine, in particolare del "molecular modelling" e della biologia computazionale strutturale. Contribuisce a elaborare un modello strutturale della lipasi di *Candida cylindracea* nell'ambito di una collaborazione con l'Università il Milano.
- 06/1989-05/1991 Borsista CNR presso Centro Studi sui Mitocondri e Metabolismo Energetico a Bari. In questo periodo sviluppa un metodo per l'interrogazione di banche dati allo scopo di individuare similarità tra sequenze codificanti e contribuisce a sviluppare un modello matematico del "turnover" del DNA telomerico in *Plasmodium berghei*.
- Ospite Laboratorio di Biologia Cellulare dell'Istituto Superiore di Sanità nel reparto di Biofisica Molecolare. Dal 1/10/1989 al 1/05/1989 è ricercatore a contratto nell'ambito del progetto CEE "Molecular Biology of Malaria Parasites". Durante questo periodo la sua attività di ricerca si concentra sullo studio dell'organizzazione dei genomi eucariotici. In questo ambito, sviluppa e applica metodi computazionali per l'analisi delle regioni con sequenze nucleotidiche ripetitive con particolare riferimento ai genomi dei parassiti malarici.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Marzo 1989 Laurea in Fisica

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

	COMPRENSIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Inglese	B2	C1	B2	B2	B2

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni

Fonte Scopus (01/02/2024) h-index 19

- Deligianni, E., **Pizzi, E.**, Kavelaki, I., Siden-Kiamos, I., Sapienza, F.U., Fioravanti, R., Garzoli, S., Pace, T., Ponzi, M., Ragno, R., Currà, C. Screening of the activity of sixty essential oils against plasmodium early mosquito stages in vitro and machine learning analysis reveals new putative inhibitors of malaria parasites (2023) International Journal for Parasitology: Drugs and Drug Resistance, 23, pp. 87-93. DOI: 10.1016/j.ijpddr.2023.11.002
- Maggiorella, M.T., Sernicola, L., Picconi, O., **Pizzi, E.**, Belli, R., Fulgenzi, D., Rovetto, C., Bruni, R., Costantino, A., Taffon, S., Chionne, P., Madonna, E., Pisani, G., Borsetti, A., Falvino, C., Ranieri, R., Baccalini, R., Pansera, A., Castelvedere, F., Babudieri, S., Madeddu, G., Starnini, G., Dell’Isola, S., Cervellini, P., Ciccaglione, A.R., Ensoli, B., Buttò, S. Epidemiological and molecular characterization of HBV and HCV infections in HIV-1-infected inmate population in Italy: a 2017–2019 multicenter cross-sectional study (2023) Scientific Reports, 13 (1), art. no. 14908, DOI: 10.1038/s41598-023-41814-x
- Grasso, F., Fratini, F., Albanese, T.G., Mochi, S., Ciardo, M., Pace, T., Ponzi, M., **Pizzi, E.**, Olivieri, A. Identification and preliminary characterization of Plasmodium falciparum proteins secreted upon gamete formation (2022) Scientific Reports, 12 (1), art. no. 9592, . Cited 2 times. DOI: 10.1038/s41598-022-13415-7
- Piscopo, P., Manzini, V., Rivabene, R., Crestini, A., Le Pera, L., **Pizzi, E.**, Veroni, C., Talarico, G., Peconi, M., Castellano, A.E., D’Alessio, C., Bruno, G., Corbo, M., Vanacore, N., Lacorte, E. A Plasma Circular RNA Profile Differentiates Subjects with Alzheimer’s Disease and Mild Cognitive Impairment from Healthy Controls (2022) International Journal of Molecular Sciences, 23 (21), art. no. 13232, . Cited 6 times. DOI: 10.3390/ijms232113232

5. Bossa, C., Branchi, I., Caccia, B., Cisbani, E., Daniele, C., D'Avenio, G., Esposito, G., Facchiano, F., Frustagli, G., Gagliardi, R.V., Galluzzi, A., Giansanti, D., Gigante, G., Giuliani, A., Pera, L.L., Mattia, M., Morelli, S., Moro, O., Palma, A., Pazienti, A., Picconi, O., **Pizzi, E.**, Poli, C., Ruspantini, I., Tait, S., Tcheremenskaia, O. The challenge of complexity in the Big Data era: how to ride the wave of high-dimensional data revolution (2022) *Annali dell'Istituto Superiore di Sanita*, 58 (3), pp. 151-153. DOI: 10.4415/ANN_22_03_01
6. Olivieri, A., Lee, R.S., Fratini, F., Keutcha, C., Chaand, M., Mangano, V., Celani, F., Mochi, S., Birago, C., Paone, S., Grasso, F., Tirelli, V., Falchi, M., Shabani, E., Bertoncini, S., Sirima, B.S., **Pizzi, E.**, Modiano, D., Duraisingh, M.T., Ponzi, M. Structural organization of erythrocyte membrane microdomains and their relation with malaria susceptibility (2021) *Communications Biology*, 4 (1), art. no. 1375, . Cited 2 times. DOI: 10.1038/s42003-021-02900-w
7. Grasso, F., Mochi, S., Fratini, F., Olivieri, A., Currà, C., Kiamos, I.S., Deligianni, E., Birago, C., Picci, L., **Pizzi, E.**, Pace, T., Ponzi, M. A Comprehensive Gender-related Secretome of *Plasmodium berghei* Sexual Stages (2020) *Molecular and Cellular Proteomics*, 19 (12), pp. 1986-1996. Cited 5 times. DOI: 10.1074/mcp.RA120.002212
8. Raggi, C., Diociaiuti, M., Caracciolo, G., Fratini, F., Fantozzi, L., Piccaro, G., Fecchi, K., **Pizzi, E.**, Marano, G., Ciaffoni, F., Bravo, E., Fiani, M.L., Sargiacomo, M. Caveolin-1 endows order in cholesterol-rich detergent resistant membranes (2019) *Biomolecules*, 9 (7), art. no. 287, . Cited 11 times. DOI: 10.3390/biom9070287
9. Boussadia, Z., Lamberti, J., Mattei, F., **Pizzi, E.**, Puglisi, R., Zanetti, C., Pasquini, L., Fratini, F., Fantozzi, L., Felicetti, F., Fecchi, K., Raggi, C., Sanchez, M., D'Atri, S., Carè, A., Sargiacomo, M., Parolini, I. Acidic microenvironment plays a key role in human melanoma progression through a sustained exosome mediated transfer of clinically relevant metastatic molecules (2018) *Journal of Experimental and Clinical Cancer Research*, 37 (1), art. no. 245, . Cited 95 times. DOI: 10.1186/s13046-018-0915-z
10. Fratini, F., Raggi, C., Sferra, G., Birago, C., Sansone, A., Grasso, F., Curra, C., Olivieri, A., Pace, T., Mochi, S., Picci, L., Ferreri, C., Di Biase, A., **Pizzi, E.**, Ponzi, M. An integrated approach to explore composition and dynamics of cholesterol-rich membrane microdomains in sexual stages of malaria parasite (2017) *Molecular and Cellular Proteomics*, 16 (10), pp. 1801-1814. Cited 12 times. DOI: 10.1074/mcp.M117.067041
11. Sferra, G., Fratini, F., Ponzi, M., **Pizzi, E.** Phylo_dCor: Distance correlation as a novel metric for phylogenetic profiling (2017) *BMC Bioinformatics*, 18 (1), art. no. 396, . Cited 4 times. DOI: 10.1186/s12859-017-1815-5
12. Yam, X.Y., Birago, C., Fratini, F., Di Girolamo, F., Raggi, C., Sargiacomo, M., Bachi, A., Berry, L., Fall, G., Currà, C., **Pizzi, E.**, Breton, C.B., Ponzi, M. Proteomic analysis of detergent-Resistant membrane microdomains in trophozoite blood stage of the human malaria parasite *plasmodium falciparum* (2013) *Molecular and Cellular Proteomics*, 12 (12), pp. 3948-3961. Cited 17 times. DOI: 10.1074/mcp.M113.029272
13. Possenti, A., Fratini, F., Fantozzi, L., Pozio, E., Dubey, J.P., Ponzi, M., **Pizzi, E.**, Spano, F. Global proteomic analysis of the oocyst/sporozoite of *Toxoplasma gondii* reveals commitment to a host-independent lifestyle (2013) *BMC Genomics*, 14 (1), art. no. 183, . Cited 52 times. DOI: 10.1186/1471-2164-14-183
14. Frugier, M., Bour, T., Ayach, M., Santos, M.A.S., Rudinger-Thirion, J., Théobald-Dietrich, A., **Pizzi, E.** Low Complexity Regions behave as tRNA sponges to help co-translational folding of plasmodial proteins (2010) *FEBS Letters*, 584 (2), pp. 448-454. Cited 26 times. DOI: 10.1016/j.febslet.2009.11.004

15. Bhatt, T.K., Kapil, C., Khan, S., Jairajpuri, M.A., Sharma, V., Santoni, D., Silvestrini, F., **Pizzi, E.**, Sharma, A. A genomic glimpse of aminoacyl-tRNA synthetases in malaria parasite *Plasmodium falciparum* (2009) *BMC Genomics*, 10, art. no. 644, . Cited 69 times. DOI: 10.1186/1471-2164-10-644
16. Bultrini, E., Brick, K., Mukherjee, S., Zhang, Y., Silvestrini, F., Alano, P., **Pizzi, E.** Revisiting the *Plasmodium falciparum* RIFIN family: From comparative genomics to 3D-model prediction (2009) *BMC Genomics*, 10, art. no. 1471, p. 445. Cited 19 times. DOI: 10.1186/1471-2164-10-445
17. Brick, K., Watanabe, J., **Pizzi, E.** Core promoters are predicted by their distinct physicochemical properties in the genome of *Plasmodium falciparum* (2008) *Genome Biology*, 9 (12), art. no. R178, . Cited 26 times. DOI: 10.1186/gb-2008-9-12-r178
18. Di Girolamo, F., Raggi, C., Birago, C., **Pizzi, E.**, Lalle, M., Picci, L., Pace, T., Bachi, A., De Jong, J., Janse, C.J., Waters, A.P., Sargiacomo, M., Ponzi, M. *Plasmodium* lipid rafts contain proteins implicated in vesicular trafficking and signalling as well as members of the PIR superfamily, potentially implicated in host immune system interactions (2008) *Proteomics*, 8 (12), pp. 2500-2513. Cited 34 times. DOI: 10.1002/pmic.200700763
19. Brick, K., **Pizzi, E.** A novel series of compositionally biased substitution matrices for comparing *Plasmodium* proteins (2008) *BMC Bioinformatics*, 9, art. no. 236, . Cited 14 times. DOI: 10.1186/1471-2105-9-236
20. Trasarti, E., **Pizzi, E.**, Pozio, E., Tosini, F. The immunological selection of recombinant peptides from *Cryptosporidium parvum* reveals 14 proteins expressed at the sporozoite stage, 7 of which are conserved in other apicomplexa (2007) *Molecular and Biochemical Parasitology*, 152 (2), pp. 159-169. Cited 13 times. DOI: 10.1016/j.molbiopara.2006.12.010
21. Bultrini, E., **Pizzi, E.** A new parameter to study compositional properties of non-coding regions in eukaryotic genomes (2006) *Gene*, 385, pp. 75-82. Cited 2 times. DOI: 10.1016/j.gene.2006.05.030
22. Pace, T., Olivieri, A., Sanchez, M., Albanesi, V., Picci, L., Kiamos, I.S., Janse, C.J., Waters, A.P., **Pizzi, E.**, Ponzi, M. Set regulation in asexual and sexual *Plasmodium* parasites reveals a novel mechanism of stage-specific expression (2006) *Molecular Microbiology*, 60 (4), pp. 870-882. Cited 39 times. DOI: 10.1111/j.1365-2958.2006.05141.x
23. Di Girolamo, F., Raggi, C., Bultrini, E., Lanfrancotti, A., Silvestrini, F., Sargiacomo, M., Birago, C., **Pizzi, E.**, Alano, P., Ponzi, M. Functional genomics, new tools in malaria research (2005) *Annali dell'Istituto Superiore di Sanita*, 41 (4), pp. 469-477. Cited 11 times
24. Silvestrini, F., Bozdech, Z., Lanfrancotti, A., Di Giulio, E., Bultrini, E., Picci, L., DeRisi, J.L., **Pizzi, E.**, Alano, P. Genome-wide identification of genes upregulated at the onset of gametocytogenesis in *Plasmodium falciparum* (2005) *Molecular and Biochemical Parasitology*, 143 (1), pp. 100-110. Cited 124 times. DOI: 10.1016/j.molbiopara.2005.04.015
25. Baronchelli, A., Caglioti, E., Loreto, V., **Pizzi, E.** Dictionary-based methods for information extraction (2004) *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 342 (1-2 SPEC. ISS.), pp. 294-300. Cited 5 times. DOI: 10.1016/j.physa.2004.01.072
26. Birago, C., Albanesi, V., Silvestrini, F., Picci, L., **Pizzi, E.**, Alano, P., Pace, T., Ponzi, M. A gene-family encoding small exported proteins is conserved across *Plasmodium* genus (2003) *Molecular and Biochemical Parasitology*, 126 (2), pp. 209-218. Cited 34 times. DOI: 10.1016/S0166-6851(02)00275-X
27. Bultrini, E., **Pizzi, E.**, Del Giudice, P., Frontali, C. Pentamer vocabularies characterizing introns and intron-like intergenic tracts from *Caenorhabditis elegans* and

- Drosophila melanogaster* (2003) *Gene*, 304 (1-2), pp. 183-192. Cited 22 times. DOI: 10.1016/S0378-1119(02)01206-4
28. **Pizzi, E.**, Frontali, C. Fine structure of *Plasmodium falciparum* subtelomeric sequences (2001) *Molecular and Biochemical Parasitology*, 118 (2), pp. 253-258. Cited 4 times. DOI: 10.1016/S0166-6851(01)00362-0
29. **Pizzi, E.**, Frontali, C. Low-complexity regions in *Plasmodium falciparum* proteins (2001) *Genome Research*, 11 (2), pp. 218-229. Cited 112 times. DOI: 10.1101/gr.1522R
30. **Pizzi, E.**, Frontali, C. Divergence of noncoding sequences and of insertions encoding nonglobular domains at a genomic region well conserved in plasmodia (2000) *Journal of Molecular Evolution*, 50 (5), pp. 474-480. Cited 19 times. DOI: 10.1007/s002390010050
31. **Pizzi, E.**, Frontali, C. Molecular evolution of coding and non-coding regions in *Plasmodium* (1999) *Parassitologia*, 41 (1-3), pp. 89-91. Cited 5 times.
32. Frontali, C., **Pizzi, E.** Similarity in oligonucleotide usage in introns and intergenic regions contributes to long-range correlation in the *Caenorhabditis elegans* genome (1999) *Gene*, 232 (1), pp. 87-95. Cited 14 times. DOI: 10.1016/S0378-1119(99)00111-0
33. Birago, C., Pace, T., Picci, L., **Pizzi, E.**, Scotti, R., Ponzi, M. The putative gene for the first enzyme of glutathione biosynthesis in *Plasmodium berghei* and *Plasmodium falciparum* (1999) *Molecular and Biochemical Parasitology*, 99 (1), pp. 33-40. Cited 13 times. DOI: 10.1016/S0166-6851(98)00179-0
34. Failla, C.M., **Pizzi, E.**, De Francesco, R., Tramontano, A. Redesigning the substrate specificity of the hepatitis C virus NS3 protease (1996) *Folding and Design*, 1 (1), pp. 35-42. Cited 29 times. DOI: 10.1016/S1359-0278(96)00010-7
35. **Pizzi, E.**, Cortese, R., Tramontano, A. Mapping epitopes on protein surfaces (1995) *Biopolymers*, 36 (5), pp. 675-680. Cited 32 times. DOI: 10.1002/bip.360360513
36. Dore, E., Pace, T., Picci, L., **Pizzi, E.**, Ponzi, M., Frontali, C. Dynamics of telomere turnover in *Plasmodium berghei* (1994) *Molecular Biology Reports*, 20 (1), pp. 27-33. Cited 10 times. DOI: 10.1007/BF00999852
37. Lotti, M., Tramontano, A., Longhi, S., Fusetti, F., Brocca, S., **Pizzi, E.**, Alberghina, L. Variability within the *Candida rugosa* upases family (1994) *Protein Engineering, Design and Selection*, 7 (4), pp. 531-535. Cited 93 times. DOI: 10.1093/protein/7.4.531
38. **Pizzi, E.**, Tramontano, A., Tomei, L., La Monica, N., Failla, C., Sardana, M., Wood, T., De Francesco, R. Molecular model of the specificity pocket of the hepatitis C virus protease: Implications for substrate recognition (1994) *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91 (3), pp. 888-892. Cited 103 times. DOI: 10.1073/pnas.91.3.888
39. Tramontano, A., **Pizzi, E.**, Felici, F., Luzzago, A., Nicosia, A., Cortese, R. A database system for handling phage library-derived sequences (1993) *Gene*, 128 (1), pp. 143-144. Cited 3 times. DOI: 10.1016/0378-1119(93)90165-Y
40. Falbo, V., Pace, T., Picci, L., **Pizzi, E.**, Caprioli, A. Isolation and nucleotide sequence of the gene encoding cytotoxic necrotizing factor 1 of *Escherichia coli* (1993) *Infection and Immunity*, 61 (11), pp. 4909-4914. Cited 123 times.
41. Longhi, S., Lotti, M., Fusetti, F., **Pizzi, E.**, Tramontano, A., Alberghina, L. Homology-derived three-dimensional structure prediction of *Candida cylindracea* lipase (1992) *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)/Lipids and Lipid Metabolism*, 1165 (1), pp. 129-133. Cited 9 times. DOI: 10.1016/0005-2760(92)90084-9

42. Ponzi, M., Pace, T., Dore, E., Picci, L., **Pizzi, E.**, Frontali, C. Extensive turnover of telomeric DNA at a Plasmodium berghei chromosomal extremity marked by a rare recombinational event (1992) *Nucleic Acids Research*, 20 (17), pp. 4491-4497. Cited 12 times. DOI: 10.1093/nar/20.17.4491
43. **Pizzi, E.**, Attimonelli, M., Liuni, S., Frontali, C., Saccone, C. A simple method for global sequence comparison (1992) *Nucleic Acids Research*, 20 (1), pp. 131-136. Cited 9 times. DOI: 10.1093/nar/20.1.131
44. Frontali, C., **Pizzi, E.** Conservation and divergence of repeated structures in Plasmodium genomes: the molecular drift. (1991) *Acta Leidensia*, 60 (1), pp. 69-81. Cited 12 times.
45. **Pizzi, E.**, Liuni, S., Frontali, C. Detection of latent sequence periodicities (1990) *Nucleic Acids Research*, 18 (13), pp. 3745-3752. Cited 20 times. DOI: 10.1093/nar/18.13.3745

a. Partecipazione a progetti di ricerca

1. Responsabile Scientifico del Progetto “Approcci computazionali allo studio di sistemi di interesse biomedico” (Fondi intramurali, art. 502) del 5 Aprile 2002.
2. Responsabile Scientifico del Progetto “Nuove tecnologie informatiche per l’analisi di biosequenze” (1% Ricerca Corrente 1999) del 5 Aprile 2002.
3. Responsabile Scientifico di Unità Operativa nel Progetto 1% “Test genetici: dalla ricerca alla clinica” (Responsabile Dott.ssa Domenica Taruscio 2003-2005).
4. Responsabile di Unità Operativa del Progetto Europeo FP7 “Mephitis” (2009-2011). Progetto MEPHITIS (FP7 Collaborative Project; HEALTH-F3-2009-223024)
5. Principal investigator nel Network of Excellence BioMalPar (2005-2009) (FP6 Malaria Initiative)
6. Principal investigator nel progetto European Virtual Institute of Malaria Research EviMalAR EViMalAR (FP7 Network of Excellence, Grant Agreement No. 242095) (2010-2015).
7. Partecipante del progetto bandiera CNR “InterOmics” (PB.P05) 2013
8. Responsabile di Unità Operativa progetto INFN “Discosynp”
9. Componente dello Spoke3 “FORMAZIONE UNIVERSITARIA E DOTTORATI INDUSTRIALI” nell’ambito del progetto PNRR Ecosistema dell’innovazione Rome Technopole.

Dati personali Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 “Codice in materia di protezione dei dati personali”.

la sottoscritta dichiara di essere consapevole che il presente *curriculum vitae* sarà pubblicato sul sito istituzionale dell’Ateneo, nella Sezione “Amministrazione trasparente”, nelle modalità e per la durata prevista dal d.lgs. n. 33/2013, art. 15.

Data
01/02/2024

Il presente *curriculum vitae*, è redatto ai fini della pubblicazione nella Sezione “Amministrazione trasparente” del sito web istituzionale dell’Ateneo al fine di garantire il rispetto della vigente normativa in materia di tutela dei dati. Il C.V. in versione integrale è conservato presso gli Uffici della Struttura che ha conferito l’incarico.