

Curriculum Vitae

Informazioni personali

Nome e Cognome

Gianmarco Pascarella

Nazionalità

Italiana

Email lavorativa

gianmarco.pascarella@uniroma1.it

Pubblicazioni

Bruscalupi G, Di Micco P, Failla CM, Pascarella G, Morea V, Saliola M, De Paolis A, Venditti S, Mauro ML. Arabidopsis thaliana sirtuins control proliferation and glutamate dehydrogenase activity. *Plant Physiol Biochem.* 2022 Nov 11;194:236-245. doi: 10.1016/j.plaphy.2022.11.007. Epub ahead of print. PMID: 36436414

Mattioli R, Pascarella G, D'Inca R, Cona A, Angelini R, Morea V, Tavladoraki P. Arabidopsis N-acetyltransferase activity 2 preferentially acetylates 1,3-diaminopropane and thialysine. *Plant Physiol Biochem.* 2022 Jan 1;170:123-132. doi: 10.1016/j.plaphy.2021.11.034. Epub 2021 Nov 24. PMID: 34871830.

Napoli A, Iacovelli F, Faglierone C, Pascarella G, Falconi M, Billi D. Genome-Wide Identification and Bioinformatics Characterization of Superoxide Dismutases in the Desiccation-Tolerant Cyanobacterium *Chroococcidiopsis* sp. CCME029. *Front Microbiol.* 2021 May 28;12:660050. doi: 10.3389/fmicb.2021.660050. PMID: 34122375; PMCID: PMC8193680.

Battista T, Pascarella G, Staid DS, Colotti G, Rosati J, Fiorillo A, Casamassa A, Vescovi AL, Giabbai B, Semrau MS, Fanelli S, Storici P, Squitieri F, Morea V, Ilari A. Known Drugs Identified by Structure-Based Virtual Screening Are Able to Bind Sigma-1 Receptor and Increase Growth of Huntington Disease Patient-Derived Cells. *Int J Mol Sci.* 2021 Jan 28;22(3):1293. doi: 10.3390/ijms22031293. PMID: 33525510; PMCID: PMC7865886.

Carbo M, Brandi V, Pascarella G, Staid D, Colotti G, Polticelli F, Ilari A & Morea V (2019) Bioinformatics analysis of Ras homologue enriched in the striatum, a potential target for Huntington's disease therapy. *Int. J. Mol. Med.* 44, 2223–2233. Available at: <http://www.spandidos-publications.com/10.3892/ijmm.2019.4373>.

Esperienza Lavorativa

Assegno di ricerca

Dicembre 2022 -

Nome e indirizzo del datore di lavoro

Istituto di Tecnologie Biomediche ITB CNR

Progetto di ricerca

Implementazione di una piattaforma per il training e lo sviluppo di corsi multimediali

Assegno di ricerca

Febbraio 2020 – Novembre 2022

Nome e indirizzo del datore di lavoro

Istituto di Biologia e Patologia Molecolari IBPM CNR

Progetto di ricerca	Identification of Key-Structural and Functional Residues in Homologous Protein Structures
Borse Studio	Agosto 2019 – Novembre 2019
Nome e indirizzo del datore di lavoro	Dipartimento di Scienze radiologiche, oncologiche ed anatomo-patologiche della "Sapienza Università di Roma"
Tipo di attività o settore	Sviluppo di un metodo per l'analisi comparativa di programmi di allineamento strutturale di proteine.
Stage post-laurea	Gennaio 2019 – Luglio 2019
Nome e indirizzo del datore di lavoro	Istituto di Biologia e Patologia Molecolari IBPM CNR
Tipo di attività o settore	Analisi strutturale del recettore Sigma-1 ed individuazione di composti già in uso come farmaci e potenzialmente in grado di legarlo mediante analisi computazionale (virtual screening) di composti presenti in banche dati specializzate (manoscritto in preparazione). Analisi di strutture tridimensionali (3D) e costruzione di modelli 3D di proteine appartenenti alla famiglia Ras e di proteine che interagiscono con RHES (Carbo et al, 2019).

Istruzione

Dottorato	Dottorato di ricerca in Biochimica XXXVI ciclo
Data	2020 – in corso
Luogo	Università degli studi di Roma "La Sapienza"
Laurea Magistrale	Bioinformatica
Luogo	Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"
Data	2014 - 2018
Tesi di Laurea	" <i>Caratterizzazione delle superossido dismutasi in un cianobatterio estremo-tollerante</i> ".
Tematiche trattate	Utilizzo di ClustalO e Jalview per la creazione di multiallineamenti. Analisi di sequenza tramite Prosite e simili. Ricostruzione di struttura 3D di proteine e docking molecolare. Espressione genica in risposta al disseccamento.
Laurea Triennale	Scienze Biologiche
Luogo	Università degli Studi della Tuscia
Data	2009 - 2014
Tesi di Laurea	"Astrobiologia: Nascita, Sviluppo e prospettive future di una nuova scienza".
Diploma	Maturità scientifica
Data	2004 - 2009

Tirocinio e Stage

Tirocinio tesi	2015 - 2018
----------------	-------------

Luogo	Università degli studi di Roma Tor Vergata
Attività svolta	Caratterizzazione di superossido dismutasi di cianobatterio attraverso multiallineamenti (ClustalO + Jalview), predizione di struttura 3D (I-TASSER, Swiss-Model), docking molecolare (HADDOCK+PDBePISA), analisi proteina (Pfam, Prosite)
Stage curriculare	
Data	2012
Luogo	Lab. Di Genetica e Biochimica delle Proteine Vegetali, DAFNE - Viterbo
Attività svolta	Preparazione di campioni biologici di origine vegetale (frumento) in laboratorio - Acquisizione di varie tecniche di laboratorio: Estrazione e Purificazione di DNA, PCR, Elettroforesi
Data	2012
Luogo	Laboratorio d'analisi, Azienda Ospedaliera di Cassino (FR)
Attività svolta	Acquisizione manualità nella manipolazione e trattamento di campioni biologici - Apprendimento tecniche di analisi di immunometria
Data	2011 - 2012
Luogo	Laboratorio di Microscopia SEM, TEM e confocale, CIME - Centro Microscopia Elettronica, Viterbo
Attività svolta	Osservazione di campioni al microscopio - Preparazioni di campioni biologici - Teoria sulla microscopia elettronica
Capacità e competenze	
Conoscenze Informatiche e Bioinformatiche	<p>S.O. Windows e Linux - Pacchetto office e simili - Programmi per la manipolazione di immagini (e.g., Gimp) - Principali programmi e databases per l'analisi di sequenze, strutture e funzioni di proteine, tra i quali:</p> <ul style="list-style-type: none"> - database: Pfam, Prosite, PDB, ecc. - programmi per l'analisi ed il confronto di sequenze proteiche: Blast, PsiBlast, ClustalO, JalView, ecc. - programmi per la visualizzazione e l'analisi di strutture 3D di proteine: e.g., Chimera, Swiss-PDB Viewer, PyMol, ecc. - programmi per la costruzione di modelli 3D di proteine: Swiss-Model, I-TASSER, HH-Pred, ecc. - programmi di docking tra proteine: HADDOCK, DOCK, ecc. - programmi di docking tra proteine e piccole molecole: Autodock, Vina, ecc. - programmi per la preparazione di piccole molecole per il virtual screening: MarvinSketch, openbabel, ecc.
Linguaggi di Programmazione	Python - C - Ruby - HTML5 e CSS - MySQL- Linux bash
Tecniche biologiche	Preparazione campioni biologici SDS-PAGE – qRT-PCR - Estrazione DNA/RNA Western Blotting

Lingue Parlate

Italiano – madrelingua

Inglese - buono

Francese - elementare

Interessi di
Ricerca

Analisi computazionale di strutture tridimensionali, sequenze e funzioni di proteine mirata all'individuazione di relazioni sequenza-struttura-funzione tra proteine evolutivamente correlate.

Predizione di struttura e funzioni proteiche basata su metodi evolutivisti.

Individuazione di molecole utilizzabili in campo biomedico sia mediante "virtual screening" di composti presenti in banche dati che mediante progettazione razionale di proteine e peptidi con proprietà modificate sulla base di informazioni evolutivistiche.