

INFORMAZIONI PERSONALI **Valerio Licursi**

POSIZIONE RICOPERTA **Ricercatore presso IBPM-CNR**

ESPERIENZA PROFESSIONALE

- Feb 2022 – oggi **Ricercatore**
Istituto di Biologia e Patologia Molecolare (IBPM), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR)
- 2019 – Gen 2022 **Ricercatore a tempo determinato tipo A**
Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma.
- 2016 – 2018 **Assegnista di ricerca**
presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi e Informatica "Antonio Ruberti", Consiglio Nazionale delle Ricerche, progetto EPIGEN. Attività di ricerca: Sviluppo di modelli computazionali per la genomica funzionale applicata allo studio dei tumori
- Mag 2015 – Ago 2016 **Assegnista di ricerca**
presso il Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma. Attività di ricerca: "Dissecting the role of potential inhibitor drug of histone H3 lysine 4 demethylases using genome-wide approaches"
- Gen 2011 – Set 2014 **Assegnista di ricerca**
presso il Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 2023 – oggi **ASN Professore Associato, 05/E2 – SSD BIO/11 Biologia Molecolare**
- 2011 **Dottorato di Ricerca in Biologia Cellulare e dello Sviluppo**
"Sapienza" Università di Roma.
- 2007 **Laurea Magistrale in Biotecnologie Genomiche (110/110 e lode)**
"Sapienza" Università di Roma.

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

Inglese

COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
C1	C1	B2	B2	C1

Livelli: A1/A2: Utente base - B1/B2: Utente intermedio - C1/C2: Utente avanzato
[Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue](#)

Competenze organizzative e gestionali

- Supervisore di 1 dottorando. Sono stato Tutor di 2 dottorandi e di oltre 10 studenti di laurea triennale e magistrale appartenenti ai corsi di Bioinformatica, Biotecnologie e Genetica e Biologia Molecolare, Sapienza Università di Roma.

Competenze digitali

AUTOVALUTAZIONE				
Elaborazione delle informazioni	Comunicazione	Creazione di Contenuti	Sicurezza	Risoluzione di problemi
Avanzato	Avanzato	Avanzato	Avanzato	Avanzato

Livelli: Utente base - Utente intermedio - Utente avanzato
 Competenze digitali - Scheda per l'autovalutazione

- Ottima padronanza (>10 anni) del linguaggio di programmazione R
 - Esperienza (>3 anni) sviluppo di R/shiny app
 - Esperienza pluriennale in analisi dati con le seguenti metodiche:
 - (>10 anni) Tecniche di sequenziamento parallelo massivo (NGS), in particolare RNA-seq e ChIP-seq, ATAC-seq, CUT&RUN, Metagenomica (analisi ampliconi 16S/ITS)
 - (>5 anni) Proteomica, in particolare metodi di “Label Free Quantification”
 - (>10 anni) Microarray (profili di espressione genica con microarray Affymetrix, Agilent e non commerciali, profili di espressione di microRNA)
 - Buona padronanza in Python, LaTeX, HTML, PHP, MySQL
 - Altro software usato in ambito di ricerca: GenePix Pro, ScanArray, GeneSpring, TIGR MeV, Expander, MaxQuant, Perseus, ImageJ
- Esperienza pluriennale (>15 anni) con:
- Sistemi operativi Linux, Windows e macOS
 - Microsoft Office suite (Access, Excel, PowerPoint, Word)
 - Adobe suite (Illustrator, InDesign, Photoshop)

ULTERIORI INFORMAZIONI

Progetti

PROGETTI DI FINANZIAMENTO DELLA RICERCA

2023-2025: Unità PI del PRIN 2022: “Nr2f1-dependent regulation of Mitochondrial Function in Neural Development and Disease”

2023-2025: Unità PI del PRIN 2022 PNRR: “The role of miR-211 in neuronal aging: From Disease Mechanisms to Therapy”

2020-2022: progetto finanziato dalla Regione Lazio: “Progetto Genoma Trisomia 21 (HGP-T21)”

2019-2022: progetto finanziato da ASI: “MARS-PRE: MARcatori biologici e funzionali per la biomedicina”

2019-2021: PI del progetto finanziato dalla Sapienza Università di Roma: “Role of the chromatin remodeller histone demethylase KDM5B and its isoforms in breast cancer and melanoma”

2016: PI del progetto finanziato dalla Sapienza Università di Roma. Titolo del progetto: “The Cop9 Signalosome Complex as a therapeutic target in human cancer”

2011-2013: Member of the project PRIN: “Ruolo dei Fattori Regolativi Generali (GRF) di S. cerevisiae nell'organizzazione strutturale e dinamica della cromatina”

Negli ultimi 10 anni sono state avviate e mantenute collaborazioni scientifiche con diversi gruppi italiani e internazionali.

Attività didattica svolta Da Anno accademico 2019/2020 a oggi:

- Docente dell'insegnamento di Bioinformatics I (6 CFU) per il 2° anno del corso di laurea in Bioinformatics, "Sapienza" – Università di Roma
- incarico di Docenza presso "Sapienza" Univ. Di Roma per il corso di Statistics for Biologists (in lingua inglese, 1 CFU) per la Scuola di Dottorato Biologia e Medicina Molecolare (BEMM PhD School) svolto per il corso di dottorato in Biologia Cellulare e Dello Sviluppo, affidato tramite procedura comparativa
- membro del Collegio dei Docenti della Scuola di Dottorato in Biologia Cellulare e Dello Sviluppo, "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2018/2019

Esercitazioni in Statistica nel "Statistica per Biologi", Scuola di Dottorato Biologia e Medicina Molecolare (BEMM), "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2015/2016

Esercitazioni in Statistica nel "Corso di Biostatistica", Scuola di Dottorato Biologia e Medicina Molecolare (BEMM), "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2014/2015

Esercitazioni in Statistica nel "Corso di Biostatistica", Scuola di Dottorato Biologia e Medicina Molecolare (BEMM), "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2014/2015

Lezioni ed Esercitazioni in Analisi dati di sequenziamento del trascrittoma (RNA-seq) con R/Bioconductor - Master in "Bioinformatica: applicazioni biomediche e farmaceutiche", "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2013/2014

Lezioni ed Esercitazioni in Analisi dati di sequenziamento del trascrittoma (RNA-seq) con R/Bioconductor - Master in "Bioinformatica: applicazioni biomediche e farmaceutiche", "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2011/2012

Lezioni ed Esercitazioni in Analisi dati di Microarray con R - Master in "Bioinformatica: applicazioni biomediche e farmaceutiche", "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2008/2009

Lezioni ed esami per il corso di "Ingegneria Genetica" – Corso di laurea magistrale in Biotecnologie Genomiche, "Sapienza" – Università di Roma

Anno accademico 2007/2008

Lezioni ed esami per il corso di "Biotecnologie Molecolari" – Master in "Applicazioni e Controlli Biotecnologici", "Sapienza" – Università di Roma

Pubblicazioni PUBBLICAZIONI DEGLI ULTIMI DIECI ANNI

Indici Bibliometrici (SCOPUS)

- Citazioni: 990
- Hirsch (H) index: 19

1. Truglio, M. et al. Modulating the skin mycobiome-bacteriome and treating seborrheic dermatitis with a probiotic-enriched oily suspension. *Sci Rep* 14, 2722 (2024).
2. Pacella, I. et al. Iron capture through CD71 drives perinatal and tumor-associated Treg expansion. *JCI Insight* 9, e167967 (2024).

3. Di Nisio, E., Manzini, V., Licursi, V. & Negri, R. To Erase or Not to Erase: Non-Canonical Catalytic Functions and Non-Catalytic Functions of Members of Histone Lysine Demethylase Families. *Int J Mol Sci* 25, 6900 (2024).
4. Giuliani A, Licursi V, Nisi PS, et al. Dbx2, an Aging-Related Homeobox Gene, Inhibits the Proliferation of Adult Neural Progenitors. *Stem Cell Rev and Rep*. Published online August 22, 2023. doi:10.1007/s12015-023-10600-7
5. Fragale A, Stellacci E, Romagnoli G, et al. Reversing vemurafenib-resistance in primary melanoma cells by combined romidepsin and type I IFN treatment through blocking of tumorigenic signals and induction of immunogenic effects. *Int J Cancer*. 2023;153(5):1080-1095. doi:10.1002/ijc.34602
6. Di Nisio E, Licursi V, Mannironi C, et al. A truncated and catalytically inactive isoform of KDM5B histone demethylase accumulates in breast cancer cells and regulates H3K4 tri-methylation and gene expression. *Cancer Gene Ther*. Published online January 26, 2023. doi:10.1038/s41417-022-00584-w
7. Di Nisio E, Danovska S, Condemi L, et al. H3 Lysine 4 Methylation Is Required for Full Activation of Genes Involved in α -Ketoglutarate Availability in the Nucleus of Yeast Cells after Diauxic Shift. *Metabolites*. 2023;13(4):507. doi:10.3390/metabo13040507
8. Wang W, Di Nisio E, Licursi V, et al. Simulated Microgravity Modulates Focal Adhesion Gene Expression in Human Neural Stem Progenitor Cells. *Life*. 2022;12(11):1827. doi:10.3390/life12111827
9. Tiberti S, Catozzi C, Croci O, et al. GZMKhigh CD8+ T effector memory cells are associated with CD15high neutrophil abundance in non-metastatic colorectal tumors and predict poor clinical outcome. *Nat Commun*. 2022;13:6752. doi:10.1038/s41467-022-34467-3
10. Sibilio P, Belardinilli F, Licursi V, Paci P, Giannini G. An integrative in-silico analysis discloses a novel molecular subset of colorectal cancer possibly eligible for immune checkpoint immunotherapy. *Biology Direct*. 2022;17(1):10. doi:10.1186/s13062-022-00324-y
11. Gualtieri A, Bianconi V, Renzini A, Pieroni L, Licursi V, Mozzetta C. The RNA helicase DDX5 cooperates with EHMT2 to sustain alveolar rhabdomyosarcoma growth. *Cell Reports*. 2022;40(9):111267. doi:10.1016/j.celrep.2022.111267
12. Mandolesi G, Rizzo FR, Balletta S, et al. The microRNA let-7b-5p Is Negatively Associated with Inflammation and Disease Severity in Multiple Sclerosis. *Cells*. 2021;10(2). doi:10.3390/cells10020330
13. Mancini M, Grasso M, Muccillo L, et al. DNMT3A epigenetically regulates key microRNAs involved in epithelial-to-mesenchymal transition in prostate cancer. *Carcinogenesis*. 2021;(bgab101). doi:10.1093/carcin/bgab101
14. Licursi V, Wang W, Di Nisio E, et al. Transcriptional modulations induced by proton irradiation in mice skin in function of adsorbed dose and distance. *Journal of Radiation Research and Applied Sciences*. 2021;14(1):260-270. doi:10.1080/16878507.2021.1949675
15. Etna MP, Severa M, Licursi V, et al. Genome-Wide Gene Expression Analysis of Mtb-Infected DC Highlights the Rapamycin-Driven Modulation of Regulatory Cytokines via the mTOR/GSK-3 β Axis. *Frontiers in Immunology*. 2021;12. Accessed July 24, 2023. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2021.649475>
16. Di Nisio E, Lupo G, Licursi V, Negri R. The Role of Histone Lysine Methylation in the Response of Mammalian Cells to Ionizing Radiation. *Frontiers in Genetics*. 2021;12. Accessed July 24, 2023. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2021.639602>
17. Di Giulio S, Colicchia V, Pastorino F, et al. A combination of PARP and CHK1 inhibitors efficiently antagonizes MYCN-driven tumors. *Oncogene*. Published online September 10, 2021:1-10. doi:10.1038/s41388-021-02003-0
18. Dentici ML, Alesi V, Quinodoz M, et al. Biallelic variants in ZNF526 cause a severe neurodevelopmental disorder with microcephaly, bilateral cataract, epilepsy and simplified gyration. *J Med Genet*. Published online January 4, 2021. doi:10.1136/jmedgenet-2020-107430
19. De Vito F, Musella A, Fresegna D, et al. MiR-142-3p regulates synaptopathy-driven disease progression in multiple sclerosis. *Neuropathol Appl Neurobiol*. Published online September 7, 2021. doi:10.1111/nan.12765
20. Salvi E, Rutten JP, Di Mambro R, et al. A Self-Organized PLT/Auxin/ARR-B Network Controls the Dynamics of Root Zonation Development in *Arabidopsis thaliana*. *Developmental Cell*. 2020;53(4):431-443.e23. doi:10.1016/j.devcel.2020.04.004
21. Paci P, Fiscon G, Conte F, et al. Integrated transcriptomic correlation network analysis identifies COPD molecular determinants. *Sci Rep*. 2020;10:3361. doi:10.1038/s41598-020-60228-7
22. Licursi V, Anzellotti S, Favaro J, et al. X-ray irradiated cultures of mouse cortical neural stem/progenitor cells recover cell viability and proliferation with dose-dependent kinetics. *Sci Rep*. 2020;10:6562. doi:10.1038/s41598-020-63348-2

23. Gasparini S, Licursi V, Presutti C, Mannironi C. The Secret Garden of Neuronal circRNAs. *Cells*. 2020;9(8):1815. doi:10.3390/cells9081815
24. Gasparini S, Del Vecchio G, Gioiosa S, et al. Differential Expression of Hippocampal Circular RNAs in the BTBR Mouse Model for Autism Spectrum Disorder. *Mol Neurobiol*. 2020;57(5):2301-2313. doi:10.1007/s12035-020-01878-6
25. Coni S, Serrao SM, Yurtsever ZN, et al. Blockade of EIF5A hypusination limits colorectal cancer growth by inhibiting MYC elongation. *Cell Death Dis*. 2020;11(12):1045. doi:10.1038/s41419-020-03174-6
26. Antonelli F, Esposito A, Calvo L, et al. Characterization of black patina from the Tiber River embankments using Next-Generation Sequencing. *PLoS ONE*. 2020;15(1):e0227639. doi:10.1371/journal.pone.0227639
27. Rossi MN, Pascarella A, Licursi V, et al. NLRP2 Regulates Proinflammatory and Antiapoptotic Responses in Proximal Tubular Epithelial Cells. *Front Cell Dev Biol*. 2019;7. doi:10.3389/fcell.2019.00252
28. Pontiggia D, Spinelli F, Fabbri C, et al. Changes in the microsomal proteome of tomato fruit during ripening. *Sci Rep*. 2019;9. doi:10.1038/s41598-019-50575-5
29. Pippa S, Mannironi C, Licursi V, et al. Small Molecule Inhibitors of KDM5 Histone Demethylases Increase the Radiosensitivity of Breast Cancer Cells Overexpressing JARID1B. *Molecules*. 2019;24(9). doi:10.3390/molecules24091739
30. Morciano P, Di Giorgio ML, Porrazzo A, et al. Depletion of ATP-Citrate Lyase (ATPCL) Affects Chromosome Integrity Without Altering Histone Acetylation in Drosophila Mitotic Cells. *Front Physiol*. 2019;10. doi:10.3389/fphys.2019.00383
31. Mocavini I, Pippa S, Licursi V, et al. JARID1B expression and its function in DNA damage repair are tightly regulated by miRNAs in breast cancer. *Cancer Sci*. 2019;110(4):1232-1243. doi:10.1111/cas.13925
32. Luly FR, Lévêque M, Licursi V, et al. MiR-146a is over-expressed and controls IL-6 production in cystic fibrosis macrophages. *Sci Rep*. 2019;9(1):16259. doi:10.1038/s41598-019-52770-w
33. Licursi V, Conte F, Fiscon G, Paci P. MIENTURNET: an interactive web tool for microRNA-target enrichment and network-based analysis. *BMC Bioinformatics*. 2019;20(1). doi:10.1186/s12859-019-3105-x
34. Conte F, Fiscon G, Licursi V, et al. A paradigm shift in medicine: A comprehensive review of network-based approaches. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*. Published online August 2, 2019:194416. doi:10.1016/j.bbagr.2019.194416
35. Fiscon G, Conte F, Licursi V, Nasi S, Paci P. Computational identification of specific genes for glioblastoma stem-like cells identity. *Scientific Reports*. 2018;8(1):7769. doi:10.1038/s41598-018-26081-5
36. Licursi V, Cestelli Guidi M, Del Vecchio G, et al. Leptin induction following irradiation is a conserved feature in mammalian epithelial cells and tissues. *Int J Radiat Biol*. 2017;93(9):947-957. doi:10.1080/09553002.2017.1339918
37. Guadagno NA, Moriconi C, Licursi V, et al. Neuroserpin polymers cause oxidative stress in a neuronal model of the dementia FENIB. *Neurobiol Dis*. 2017;103:32-44. doi:10.1016/j.nbd.2017.03.010
38. Fragale A, Romagnoli G, Licursi V, et al. Antitumor Effects of Epidrug/IFN α Combination Driven by Modulated Gene Signatures in Both Colorectal Cancer and Dendritic Cells. *Cancer Immunol Res*. 2017;5(7):604-616. doi:10.1158/2326-6066.CIR-17-0080
39. Carucci N, Cacci E, Nisi PS, et al. Transcriptional response of Hoxb genes to retinoid signalling is regionally restricted along the neural tube rostrocaudal axis. *R Soc Open Sci*. 2017;4(4):160913. doi:10.1098/rsos.160913
40. Capitano F, Camon J, Licursi V, et al. MicroRNA-335-5p modulates spatial memory and hippocampal synaptic plasticity. *Neurobiol Learn Mem*. 2017;139:63-68. doi:10.1016/j.nlm.2016.12.019
41. Capitano F, Camon J, Ferretti V, et al. microRNAs Modulate Spatial Memory in the Hippocampus and in the Ventral Striatum in a Region-Specific Manner. *Mol Neurobiol*. 2016;53(7):4618-4630. doi:10.1007/s12035-015-9398-5
42. Piersanti S, Burla R, Licursi V, et al. Transcriptional Response of Human Neurospheres to Helper-Dependent CAV-2 Vectors Involves the Modulation of DNA Damage Response, Microtubule and Centromere Gene Groups. *PLoS ONE*. 2015;10(7):e0133607. doi:10.1371/journal.pone.0133607
43. Simão D, Pinto C, Piersanti S, et al. Modeling Human Neural Functionality In Vitro: Three-Dimensional Culture for Dopaminergic Differentiation. *Tissue Engineering Part A*. 2014;21(3-4):654-668. doi:10.1089/ten.tea.2014.0079
44. Licursi V, Salvi C, De Cesare V, et al. The COP9 signalosome is involved in the regulation of lipid metabolism and of transition metals uptake in *Saccharomyces cerevisiae*. *The FEBS Journal*.

- 2014;281(1):175-190. doi:10.1111/febs.12584
45. Guidi MC, Mirri C, Fratini E, Licursi V, Marcelli A. FT-IR imaging spectroscopy as a complementary analytical technique to monitor lipids as biomarkers to high-LET (linear energy transfer) radiation. *Rend Fis Acc Lincei*. 2014;25(1):75-79. doi:10.1007/s12210-013-0273-x
46. Giusti N, Bufalieri F, Licursi V, et al. General features of the transcriptional response of mammalian cells to low- and high-LET irradiation. *Rendiconti Lincei*. 2014;25(S1):69-74. doi:10.1007/s12210-013-0274-9
47. Piersanti S, Astrologo L, Licursi V, et al. Differentiated neuroprogenitor cells incubated with human or canine adenovirus, or lentiviral vectors have distinct transcriptome profiles. *PLoS ONE*. 2013;8(7):e69808. doi:10.1371/journal.pone.0069808

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".

Il sottoscritto 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
09/08/2024

f.to
Valerio Licursi