

**FORMATO EUROPEO
PER IL CURRICULUM
VITAE**



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome	TRIA, GIANCARLO
E-mail	[REDACTED]
Nazionalità	Italiana
Data di nascita	[REDACTED]
Titolo di studio	Dottorato di ricerca (Ph.D.) in Scienze Naturali
Profilo	Biologo Strutturale Computazionale (h-index 10, >1500 citazioni)
Descrizione	<p>Profilo multidisciplinare attivo nella caratterizzazione strutturale di (macro)molecole e biomateriali tramite tecniche di microscopia elettronica criogenica (h-index 10, >1500 citazioni)</p> <p>Esperto in biotecnologie molecolari, modellazione tridimensionale e caratterizzazione strutturale di (macro)molecole e biomateriali tramite bioinformatica e tecniche di biofisica quali: Small Angle X-ray Scattering (SAXS) in soluzione, Macromolecular X-ray Crystallography (MX) e Transmission Electron cryo-Microscopy (cryoTEM).</p>

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da – a) 01 Aprile 2019 – in corso
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro Università degli Studi di Firenze – Dipartimento di Chimica “Ugo Schiff”
Via della Lastruccia 3-13, 50019, Sesto Fiorentino (Fi)
 - Tipo di azienda o settore Università
 - Tipo di impiego Tecnico a tempo indeterminato
 - Principali mansioni e responsabilità Responsabile laboratorio cryoTEM
Responsabile della gestione del laboratorio di microscopia elettronica criogenica per la caratterizzazione strutturale di macromolecole (www.flocen.unifi.it). Mansioni nell'intero workflow di gestione del laboratorio e caratterizzazione delle macromolecole: dalla vitrificazione dei campioni (con l'ausilio del Vitrobot®) alla raccolta dei dati (tramite l'utilizzo del microscopio Thermo Scientific™ Glacios™ a 200kV e la camera Falcon3® in electron counting mode) e successiva analisi ed interpretazione dei risultati. Responsabile del supercomputer (10 GPUs e 200 CPUs) per lo screening in-silico di ligandi e molecole a partire dalla struttura della proteina e/o recettore target.

Nomina a Direttore dell'Esecuzione del Contratto (DEC), Decreto n. 68/2020 Prot. n. 1767 del 08.01.2020

Nomina a Referente Tecnico per il laboratorio di microscopia elettronica criogenica FloCEN, Verbale del Consiglio di Dipartimento del 09.03.2021
-
- Date (da – a) 01 settembre 2018 – 31 marzo 2019
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro Sosei Heptares
Steinmetz Building, Granta Park, Great Abington, Cambridge, CB21 6DG, United Kingdom
 - Tipo di azienda o settore Azienda farmaceutica
 - Tipo di impiego Ricerca farmaceutica
 - Principali mansioni e responsabilità CryoTEM Facility Officer
Responsabile della gestione del laboratorio aziendale di microscopia elettronica criogenica per la caratterizzazione strutturale di recettori di membrana (GPCRs) quali target per la progettazione di farmaci structure-based di terza generazione. Principali mansioni nell'intero workflow di gestione del laboratorio e caratterizzazione delle macromolecole: dalla vitrificazione dei campioni (con l'ausilio del Vitrobot®) alla raccolta dei dati (tramite l'utilizzo del microscopio Thermo Scientific™ Glacios™ a 200kV e la camera Falcon3® in electron counting mode) fino all'analisi dei dati e successiva presentazione dei risultati in manoscritti, conferenze, congressi e meeting interni
-
- Date (da – a) 15 aprile 2015 – 31 agosto 2017
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro Maastricht University – M4i Nanoscopy Division
Universiteitssingel 50, G0.202 6229 ER Maastricht, Netherlands
 - Tipo di azienda o settore Università
 - Tipo di impiego PostDoc
 - Principali mansioni e responsabilità Biologo Computazionale Microscopista
Progettazione e sviluppo di sistemi per la caratterizzazione strutturale di complessi proteici (nell'ambito della tubercolosi da micobatterio) tramite l'uso della microscopia elettronica criogenica, con principali mansioni nell'intero workflow di caratterizzazione delle macromolecole: dalla vitrificazione dei campioni (con l'ausilio del Vitrobot®) alla raccolta dei dati (tramite l'utilizzo del microscopio Tencai Arctica® a 200kV e la camera Falcon3® in electron counting mode) fino all'analisi dei dati e successiva presentazione dei risultati in manoscritti, conferenze, congressi e meeting interni.

- Date (da – a) 01 ottobre 2014 – 09 dicembre 2014
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Nanyang Technology University – School of Biological Sciences
Division of Structural & Computational Biology 60 Nanyang Drive Singapore 637551
- Tipo di azienda o settore Università
- Tipo di impiego Visiting PostDoc
- Principali mansioni e responsabilità Biologo Strutturale Computazionale
Caratterizzazione biofisica di complessi proteici (nell'ambito dell'infezione da virus Dengue) tramite l'uso dello scattering a basso angolo (SAXS) in soluzione, della cristallografia a raggi X (MX) e della bioinformatica. Principali mansioni nell'intero workflow di caratterizzazione delle macromolecole: dalla preparazione del campione, alla raccolta dei dati (tramite l'utilizzo del macchinario in-house NanoStar Bruker equipaggiato con una sorgente eXcillum MetalJet) fino all'analisi dei dati e presentazione dei risultati in manoscritti, conferenze, congressi e meeting interni

- Date (da – a) 26 aprile 2014 – 15 settembre 2014
- Nome e indirizzo del datore di lavoro European Molecular Biology Laboratory – Hamburg Outstation
c/o DESY, Building 25A, Notkestraße 85, 22607 Hamburg, Germany
- Tipo di azienda o settore Centro di ricerca
- Tipo di impiego Brigde PostDoc
- Principali mansioni e responsabilità Biologo Strutturale Computazionale
Responsabile della raccolta ed analisi di dati di sincrotrone da macromolecole in soluzione tramite l'utilizzo dello scattering a raggi X a basso angolo (SAXS) integrato con altre tecniche di biofisica quali: la cristallografia a raggi X (MX), la risonanza magnetica nucleare (NMR), la microscopia cryo-elettronica (cryoEM).

- Date (da – a) 01 settembre 2008 – 31 luglio 2010
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Molecular Biodiversity Laboratory
c/o IBM Italy S.p.A., Via Pietro Leonida Laforgia, 14, 70125 Bari (BA)
- Tipo di azienda o settore Centro di ricerca industriale
- Tipo di impiego Assegnista di ricerca
- Principali mansioni e responsabilità Bioinformatico
Progettazione e sviluppo di strumenti bioinformatici per lo studio della biodiversità molecolare nel campo della sordità ereditaria

- Date (da – a) 01 settembre 2007 – 31 agosto 2008
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Cezanne Software S.r.l. (adesso Talentia Software Italia)
Via Arturo Toscanini, 21, 70126 Bari (BA)
- Tipo di azienda o settore Azienda di sviluppo software
- Tipo di impiego Contratto a tempo indeterminato – CCNL metalmeccanico
- Principali mansioni e responsabilità Sviluppo di software

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Date (da – a) 16 agosto 2010 – 25 aprile 2014
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
 1. European Molecular Biology Laboratory – Hamburg Outstation (centro di ricerca europeo)
 2. Hamburg Universität (università)
 - Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio
Caratterizzazione biofisica di macromolecole flessibili tramite l'utilizzo dello scattering a raggi X a basso angolo (SAXS) in soluzione integrato con altre tecniche complementari quali: la cristallografia a raggi X (MX), la risonanza magnetica nucleare (NMR), la microscopia cryo-elettronica (cryoEM) e la bioinformatica.
Autore del principale software utilizzato per l'analisi di dati SAXS in soluzione provenienti da macromolecole flessibili (EOM 2.0) utilizzato in molteplici laboratori in tutto il mondo (>350 citazioni)
 - Qualifica conseguita Esperto in caratterizzazione strutturale di macromolecole tramite approccio integrato
 - Livello nella classificazione nazionale (se pertinente) Dottorato di ricerca (PhD)
-
- Date (da – a) 01 ottobre 2006 – 31 marzo 2010
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Università degli studi di Bari – Dipartimento di Informatica (classe LM-18 – Classe delle lauree magistrali in informatica)
 - Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio Il corso di laurea è volto a fornire vaste ed approfondite competenze teoriche, metodologiche, sperimentali ed applicative nelle aree fondamentali dell'intelligenza artificiale fornendo le competenze necessarie per la valutazione e la scelta della tecnologia informatica più adatta alla pianificazione, alla progettazione, allo sviluppo, alla direzione lavori, alla stima, al collaudo e alla gestione di impianti e domini complessi sia nuovi sia già esistenti.
 - Qualifica conseguita Tesi di laurea incentrata sulla costruzione automatica di una base di conoscenza a partire da pubblicazioni biomediche con l'obiettivo di estrarre potenziali nuove correlazioni tra gene, proteina codificata e patologia associata
 - Livello nella classificazione nazionale (se pertinente) Laurea magistrale in Informatica
Laurea magistrale (con voti 110/110 e lode)
-
- Date (da – a) 01 settembre 2003 – 11 ottobre 2006
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Università degli studi di Bari – Dipartimento di Informatica (classe 26 – Classe delle lauree in scienze e tecnologie informatiche)
 - Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio Il corso di laurea è volto a formare esperti in grado di costruire soluzioni a problemi della società utilizzando la tecnologia informatica disponibile. I contenuti forniti nel corso di studio vanno dai fondamenti teorici della programmazione, dei linguaggi e dell'algoritmica, ai metodi per la produzione e manutenzione di applicazioni software di grandi dimensioni che assicurano la qualità dei processi e dei prodotti dal livello operativo a quello strategico e, infine, alle tecniche per lo sviluppo di interfacce efficaci, in tutti i settori applicativi, integrando tecnologie informatiche di vario tipo.
 - Qualifica conseguita Laurea triennale in Informatica e tecnologie per la produzione del software
 - Livello nella classificazione nazionale (se pertinente) Laurea triennale (con voti 110/110 e lode)

CAPACITÀ E COMPETENZE

PERSONALI

Acquisite nel corso della vita e della carriera ma non necessariamente riconosciute da certificati e diplomi ufficiali.

MADRELINGUA

ITALIANO

ALTRE LINGUE

INGLESE

TEDESCO

ARABO

SPAGNOLO

COMPRESIONE		PARLATO		SCRITTO
Ascolto	Lettura	Interazione scritta	Produzione Orale	
C2 Avanzato	C2 Avanzato	C2 Avanzato	C2 Avanzato	C2 Avanzato
B2 Indipendente	B2 Indipendente	B2 Indipendente	B2 Indipendente	B2 Indipendente
A1 Principiante	A2 Pre-Intermedio	A2 Pre-Intermedio	A1 Principiante	A2 Pre-Intermedio
A2 Pre-Intermedio	A2 Pre-Intermedio	A1 Principiante	A2 Pre-Intermedio	A1 Principiante

CAPACITÀ E COMPETENZE RELAZIONALI

Vivere e lavorare con altre persone, in ambiente multiculturale, occupando posti in cui la comunicazione è importante e in situazioni in cui è essenziale lavorare in squadra (ad es. cultura e sport), ecc.

Solide capacità relazionali in ambienti multilingua, multiculturali e multidisciplinari maturate nell'arco di più di 10 anni in laboratori di ricerca europei ed extra-europei (vedi esperienze lavorative e formazione)

CAPACITÀ E COMPETENZE ORGANIZZATIVE

Ad es. coordinamento e amministrazione di persone, progetti, bilanci; sul posto di lavoro, in attività di volontariato (ad es. cultura e sport), a casa, ecc.

1. Solide capacità di gestione di progetti internazionali di caratterizzazione biofisica di macromolecole maturate durante un periodo di 4 anni nel ruolo di user contact presso la beamline EMBL P12 SAXS presso il sincrotrone PETRA III (centro di ricerca DESY, Amburgo, Germania).

2. Esperienze di supervisione di studenti dei corsi di: laurea triennale, laurea specialistica e dottorato di ricerca.

CAPACITÀ E COMPETENZE TECNICHE

Con computer, attrezzature specifiche, macchinari, ecc.

1. Completamente indipendente nell'utilizzo delle tecniche di fisica applicata alla biologia quali Small Angle X-ray Scattering (SAXS) in soluzione e microscopia elettronica criogenica (cryoEM). Solide conoscenze di cristallografia (MX) e risonanza magnetica nucleare (NMR) nell'ambito della caratterizzazione di macromolecole

2. Linguaggi di programmazione utilizzati: Java, C++, C, C#, Fortran, Visual Basic, Matlab, Perl, Python, R, XHTML, Javascript

3. Relational Database Management Systems utilizzati: MySQL, Oracle, SQLServer

CAPACITÀ E COMPETENZE ARTISTICHE

Musica, scrittura, disegno ecc.

Teatro, canto, libri, sport
(tutti a livello amatoriale)

ALTRE CAPACITÀ E COMPETENZE

Competenze non precedentemente indicate.

Esperto di storytelling analitico con buone competenze di sintetizzazione di concetti complessi (specialmente in ambito scientifico)

PATENTE O PATENTI

Patente di guida, categoria A e B
Patente nautica, motore e vela entro le 12 miglia

ULTERIORI INFORMAZIONI

Co-autore di 19 pubblicazioni scientifiche in diverse riviste scientifiche internazionali
(più di 1500 citazioni, h-index 10)

ALLEGATI
(vedi sotto)

Carriera accademica dettagliata con pubblicazioni scientifiche, partecipazioni a conferenze e supervisione studenti.

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

(* uguale contributo)

1. Gijsbers A., Vinciauskaite V., Siroy A., Gao Y., Tria G., Mathew A., Sánchez-Puig N., López-Iglesias C., Peters P.J., and Ravelli R. B. G. "Priming mycobacterial ESX-secreted protein B to form a channel-like structure" *Curr Res Struct Biol*. 2021 Jun 30;3:153-164. doi: 10.1016/j.crstbi.2021.06.001
2. Schiavina M., Salladini E., Murrall M., Tria G., Felli I., Pierattelli R. and Longhi S. "Ensemble description of the intrinsically disordered N-terminal domain of the Nipah virus P/V protein from combined NMR and SAXS." *Scientific Reports*, Nature Publishing Group, 2020, 10 (1), 10.1038/s41598-020-76522-3
3. J. Kumari, A. D. Bendre, S. Bhosale, R. Vinnakota, A. P. Burada, G. Tria, R. B. G. Ravelli, P. J. Peters, M. Joshi, J. Kumar. "Structural dynamics of the GluK3-kainate receptor neurotransmitter binding domains revealed by cryo-EM" *International Journal of Biological Macromolecules* 2020 (149):1051-1058. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2020.01.282
4. Marcianò G., Da Vela S., Tria G., Svergun D.I., Byron O., and Huang D.T. "Structure-specific recognition protein-1 (SSRP1) is an elongated homodimer that binds histones" *J Biol Chem*. 2018 Jun 29;293(26):10071-10083. doi: 10.1074/jbc.RA117.000994
5. L. Buetow, G. Tria, A. Hock, H. Dou, G. J. Sibbet, D. I. Svergun and D. T. Huang "Casitas B-lineage lymphoma linker helix mutations found in myeloproliferative neoplasms affect conformation" *BMC Biol*. 2016 Sep 8;14:76. doi: 10.1186/s12915-016-0298-6.
6. Liu W., Zhang J., Fan J.S., Tria G., Grüber G., and Yang D. "A New Method for Determining Structure Ensemble of Multi-domain Protein: Application to a RNA Binding Protein" *Biophysical Journal* (2016) 110(9):1943-56.
7. Saw, G. W., Tria G., Kamariha, N., Malathy, S. S. M. and Grüber, G. "Structural insight and dynamic features of all four Dengue virus serotypes (DENV-1-4) NS5 proteins in solution" *Acta Cryst*. (2015). D71, 2309-2327.
8. Fadouloglou, V. E., Lin, H-T. V., Tria G., Hernández, H., Robinson, C. V., Svergun, D. I. and Luisi, B.F. "Molecular Recognition and Solution Structure of 6S Regulatory RNA" *FEBS J*. 2015 Sep 14. doi: 10.1111/febs.13516.
9. G. Tria, H. D. T. Mertens, M. Kachala and D. I. Svergun (2015) "Advanced Ensemble Modelling of Flexible Macromolecules using X-ray Solution Scattering" *IUCrJ* 2015 March; 2; 207-217.
10. Lamontanara, A. J., Georgeon, S., Tria G., Svergun, D. I., and Hantschel, O. (2014) "The SH2 domain of ABL kinases regulates kinase autophosphorylation by controlling activation loop accessibility" *Nat Commun* 2014 Nov 17;5:5470. doi: 10.1038/ncomms6470.
11. Sachyani, D., Dvir, M., Strulovich, R., Tria G., Pongs, O., Svergun, D. I., Attali, B., and Hirsch J. A. (2014) "Structural Basis of a Kv7.1 (KCNQ1) Potassium Channel Gating Module: Studies of the Intracellular C- terminal Domain in Complex with Calmodulin" *Structure*. 2014 Nov 4;22(11):1582-94.
12. Soykan T*, Schneeberger D*, Tria G., Buechner C, Bader N, Svergun D, Tessmer I, Pouloupoulos A, Papadopoulos T, Varoqueaux F, Schindelin H, Brose N. (2014) "A Conformational Switch in Collybistin Determines the Differentiation of Inhibitory Postsynapses" *EMBO J*. 2014 Sep 17;33(18):2113-33. doi: 10.15252/embj.201488143.
13. Ilari A*, Alaleona F*, Tria G., Petrarca P, Battistoni A, Zamparelli C, Verzili D, Falconi M and Chiancone E. (2013) "The Salmonella enterica ZinT structure, zinc affinity and interaction with the high-affinity uptake protein ZnuA provide insight into the management of periplasmic zinc." *Biochim Biophys Acta*. 2013 Oct 12;1840(1):535-544. doi: 10.1016/j.bbagen.2013.10.010.

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

(* uguale contributo)

(continuazione)

14. Møller M, Nielsen SS, Ramachandran S, Li Y, Tria G, Streicher, W, Petoukhov, M, Cerione, R, Gillilan, R, and Vestergaard, B. (2013) "Small Angle X-Ray Scattering Studies of Mitochondrial Glutaminase C Reveal Extended Flexible Regions, and Link Oligomeric State with Enzyme Activity". PLoS ONE 8(9): e74783. doi:10.1371/journal.pone.0074783.
15. B. Sander, G. Tria, A. V. Shkumatov, E.-Y. Kim, J. G. Grossmann, I. Tessmer, D. I. Svergun and H. Schindelin (2013) "Structural characterization of gephyrin by AFM and SAXS reveals a mixture of compact and extended states." Acta Cryst. (2013). D69, 2050-2060. doi:10.1107/S0907444913018714.
16. Koch C*, Tria G*, Fielding AJ, Brodhun F, Valerius O, Feussner K, Braus GH, Svergun DI, Bennati M, Feussner I. (2013) "A structural model of PpoA derived from SAXS-analysis- Implications for substrate conversion." Biochim Biophys Acta. 2013 Sep;1831(9):1449-57. doi: 10.1016/j.bbali.2013.06.003.
17. Petoukhov, M.V., Franke, D., Shkumatov, A.V., Tria, G., Kikhney, A.G., Gajda, M., Gorba, C., Mertens, H.D.T., Konarev, P.V. and Svergun, D.I. (2012) "New developments in the ATSAS program package for small-angle scattering data analysis" J. Appl. Cryst. 45, 342-350 © International Union of Crystallography.
18. Accetturo M*, Creanza TM*, Santoro C*, Tria G, Giordano A, Battagliero S, Vaccina A, Scioscia G, and Leo P. (2010) "Finding New Genes for Non-Syndromic Hearing Loss through an In Silico Prioritization Study." PLoS ONE 5(9): e12742. doi:10.1371/journal.pone.0012742, 2010.

CAPITOLI DI LIBRO

1. Giancarlo Tria, Dmitri I Svergun and Pau Bernadó: "Use of Ensemble Methods to Describe Bio-molecular Dynamics by Small Angle X-ray Scattering". In "Computational Approaches to Protein Dynamics From Quantum to Coarse-Grained Methods." Edited by Monika Fuxreiter, 2014, CRC Press, ISBN 9781466561571

PEER REVIEWER: (RIVISTE SCIENTIFICHE)

1. Biochimica et Biophysica Acta - General Subjects (ELS)
ISSN: 0304-4165 - Impact factor: 3.68
2. Journal of Biomolecular Structure and Dynamics
ISSN: 1538-0254 - Impact factor: 3.31
3. Frontiers in Molecular Biosciences
ISSN: 2296889X - Impact factor: 4.18

CONFERENZE INTERNAZIONALI

1. G. Tria: "FloCEN: FLOrence Center for Electron Nanoscopy", 2nd AIC-BMM, 8 June 2021 (online, presentation)
2. F. Vascon, M. Chinellato, A. Grinzato, A. Gallucci, Z. Romanyuk, S. De Felice, L. Maso, S. Liberi, G. Tria, D. Tondi, P. Kavaliauskas, and L. Cendron: "Novel Tools to Fight Antimicrobial Resistance bySOS-Response inhibition" ESRF User Meeting, 8-10 February 2021 (online, poster)
3. S. Southall, M. Rappas, G. Cseke, G. Tria, and R. Cooke: Expanding the scope of GPCR structure-based drug design with CryoEM. 27th Protein Structure Determination in Industry Meeting, Hinxtton, UK, 3-5 November 2019 (presentation)
4. Gijsbers A., Ravelli R., Nijpels F., Thewessem S., Huysmans P., Beulen B., Tria G., van Schayck P., Berger C., Furusho H., Siroy A., Gao Y, Iakobachvili N., Henderikx R., Duimel H., Lenders M.H., Lopez-Iglesias C. and Peters P. VitroJetTM: new vitrification approach towards a fully automated cryo-EM protein characterisation. Proceedings of the 50th Crystallographic course "Integrative Structural Biology", Erice, Italy, 2-11 June 2017 (poster)
5. Tria G., Berger C., Furusho H., Lopez-Iglesias C., Ravelli R. B. G. and Peters P. Cryo electron tomography on FIB-SEM lamellae for in situ structural characterization. Proceedings of the 50th Crystallographic course "Integrative Structural Biology", Erice, Italy, 2-11 June 2017 (poster)
6. Chen D., P. van Schayck, Furusho H., Tria G., Siroy A., Gijsbers A., Lopez-Iglesias C., Peters P. J. Ravelli R. B. G. Implementation of leapfrog tomography for CryoET. Dutch ByoPhysics Conference 2016, Veldhoven, Netherlands, 3-4 October 2016 (poster)
7. Siroy A., Chen D., Tria G., Iakobachvili N., Berger C., Notelaers K., Bosmans R., Gijsbers A., Furusho H., Lopez-Iglesias C., Ravelli R. B. G. and Peters P. J. Isolation of native *M. marinum* ESX-1 secretion system for cryo-EM – A WORK IN PROGRESS. EMBO Conference Tuberculosis 2016, Paris, France, 19-23 September 2016 (poster)
8. Ravelli R. B. G., Siroy A., Tria G., Chen D., Iakobachvili N., Berger C., Notelaers K., Bosmans R., Gijsbers A., Furusho H., Lopez-Iglesias C. and Peters P. J. Cryo-EM Structural characterization of the *M. tuberculosis* ESX-1 secreted virulence factor EspB. EMBO Conference Tuberculosis 2016, Paris, France, 19-23 September 2016 (poster)
9. Tria G., Siroy A., Chen D., Iakobachvili N., Furusho H., Lopez-Iglesias C., Ravelli R. B. G. and Peters P. J. Cryo-EM Structural characterization of the *M. tuberculosis* ESX-1 secreted virulence factor EspB. EMC2016 conference, Lyon, France, 28 August– 2 September 2016 (oral presentation)
10. R. B. G. Ravelli, A. Siroy, K. Notelaers, N. Iakobachvili, D. Chen, P. van Schayck, C. Berger, G. Tria, H. Furusho, R. Bosmans, H. Duimel, M.H. Lenders, F. Nijpels, C. Lopez-Iglesias, P.J. Peters Vitrojet™ - A novel method for vitrifying biological samples on pre-mounted grids. Three-Dimensional Electron Microscopy, Gordon Research Conference, June 19-24, 2016 The Chinese University of Hong Kong Hong Kong, China (poster & selected oral presentation)
11. Tria G., Siroy A., Chen D., Iakobachvili N., Furusho H., Lopez-Iglesias C., Ravelli R. B. G. and Peters P. J. Cryo-Electron Microscopy in Maastricht - Development of our workflow to study T7SS in *M. tuberculosis* NVvM cryo meeting, Leiden, The Netherlands, 22 April 2016 (oral presentation)
12. A.G. Kikhney, D. Franke, P.V. Konarev, M.V. Petoukhov, A. Panjkovich, G. Tria, H.D. Mertens, M. Kachala and D.I. Svergun: ATSAS 2.7 – Automated processing and advanced interpretation of scattering from isotropic systems Proceedings of the 16th International Conference on Small-Angle Scattering, Berlin, Germany, 13 - 18 September 2015 (poster)

CONFERENZE INTERNAZIONALI

(continuazione)

13. G. W. Saw, G. Tria, A. Grüber, S. G. Vasudevan and G. Grüber: Dynamic features of the Dengue Virus NS5 protein of serotype 3 in solution. Proceedings of the 16th International Conference on Small-Angle Scattering, Berlin, Germany, 13 - 18 September 2015 (poster)
14. Saw, G. W., Tria, G., Kamariha, N., Malathy, S. S. M. and Grüber, G.: Multiple conformations of proteins in solution studied by Small-Angle X-ray Scattering. Multiscale Dynamics Dengue Virus conference, Singapore, 12-13 November 2014 (oral presentation)
15. Tria, G., Kachala, M, and Svergun, DI: Analysis of macromolecular flexibility in solution combining SAXS with MX. Proceedings of the 23rd Congress and General Assembly of the International Union of Crystallography (IUCr2014), Montreal, Canada, 5-12 August 2014 (poster)
16. Tria, G., Siliqi, D, and Svergun, DI: Phasing at low resolution using templates from Small Angle X-ray Scattering. Proceedings of the 47th Crystallographic course "Structural Biology of Pharmacology: Deeper Understanding of Drug Discovery through Crystallography", Erice, Italy, 30 May - 8 June 2014 (poster)
17. Kikhney, AG, Petoukhov, MV, Tria, G., and Svergun, DI: Modeling Against Small Angle Scattering Data from Polydisperse Samples. Annual conference of American Crystallography Association, New Mexico, Albuquerque, 24-28 May 2014 (oral presentation)
18. B. Sander, G. Tria, A. V. Shkumatov, E.-Y. Kim, J. G. Grossmann, I. Tessmer, D. I. Svergun and H. Schindelin: Structural characterization of gephyrin by AFM and SAXS reveals a mixture of compact and extended states. 22nd Annual Conference of the German Crystallographic Society (DGK), 17 - 20 March 2014, Berlin, Germany (oral presentation)
19. Vicario S, Battagliero S, Puglia G, Creanza T, Tria G., Scioscia G, and Leo P.: GeoKS: an automatic tool for estimating burnin and assessing convergence in MCMC Phylogenetic Inferences. BITS2014, 11th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society February 26-28, 2014, Rome, Italy. (poster)
20. Petoukhov, M.V., Konarev, P.V., Franke, D., Kikhney, A.G., Mertens, H.D.T., Tria, G., and Svergun, D.I.: ATSAS - the Program Package for Small-Angle Scattering Data Analysis. Proceedings of the DESY Photon Science Users' Meeting 2014, Hamburg, Germany, 30-31 January 2014 (poster)
21. Tria, G., Kachala, M, Svergun, DI: Advanced Ensemble Optimization Method for flexible systems in solution (EOM 2.0). Proceedings of the 11th International Conference on Biology and Synchrotron Radiation (BSR), Hamburg, Germany, 8-11 September 2013 (poster)
22. Tria, G., Kachala, M, Svergun, DI: Advanced Ensemble Optimization Method for flexible systems. Proceedings of the 15th International Small-Angle Scattering Conference, Sydney, Australia, 18-23 November 2012 (SAS2012), ANSTO, ISBN 1 921268 15 8 (oral presentation)
23. Petoukhov, MV, Franke, D, Kikhney, AG, Tria, G., Tuukkanen, A, Konarev, PV, Svergun, DI: Advanced SAS Data Interpretation with ATSAS. Proceedings of the 15th International Small-Angle Scattering Conference, Sydney, Australia, 18-23 November 2012 (SAS2012), ANSTO, ISBN 1 921268 15 8 (poster)
24. Petoukhov, MV, Franke, D, Kikhney, AG, Tria, G., Tuukkanen, A, Konarev, PV, Svergun, DI: ATSAS Organization and Scenario-Driven Usage Guide. Proceedings of the 15th International Small-Angle Scattering Conference, Sydney, Australia, 18-23 November 2012 (SAS2012), ANSTO, ISBN 1 921268 15 8 (poster)
25. Tria, G., Svergun, DI: Joint use of Small Angle X-ray Scattering with high resolution structural methods. Proceedings of the 45th Crystallographic course "Present and future methods for Biomolecular Crystallography", Erice, Italy, 31 May - 10 June 2012 (poster)

CONFERENZE INTERNAZIONALI

(continuazione)

26. Accetturo, M., Creanza, TM., Giordano, A., Leo, P., Santoro, C., Scioscia, G., Tria, G. and Vaccina, A.: A semantic-based functional gene distance to prioritize genes associated with Non-Syndromic Hereditary Hearing Loss. In Proceedings of 14th Human Genome Meeting (HGM) 18-21 May 2010, Le Corum, Montpellier, France. (poster)
27. Accetturo, M., Creanza, TM., Giordano, A., Leo, P., Santoro, C., Scioscia, G., Tria, G. and Vaccina, A.: Finding new genes for nonsyndromic hearing loss through an in silico prioritization study. In Proceedings of 7th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS2010), 19-20, 2010. (poster)
28. Leo, P., Scioscia, G., Accetturo, M., Creanza, TM., Santoro, C., Tria, G., Giordano, A. and Battagliero, S.: Non syndromic Hereditary Hearing Loss (HHL) bioinformatic workbench. In Proceedings of 7th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS2010), 191-193, 2010. (poster)

MISSIONI SCIENTIFICHE

1. Short term scientist mission within the framework of the Short-Term Mobility Program – 2014 (STM 2014) dedicated to the development of computational methods using concurrently bioinformatics, SAXS and MX data
1 – 29 maggio 2014 Istituto di Cristallografia (c/o CNR), Bari, Italy

CORSI E WORKSHOP

(speaker invitato)

1. Transmission electron cryo-microscopy for the structural characterization of nanomaterials
November 15th, 2021, Chemistry Department, University of Florence, Florence, Italy
2. Cryo-Electron Microscopy in structural biology: paving the way towards precision biomedicine and biotechnology
October 10th – 11th, 2019, Università La Sapienza, Rome, Italy
3. Practical course in Solution X-ray scattering data analysis – Application to Structural Biology
August 13th - 20th, 2014, School of Biological Sciences, Nanyang Technological University, Singapore
4. BioSAXS 2014 - Practical Course on Solution Scattering from Biological Macromolecules
February 22nd - 28th, 2014, Department of Drug Design and Pharmacology, University of Copenhagen, Denmark
5. X-ray Diffraction and Bio-SAXS Core Facility of CEITEC – Inaugural workshop
September 12th - 13th, 2013, University Campus Bohunice, Brno, Czech Republic
6. Practical course in Solution X-ray scattering data analysis – Application to Structural Biology
August 5th - 14th, 2013, School of Biological Sciences, Nanyang Technological University, Singapore
7. SAXS and computational techniques to study intrinsically disordered proteins (IDPbyNMR project)
March 11th - 16th, 2013, EMBL Hamburg, Germany
8. EMBO Practical Course on Solution Scattering from Biological Macromolecules
October 17th - 24th, 2012, EMBL Hamburg, Germany

CORSI
(studente partecipante)

1. EMBO virtual Workshop: Advances and challenges in biomolecular simulations (online)
October 18th-21st, 2021, EMBL Heidelberg, Germany
2. Summer School on Drug Design (online)
September 13th-17th, 2021, Vienna, Austria
3. CONVENTIONAL AND HIGH-ENERGY SPECTROSCOPIES FOR INORGANIC, ORGANIC AND BIOMOLECULAR SURFACES, AND INTERFACES
December 2nd – 6th, 2019, Florence, Italy
4. Microcrystal Electron Diffraction (MicroED) workshop
November 6th – 8th, 2019 Diamond Light Source, Harwell, Oxfordshire, UK
5. Integrative Structural Biology (50th crystallographic course)
June 2nd - June 11th, 2017 Ettore Majorana Centre, Erice, Italy
6. CCP-EM Dynamo Workshop on subtomogram averaging of cryo-EM data
December 14th - December 16th, 2015 Diamond Light Source, Harwell, Oxfordshire, UK
7. NCMI Workshop on Single Particle Reconstruction, Structural Variability and Modeling
October 30th - November 2nd, 2015 The Methodist Research Institute Houston, TX, USA
8. Workshop on 3D solutions in Cryo-Electron Microscopy 2015
July 6th - July 10th, 2015 Maastricht University, Maastricht, the Netherlands
9. I2PC hands on course on image processing applied to the structural characterization of biological macromolecules
June 29th - July 3rd, 2015 Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, Spain
10. Structural Basis of Pharmacology: Deeper Understanding of Drug Discovery through Crystallography (47th crystallographic course)
May 30th - June 8th, 2014 Ettore Majorana Centre, Erice, Italy
11. Present and Future Methods in Macromolecular Crystallography (45th crystallographic course)
May 31st - June 10th, 2012 Ettore Majorana Centre, Erice, Italy
12. EMBO Practical Course on Solution Scattering from Biological Macromolecules
October 25th - November 1st, 2010 EMBL Hamburg, Germany
13. EMBL PhD core course in molecular systems biology
October 11th - December 10th, 2010 EMBL Heidelberg, Germany

SUPERVISIONE STUDENTI

1. Andres Gonzalez (Bachelor student, Biochemistry, University of Cambridge)
Stage estivo, June 2016 – August 2016
2. Abril Gijbers (PhD student, Biology, Maastricht University)
Corso di dottorato, April 2016 – August 2017
3. Hugo Boulanger (Bachelor student, Engineering, École nationale supérieure d'informatique pour l'industrie et l'entreprise)
Stage estivo, June 2017 – August 2017

Roma, 06/04/2022