



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome
Cognome

DEBORAH
GIORDANO

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
- Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

1/11/2021 – ad oggi
CNR-ISA Avellino

Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale
Assegno post dottorale

Analisi computazionali:

Studi computazionali su sequenze proteiche e trascritti anche privi di caratterizzazione, analisi funzionali e strutturali tramite la ricerca di residui funzionali, motivi, pattern e domini di sequenza, modellamento proteico tramite ChimeraX AlphaFold e relativo perfezionamento tramite Modeller 9.22, valutazione e validazione dei modelli proteici predetti tramite specifici tools bioinformatici. Classificazione di sequenze tramite la costruzione di alberi filogenetici, mediante l'utilizzo di MEGA6.0. Caratterizzazione e studio delle interazioni tra proteine e specifici metaboliti/molecole bioattive di derivazione alimentare, tramite l'impiego di predittori quali GalaxySagittarius, SwissTargetPrediction, e relative simulazioni di docking molecolare tramite AutoDock. Predizioni di interazioni proteina – proteina tramite l'impiego di web server (HADDOCK, LzerD, RosettaDock).

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
- Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

1/11/2020 – 31/10/2021
CNR-ISA Avellino

Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale
Assegno professionalizzante

Analisi computazionali: ricerche in banche dati biologiche di informazioni su strutture proteiche (UniProt, PDB, NCBI-Protein database) e chimiche (PubChem, ZINC), analisi e selezione di strutture proteiche, identificazione e studio delle caratteristiche strutturali e conformazionali dei siti catalitici di specifiche proteine tramite Fpocket, MDpocket, POCASA 1.1, analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto sia focused che blind mediante l'uso di AutoDock e ADTools, modellamento di complessi peptide-proteina tramite Modeller 9.19, analisi computazionali delle interazioni peptide – proteina tramite PDBePISA, analisi computazionali delle interazioni proteina-proteina tramite PyMOL, PDBePISA e COCOMAPS.

<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e indirizzo del datore di lavoro • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego • Principali mansioni e responsabilità 	<p>1/07/2019 – 30/06/2020</p> <p>CNR-ISA Avellino</p> <p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale & Laboratory for Molecular Sensing</p> <p>Assegno professionalizzante</p> <p>Analisi computazionali: ricerche in banche dati biologiche e chimiche per studi in campo proteomico e metabolomico, analisi delle strutture proteiche, protein modelling tramite Modeller 9.19, analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto mediante l'uso di AutoDock and ADTools.</p> <p>Analisi sperimentali: Colture batteriche, estrazione DNA plasmidico e digestione con enzimi di restrizione, PCR ed analisi dei suoi prodotti con l'elettroforesi su gel di agarosio, induzione dell'espressione proteica, purificazione tramite cromatografia ed analisi dell'espressione di specifiche proteine tramite SDS-PAGE.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e indirizzo del datore di lavoro • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego Attività di ricerca all'estero • Principali mansioni e responsabilità 	<p>6/11/2015 – 31/10/2018</p> <p>Università degli Studi di Foggia – sede attività di lavoro CNR-ISA Avellino</p> <p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale</p> <p>Lavoro di tesi di ricerca</p> <p>6mesi: da maggio 2017 a febbraio 2018 presso il Department of Biochemistry dell'Università di Zurigo - Professor A. Caflish group - laboratory of computational and structural biology</p> <p>Analisi computazionali: Studi computazionali su sequenze proteiche attraverso allineamenti multipli di sequenze e analisi comparative mediante l'uso di Clustal Omega tool, ricerche di proteine omologhe tramite BLAST, ricerche in banche dati di sequenze proteiche, ricerca di motivi, patterns e domini proteici, protein modelling tramite Modeller 9.18, valutazione e validazione dei modelli creati tramite specifici tools bioinformatici. Analisi strutturale di proteine d'interesse attraverso studi di Dinamica Molecolare (attraverso GROMACS 5.0)</p> <p>Analisi sperimentali: Colture batteriche, clonaggio di uno specifico vettore, preparazione di pre-inoculi, inoculi ed induzione dell'espressione proteica, purificazione delle proteine periplasmatiche attraverso shock osmotico, purificazione tramite DEAE, analisi dell'espressione di specifiche proteine tramite SDS-PAGE e Western blot</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) Nome e indirizzo del datore di lavoro • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego Principali mansioni e responsabilità 	<p>Marzo 2015 - Luglio 2015</p> <p>Dipartimento di Chimica e Biologia Università degli studi di Salerno</p> <p>Laboratorio di biochimica</p> <p>Contratto di prestazione autonoma occasionale</p> <p>Analisi sperimentali: Colture cellulari, trattamenti cellulari con agenti antibiotici o antitumorali, analisi della citotossicità dei trattamenti mediante saggio MTT ed analisi degli effetti di tali agenti sulla proliferazione cellulare mediante saggi di entrata in fase S.</p> <p>Analisi computazionali: Analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto mediante l'uso di AutoDock and ADTools, analisi delle strutture proteiche, ricerche in banche dati biologiche e chimiche.</p>

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
- Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

Aprile 2013 – Aprile 2014
Università degli Studi di Salerno

Laboratorio di biochimica
Lavoro di tesi di ricerca

Analisi sperimentali: Colture cellulari, trattamenti cellulari con stimoli differenti e preparazione degli stessi, conte cellulari, quantizzazione proteica, preparazione di lisati cellulari, analisi dell'espressione di specifiche proteine mediante Western blot, analisi della tossicità dei trattamenti mediante saggio MTT, analisi della proliferazione cellulare mediante saggi di entrata in fase S, analisi della presenza di apoptosi mediante saggio caspasi-3 e saggio tunel su vetrini di sezione istologica, analisi del differenziamento cellulare tramite saggio fosfatasi, analisi dell'espressione genica tramite PCR ed elettroforesi su gel di agarosio.

Analisi computazionali delle interazioni ligando proteina, mediante docking inverso effettuate tramite idTarget, analisi computazionali delle interazioni proteina ligando attraverso studi di docking diretto, mediante l'uso di AutoDock4.2. Analisi delle strutture proteiche, ricerche in banche dati biologiche (UniProt, PDB, KEGG) e in banche dati di strutture chimiche (PubChem).

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
- Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

Settembre 2011– Novembre 2011 (durata 300 ore)
AORN San Giuseppe Moscati, Contrada Amoretti, 83100 Avellino

Laboratorio di analisi cliniche
Tirocinio formativo

Accettazione, controllo della correttezza del prelievo (giusto livello in provetta e assenza di eventuali coaguli o microcoaguli), centrifuga dei campioni, analisi dei campioni attraverso esame emocromocitometrico ed esami biochimici, valutazione della coagulazione sanguigna, emogasanalisi, analisi delle urine con cartina al tornasole.

ESPERIENZA DIDATTICA

- Date (da – a)
- Nome del datore di lavoro
- Tipologia e luogo dell'evento
- Tipo di attività

2/09/2020 – 7/10/2020

Ordine nazionale dei biologi

Ciclo di lezioni di introduzione alla Genomica e Proteomica per biologi sperimentali
Docente per le lezioni: "PRIDE" e "Human Proteome", ed helper nell'ambito dell'intero corso teorico pratico svoltosi in modalità telematica (durata: 40 ore)

- Data
- Nome del datore di lavoro
- Tipologia e luogo dell'evento
- Tipo di attività

29/01/2019

Liceo Scientifico Mancini

Settimana scientifica presso il Samantha Della Porta (AV)

Seminario: "I nostri piccoli geni...breve viaggio nel DNA"

- Data
- Nome del datore di lavoro
- Tipo di attività
- Tesi seguite

2017-2023

Università degli studi di Salerno

Cotutoraggio tesi di laurea magistrali e triennali

- Anno accademico: 2021/2022 Candidato: Roberta Longo Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLE CARATTERISTICHE STRUTTURALI E FUNZIONALI DI HAMLET, ALFA LATTOALBUMINA UMANA LETALE PER LE CELLULE TUMORALI
- Anno accademico: 2021/2022 Candidato: Antonella Nigro Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLA POTENZIALE ATTIVITÀ BIOLOGICA DI SOSTANZE ESTRATTE DA ALIMENTI
- Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Ilenia De Leo Corso di laurea in

13/09/2023

Magistrale Biologia Titolo tesi: STUDIO DELLA STRUTTURA DELLA PROTEINA NPR1 MEDIANTE METODI COMPUTAZIONALI E BIOINFORMATICI

- Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Rosa Bottone Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: LA VARIABILITÀ DELLE MOLECOLE HLA-DQ E LE PATOLOGIE AUTOIMMUNI
- Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Piera Maglio Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLE CARATTERISTICHE STRUTTURALI E FUNZIONALI DELLA PROTEINA TRIPTOFANO DECRABOSSILASI
- Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Rossella De Cicco Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: MODELLAMENTO DELLA STRUTTURA TRIDIMENSIONALE DELLA TRIPTOFANASI DA YERSINIA ENTEROCOLITICA
- Anno accademico: 2019/2020 Candidato: Armando Amato Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: MICROBIOTA INTESTINALE: EVOLUZIONE DEI MICRORGANISMI E LORO IMPLICAZIONE NELLE MALATTIE
- Anno accademico: 2018/2019 Candidato: Teresa Palumbo Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: L'ATTIVITÀ DEL GENOMA È REGOLATA DA SEGNI EPIGENETICI: IL RUOLO DELLA METILAZIONE
- Anno accademico: 2018/2019 Candidato: Antonia D'Argenio Corso di **Laurea Magistrale in Biologia** Titolo tesi: ANALISI IN SILICO DEGLI EFFETTI DELLE MUTAZIONI SULLA STRUTTURA E LE FUNZIONI DELLA MENINA
- Anno accademico: 2017/2018 Candidato: Matteo Delli Carri Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: UTILIZZO DELLE TRANSGLUTAMINASI MICROBICHE PER LA DETOSSIFICAZIONE DELLE FARINE DAL GLUTINE

- Date (da – a)
- Nome del datore di lavoro
- Tipo di attività
- Materie

Dicembre 2015 - oggi
Università degli studi di Salerno
Culture Della Materia
Biochimica Avanzata (laurea magistrale in biologia)
Tecniche Omiche (laurea magistrale in biologia)

- Date (da – a)
- Nome del datore di lavoro
- Tipo di attività
- Materie

Dicembre 2015 – Novembre 2017
Università degli studi di Salerno
Culture Della Materia
Metodologie Analitiche e Biomolecolari (laurea in scienze biologiche)

ISTRUZIONE E FORMAZIONE DIDATTICA

- Data
- Concorso sostenuto
- Qualifica conseguita

03/05/2023
Concorso ordinario STEM2022 classe A028
Abilitazione all'insegnamento per la classe A028

- Data
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita

24/09/2018
Università degli studi di Foggia

- Qualifica conseguita
- Valutazione finale

A2 - pedagogia generale e dell'inclusione scolastica – 28/30
B2 - aspetti affettivi e relazionali nella gestione del gruppo classe – 30/30
C2 - approfondimenti dei concetti di cultura, etnie, generi e generazioni relativamente alle vecchie e nuove forme di razzismo, delle politiche e di riconoscimento, degli usi politici dell'etnicità e dell'appartenenza religiosa – 30/30
D1 - metodologie e tecnologie didattiche – 30/30
Superamento del percorso formativo per l'acquisizione dei 24cfu di area antropo-psico-pedagogica e nelle metodologie didattiche (**Pef24**)
Idoneo

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Oggetto dello studio 	6/11/2015-31/10/2018 Università degli Studi di Foggia	
<ul style="list-style-type: none"> • Data discussione esame finale • Titolo tesi 	Dottorato di ricerca in “Innovazione e Management di Alimenti ad Elevata Valenza Salutistica” – ciclo XXXI 27/03/2019 <i>Transglutaminase, nutrition and human health</i>	
<ul style="list-style-type: none"> • Data • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Qualifica conseguita 	20/02/2015 Università degli Studi del Sannio	
<ul style="list-style-type: none"> • Valutazione finale 	Superamento degli esami di stato per l' abilitazione all'esercizio della professione di biologo (sezione A)	
<ul style="list-style-type: none"> • Valutazione finale 	Abilitato	
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita 	2012-2014 Università degli Studi di Salerno	
<ul style="list-style-type: none"> • Data discussione esame finale • Titolo tesi 	Biochimica avanzata (incluso proteomica ed interattomica) bioinformatica (incluso microarray analysis) tecnologie biomolecolari biologia molecolare avanzata (incluso next-generation sequencing) biochimica cellulare immunologia e fisiopatologia microbiologia molecolare fisiologia del sistema nervoso biologia dello sviluppo e della riproduzione dietetica e prevenzione fisiopatologia endocrina farmacologia generale controllo di qualità e gestione di impresa	29/30, 30/30 e Lode, 27/30, 30/30, 30/30, 30/30 e Lode, 29/30, 27/30, 30/30, 30/30, 30/30 e Lode, 27/30, 30/30.
<ul style="list-style-type: none"> • Qualifica conseguita • Valutazione finale 	28/05/2014 <i>Analisi degli effetti del 4-nonilfenolo in modelli cellulari umani mediante indagini sperimentali e computazionali</i> Laurea magistrale in Biologia 110/110 e Lode	
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita 	2007-2011 Università degli Studi di Salerno	
	Istituzioni di matematica I e II Botanica citologia e istologia zoologia chimica generale e inorganica fisiologia vegetale ecologia fisica biologia molecolare anatomia comparata	22/30, 30/30, 28/30, 29/30, 22/30, 30/30, 28/30, 23/30, 30/30 e Lode, 28/30,

	chimica organica	20/30,
	dermatologia	30/30,
	metodologie biochimiche	26/30,
	igiene	28/30,
	fisiologia II	30/30,
	tecniche dietetiche applicate	30/30,
	genetica	23/30,
	patologia generale	30/30,
	analisi biochimico cliniche	30/30 e Lode,
	idrologia	30/30,
	biochimica	27/30,
	fisiologia generale	30/30,
	chimica fisica	25/30,
	chimica analitica	28/30,
	principi di informatica	24/30,
	microbiologia	23/30.
• Data discussione esame finale	14/12/2011	
• Titolo tesi	<i>L'impiego della tecnica dell'ibridazione in situ fluorescente nella diagnosi della sindrome di delezione 22q11.2</i>	
• Qualifica conseguita	Laurea in Scienze Biologiche	
• Valutazione finale	106/110	
• Date (da – a)	2002-2007	
• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione	Liceo scientifico	
• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio	Matematica, fisica, storia, lettere e filosofia, disegno tecnico, inglese, latino.	
• Qualifica conseguita	Diploma	
• Valutazione finale	100/100	
CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI		
ALTRE LINGUA		
• Capacità di lettura	INGLESE	
• Capacità di scrittura	Livello europeo C1	
• Capacità di espressione orale	Livello europeo B1	
• Capacità di ascolto	Livello europeo B1	
CAPACITÀ E COMPETENZE ORGANIZZATIVE		
	BUONA CAPACITÀ DI LAVORARE IN CONTESTI DIFFERENTI (SIA SPERIMENTALI CHE COMPUTAZIONALI), E DI LAVORARE PARALLELAMENTE SU PIÙ ATTIVITÀ DI LABORATORIO, ACQUISITA DURANTE LO SVOLGIMENTO DEL MIO LAVORO DI TESI PER IL CONSEGUIMENTO DELLA LAUREA MAGISTRALE E DEL DOTTORATO DI RICERCA.	
	CAPACITÀ DI GESTIRE DIFFERENTI LAVORI (AD ES. LAVORO IN LABORATORIO E LAVORO COME INSEGNANTE PRIVATA).	
	AMMINISTRAZIONE DELLA CONTABILITÀ' E ORGANIZZAZIONE DI EVENTI SPORTIVI E NON, LEGATI ALLA MIA PARTECIPAZIONE ATTIVA ALL'ASSOCIAZIONE SPORTIVA E CULTURALE GAME OVER EVENTI E ALL'A.S.D.P.S. SOLO PER NUMERI 1.	

CAPACITÀ E COMPETENZE
RELAZIONALI

BUONA CAPACITÀ DI RELAZIONARMI IN GRUPPO E DI LAVORARE A CONTATTO CON MOLTE PERSONE, ACQUISITA DURANTE LO SVOLGIMENTO DELLA MIA ATTIVITÀ DI RICERCA PRESSO I LABORATORI UNIVERSITARI E DEL CNR-ISA E DURANTE LO SVOLGIMENTO DEL MIO LAVORO DI ADDETTA ALLA GESTIONE DELLE RISORSE UMANE ED ALLE VENDITE DURANTE TUTTE LE MANIFESTAZIONI, I TORNEI E GLI EVENTI ORGANIZZATI DALL'ASSOCIAZIONE SPORTIVA RICREATIVA E CULTURALE GAME OVER EVENTI.

CAPACITÀ E COMPETENZE
TECNICHE

BUONA PADRONANZA DEGLI STRUMENTI MICROSOFT OFFICE, DI SOFTWARE APPLICATIVI E DI WEB SERVER IN AMBITO BIOINFORMATICO (AUTODOCK AND ADTOOLS, GROMACS 5.0, MODELLER9.18, IDTARGET, POCASA 1.1, FPOCKET, MDPOCKET, MEGA6.0 TOOL, PHYML, MEME TOOL, PHYRE2, I-TASSER, T-COFFEE, JPRED, PROSA-WEB, QMEAN AND PROCHECK SERVER, CAMPARI ANALYSIS TOOLS IN R), E DI PACCHETTI DI GRAFICA MOLECOLARE QUALI VMD, PYMOL E CHIMERA, ACQUISITA DURANTE GLI ANNI DI STUDIO PER LA LAUREA MAGISTRALE, IL RELATIVO LAVORO DI TESI, DURANTE GLI ANNI DEL LAVORO DI DOTTORATO ED IL RELATIVO PERIODO DI RICERCA ALL'ESTERO OBBLIGATORIO.

ALTRE CAPACITÀ E COMPETENZE

Buona capacità di insegnamento, acquisita durante il mio lavoro di doposcuola a bambini e ragazzi fino ai 19 anni

PATENTE O PATENTI

Patente di guida B

ULTERIORI INFORMAZIONI

PUBBLICAZIONI:

Article: "Sirtuin Inhibitor Cambinol Induces Cell Differentaition and Differently Interferes with SIRT1 and 2 at the Substrate Binding Site" Giordano D., Scafuri B., De Masi L., Capasso L., Maresca V., Altucci L., Nebbioso A., Facchiano A., Bontempo P. Biomedicines 2023; 11(6), 1624.
[https:// doi.org/ 10.3390/biomedicines11061624](https://doi.org/10.3390/biomedicines11061624)

Article: "Molecular Docking of Natural Compounds for Potential Inhibition of AhR". Giordano D., Facchiano A., Moccia S., Meola A.M.I., Russo G.L., Spagnuolo, C. Foods 2023, 12, 1953. <https://doi.org/10.3390/foods12101953>

Article: "Standardizing macromolecular structure files: further efforts are needed". D'Arminio N., Giordano D., Scafuri B., Facchiano A., Marabotti A. Trends Biochem Sci., 2023, 6:S0968-0004(23)00078-6. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2023.03.002>.

Article: "Resources and tools for rare disease variant interpretation". Licata Luana, Via A., Turina P., Babbi G., Benevenuta S., Carta C., Casadio R., Cicconardi A., Facchiano A., Fariselli P., Giordano D., Isidori F., Marabotti A., Martelli P.L., Pascarella S., Pinelli M., Pippucci T., Russo R., Savojardo C., Scafuri B., Valeriani L., Capriotti E. Frontiers in Molecular Biosciences 2023, 10. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2023.1169109>

Article: "Machine Learning as a Support for the Diagnosis of Type 2 Diabetes". Agliata A., Giordano D., Bardozzo F., Bottiglieri S., Facchiano A., Tagliaferri R. International Journal of Molecular Sciences. 2023; 24(7):6775.
<https://doi.org/10.3390/ijms24076775>

Article: "Food Plant Secondary Metabolites Antiviral Activity and Their Possible Roles in SARS-CoV-2 Treatment: An Overview". Giordano D., Facchiano A., Carbone V. Molecules. 2023; 28(6):2470. <https://doi.org/10.3390/molecules28062470>

Article: "Identification of Dihydrolipoamide Dehydrogenase as Potential Target of Vemurafenib-Resistant Melanoma Cells". Tabolacci C., Giordano D., Rossi S., Cordella M., D'Arcangelo D., Moschella F., D'Atri S., Biffoni M., Facchiano A., & Facchiano F. Molecules 2022; 27(22), 7800. <https://doi.org/10.3390/molecules27227800>

Article: "Molecular dynamics analysis of the structural properties of the transglutaminases of *Kutzneria albida* and *Streptomyces mobaraensis*". Giordano D., Langini C., Caflich A., Marabotti A., & Facchiano A. Computational and structural biotechnology journal 2022; 20, 3924–3934.
<https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.07.024>

Article: "In Silico Analysis of the Effects of Omicron Spike Amino Acid Changes on the Interactions with Human Proteins". D'Arminio N., Giordano D., Scafuri B., Biancaniello C., Petrillo M., Facchiano A., & Marabotti A. Molecules 2022; 27(15), 4827.
<https://doi.org/10.3390/molecules27154827>

Article: "Drug Design by Pharmacophore and Virtual Screening Approach" Giordano D., Biancaniello C., Argenio M. A., & Facchiano A. Pharmaceuticals 2022; 15(5), 646.
<https://doi.org/10.3390/ph15050646>

Article: "Investigating the Effects of Amino Acid Variations in Human Menin" Biancaniello C., D'Argenio A., Giordano D., Dotolo S., Scafuri B., Marabotti A., d'Acierno A., Tagliaferri R., & Facchiano A. Molecules 2022; 27(5), 1747.
<https://doi.org/10.3390/molecules27051747>

Article: "Structural Dissection of Viral Spike-Protein Binding of SARS-CoV-2 and SARS-CoV-1 to the Human Angiotensin-Converting Enzyme 2 (ACE2) as Cellular Receptor" Giordano D., De Mas L., Argenio M. A., Facchiano A. Biomedicines 2021; 9, 1038. <https://doi.org/10.3390/biomedicines9081038>

Article: "Transamidation Down-Regulates Intestinal Immunity of Recombinant α -Gliadin in HLA-DQ8 Transgenic Mice" Rossi S., Giordano D., Mazzeo M.F., Maurano F., Luongo D., Facchiano A., Siciliano R.A., Rossi M. International Journal of Molecular Sciences 2021; 22(13):7019. <https://doi.org/10.3390/ijms22137019>

Article: "A hypothesis on the capacity of plant odorant-binding proteins to bind volatile isoprenoids based on in silico evidences" Giordano D., Facchiano A., D'Auria S., Loreto F. Elife 2021; 10:e66741. <https://doi.org/10.7554/eLife.66741>.

Article: "New compounds for a good old class: Synthesis of two B-lactam bearing cephalosporins and their evaluation with a multidisciplinary approach" Vigliotta G., Giordano D., Verdino A., Caputo I., Martucciello S., Soriente A., Marabotti A., De Rosa M. Bioorganic & Medicinal Chemistry, volume 28, issue 4, 15 February 2020, 115302. DOI:10.1016/j.bmc.2019.115302

Article: "Classification of Microbial Transglutaminases by evaluation of evolutionary trees, sequence motifs, secondary structure topology and conservation of potential catalytic residues" Giordano D., Facchiano A. BIOCHEM. BIOPHYS. RES. COMMUN., volume 509, Issue 2, February 2019, Pages 506-513. DOI:10.1016/j.bbrc.2018.12.121

Article: "Synthesis and biological evaluation of the progenitor of a new class of cephalosporin analogues, with a particular focus on structure-based computational analysis" Verdino A., Vigliotta G., Giordano D., Caputo I., Soriente A., De Rosa M., Marabotti A. PLOS ONE, volume 12, July 2017, Page e0181563-e0181580 ISSN: 1932-6203. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181563>

Article: "4-Nonylphenol reduces cell viability and induces apoptosis and ER-stress in a human epithelial intestinal cell line" Lepretti M., Paoletta G., Giordano D., Marabotti A., Gay F., Capaldo A., Esposito C., Caputo I. Toxicology in vitro, volume 29, Issue 7, October 2015, Pages 1436–1444. DOI: 10.1016/j.tiv.2015.04.022

Poster: "Searching for the protein targets of 4-nonylphenol using a computational approach." Giordano D., Scafuri B., Caputo I., Gay F., Capaldo A., Esposito C., Marabotti A. **NETTAB international conference 2014**, selected for spot presentation.

Poster: "Searching for the protein targets of 4-nonylphenol using a computational approach." Giordano D., Scafuri B., Caputo I., Gay F., Capaldo A., Esposito C., Marabotti A. **BBCC conference 2014**.

Abstract: "Microbial Transglutaminases investigations for selecting putative forms of industrial interest". Giordano D., Facchiano A. *PeerJ Preprints* 4:e2260v1. **BITS2016 Meeting**. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2260v1>.

Abstract: "A cellular automata to simulate the growth and death of a cell culture." Guerrisi G., Giordano D., Marabotti A., Raiconi G., Tagliaferri R. *PeerJ Preprints* 4:e2301v1. **BITS2016 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society – Fisciano, 15-17 June, 2016**. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2301v1>

Oral Presentation: "Transglutaminase, Nutrition and Human Health" Giordano D., Facchiano A. **1° Workshop per dottorandi IMAEV – Strategie di ricerca a supporto di alimenti funzionali**. Foggia, 13-14 October, 2016

Abstract: "Computational analysis and biological characterization of a newly synthesized cephalosporin analogue." Verdino A., Vigliotta G., Giordano D., Caputo I., Soriente A., De Rosa M., Marabotti A. **BBCC conference 2016 - Avellino, 16 December, 2016**.

Poster: "A preliminary classification of Microbial Transglutaminases." Giordano D., Facchiano A. **BITS2017 Meeting - Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society - Cagliari 5-7 July, 2017**

Poster: "Sequence analysis and evolutionary relationships of Microbial Transglutaminases." Giordano D., Facchiano A. **ISMB/ECCB 2017 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) - Prague, 21-25 July, 2017**

Abstract and Flash Poster presentation: "Evolutionary relationships of microbial transglutaminases", Giordano D., Facchiano A. *PeerJ Preprints* 5:e3320v1. **NETTAB2017 Workshop – Annual Meeting – Palermo, 16-18 October, 2017**. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.3320v1>

Poster: "Homology modelling based study of structural properties of Microbial Transglutaminases." Giordano D., Facchiano A. **BBCC2017 Meeting - International Conference on Bioinformatics and Computational Biology - Naples, 18-20 December, 2017**.

Poster: "Microbial transglutaminases 3D structures and evolution." Giordano D., Facchiano A. **BITS2018 Meeting - Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society Turin, 27-29 June, 2018**.

Poster: "Microbial Transglutaminases' structure and their evolution". Giordano D., Facchiano A. **NETTAB2018 Workshop - Annual Meeting**. Genoa 22-24 October 2018

Oral Presentation: "Microbial transglutaminases: a deep analysis of PFAM sequences". Giordano D., Facchiano A. **BBCC2018 Meeting – Bioinformatics and Computational Biology International Conference**. Naples, 19-21 November, 2018

Oral Presentation: “Molecular dynamics analysis of MTGase and KalbTGase enzymes”. Giordano D., Facchiano A. **BITS2019 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.** Palermo, 26-28 June, 2019

Poster: “Comparison of members of the TGase enzyme family: insight the structure&function relationships”. Giordano D., Facchiano A. **NETTAB / BBCC 2019 Meeting.** Fisciano, 12-13 November, 2019.

Poster: “Investigating structural and functional properties of menin protein”. Biancaniello C., D'Argenio A., Dotolo S., Giordano D., Scafuri B., d'Acierno A., Marabotti A., Tagliaferri R., Facchiano A. **BBCC 2020 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference..** Virtual Conference, 16-18 November, 2020.

Poster: “Screening procedure for selection of putative ligands of SARSCOV-2 proteins”. Giordano D., Argenio M.A., Scafuri B., Carbone V., Marabotti A., Facchiano A. **BBCC 2020 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference..** Virtual Conference, 16-18 November, 2020.

Poster: “Menin protein and its variants investigated by in silico approaches”. Biancaniello C., D'Argenio A., Dotolo S., Giordano D., Scafuri B., d'Acierno A., Marabotti A., Tagliaferri R., Facchiano A. **WebPro 2020 Meeting – SIB PROTEINS GROUP.** Virtual Conference, 20-21 May, 2021.

Poster: “Computational study of the molecular interactions in the binding of coronavirus Spike-proteins with the human Angiotensin-Converting Enzyme 2 (ACE2) cellular receptor”. Giordano D., Argenio M.A., De Masi L., Facchiano A. **WebPro 2020 Meeting – SIB PROTEINS GROUP.** Virtual Conference, 20-21 May, 2021.

Poster: “Molecular dissection of the inter-chain interface of the human Angiotensin-Converting Enzyme 2 (ACE2) receptor with the SARS-CoV-2 Spike-protein.” Giordano D., Argenio M.A., De Masi L., Facchiano A. **BITS2021 Meeting - Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society** Virtual Conference, 1-2 July, 2021.

Poster: “NPR1 a hypothesis on its 3D structural model and a preliminary classification of NPR1 protein sequences across different species.” De Leo L., Giordano D., Facchiano A. **BBCC 2021 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference.** Virtual Conference, 1-3 December, 2021.

Poster: “Molecular docking of natural compounds for potential inhibition of AhR”. Giordano D., Spagnuolo C., Russo G.L., Facchiano A. **Proteine 2022 Meeting – SIB PROTEINS GROUP.** Pisa, 18-20 May, 2022

Poster: “Modelling the effects of spike omicron mutations on the antibody interactions”. D'Arminio N., Giordano D., Scafuri B., Petrillo M., Facchiano A., Marabotti M. **Proteine 2022 Meeting – SIB PROTEINS GROUP.** Pisa, 18-20 May, 2022.

Oral Presentation: “Molecular docking simulations for the screening of putative ligands of SARS-CoV-2 proteins”. Giordano D., Argenio M.A., Scafuri B., Carbone V., Marabotti M., Facchiano A. **BITS2022 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.** Verona, 27-29 June, 2022

Poster: "Effects of the omicron variants on the interaction between Spike and human antibodies performed by a computational strategy." D'Arminio N., Vitulano G., Scafuri B., Giordano D., Petrillo M., Facchiano A., Marabotti M. **BBCC 2022 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference.** Virtual Conference, 13-15 December, 2022.

Poster: "Lipoxygenases from diatoms." D'Orsi I., Giordano D., D'Alelio D., Facchiano A. **BBCC 2022 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference.** Virtual Conference, 13-15 December, 2022.

Oral Presentation: "Molecular simulations to investigate protein structure and function." Giordano D., Facchiano A. **3rd IBBR Memorial Workshop.** Napoli, 10-11 November, 2022

Poster: "Applications of bioinformatics methodologies in the study of lipoxygenases from diatoms." D'Orsi I., Giordano D., D'Alelio D., Facchiano A. **3rd IBBR Memorial Workshop.** Napoli, 10-11 November, 2022

Poster: "Study of the potential biological activity of substances extracted from agri-food industry waste" Nigro A., Giordano D., Facchiano A. **3rd IBBR Memorial Workshop.** Napoli, 10-11 November, 2022

Oral Presentation (tenuta da S. Bonora): "Bioinformatics study for the structural and functional characterization of lipoxygenases from diatoms". Bonora S., D'Orsi I., Giordano D., D'Alelio D., Facchiano A. **BITS2023 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.** Bari, 27-29 June, 2023

Oral Presentation (tenuta da B. Scafuri): "The importance of data standardization for the analysis of structural files: a case report". Scafuri B., D'Arminio N., Giordano D., Facchiano A., Marabotti M. **BITS2023 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.** Bari, 27-29 June, 2023

Oral Presentation & Poster: "Applications of bioinformatics methodologies in the study of lipoxygenases from diatoms." Bonora S., D'Orsi I., Giordano D., D'Alelio D., Facchiano A. **ISMB/ECCB 2023 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) - Lyon, 23-27 July, 2023**

Poster: "Food components and their activity by interacting with protein targets." Giordano D., Facchiano A. **ISMB/ECCB 2023 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) - Lyon, 23-27 July, 2023**

Poster: "Predicting the effects of SARS-CoV-2 VoCs on human antibody interaction." D'Arminio N., Scafuri B., Giordano D., Facchiano A., Marabotti A. **ISMB/ECCB 2023 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) - Lyon, 23-27 July, 2023**

PRINCIPALI ATTESTATI:

- Partecipazione alla Parma Summer School 2016 “IN SILICO/IN VITRO APPROACHES FOR FOOD SCIENCE”, September 9th, 2016.
- Component of the Local Organizing Committee of the XIII Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society held at the University of Salerno, Fisciano and of the satellite activities from 13 to 17/06/2016.
- Partecipazione alla “Summer School in Bioinformatics 2017”, EMBL-EBI course, Wellcome Genome Campus, Hinxton, UK, 26-30 June, 2017.
- Partecipazione al CINECA course 2017 “High Performance Molecular Dynamics”, Bologna, 13-15 September, 2017
- 20-hour course on Project Management
- 18-hour course on Fondamenti di java per biologi
- 16-hour course on Advanced Fluorescence Application in Biotechnology & Biology
- Component of the Local Organizing Committee of the XIII Annual Bioinformatics and Computational Biology International Conference held virtually from 1 to 3/12/2021.
- Component of the Local Organizing Committee and Chair of the XIII Annual Bioinformatics and Computational Biology International Conference held virtually from 13 to 15/12/2022.

Referenze

Dott.ssa Maria Cristina Staiano CNR-ISA Avellino (Tutor assegno di ricerca)
maria.staiano@isa.cnr.it

Dott. Angelo Facchiano, CNR-ISA Avellino (Ph.D. Co-Tutor)
angelo.facchiano@isa.cnr.it

Dott.ssa Anna Marabotti, Università di Salerno (Tutor- tesi laurea magistrale)
amarabotti@unisa.it

Dott.ssa Ivana Caputo, Università di Salerno (co-Tutor tesi laurea magistrale)
icaputo@unisa.it

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel cv ai sensi dell’art. 13 del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 “Codice in materia di protezione dei dati personali” e dell’art. 13 del GDPR (Regolamento UE 2016/679).