Curriculum vitae et studiorum

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome	**GIOVANNA MARIA, ALESSANDRA MORELLO**
Indirizzo	
Telefono	
Telefono (mobile 2)	
Nazionalità	
Luogo di nascita	
Data di nascita	
E-mail	

ESPERIENZA DI RICERCA

Data	**11 Gennaio 2021- 10 Gennaio 2023** (*in corso*)
Qualifica	Assegno di ricerca "Professionalizzante" per lo svolgimento di attività di ricerca a valere sul progetto "*PKU Smart-Sensor Realizzazione e validazione di un sistema Point-of-Care, per il monitoraggio home- testing di fenilalanina in pazienti affetti da iperfenilalaninemie*" ID 08RG7211000341 – CUP: B61F19000080002 (Bando N. IRIB-002- 2020-CT, Prot. CNR-IRIB n. 0003441 del 16/10/2020) per lo svolgimento dell'attività di ricerca finalizzata alla "Caratterizzazione genomica delle Iperfenilalaninemie Congenite". (atto di conferimento prot. CNR-IRIB n. 00004720 del 22/12/2020)
Sede di svolgimento	**Istituto per la Ricerca e l'Innovazione Biomedica (IRIB)** (UOS di Catania) - Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) Via Paolo Gaifami, 18 95126 Catania Tel (+39)095 7338111 web: http://www.irib.cnr.it https://www.cnr.it/it/istituto/128/istituto-per-la-ricerca-e-l-innovazione-biomedica-irib
Principali attività svolte ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	♦ Identificazione, screening e validazione di nuovi potenziali target farmacologici per la SLA in modelli animali (topi SOD1G93A) e cellulari (motoneuroni iPSC-indotti, motoneuroni NSC-34).

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Identificazione di potenziali target farmacologici e delle loro cascate di segnalazione;
- Validazione target selezionati mediante caratterizzazione biomolecolare (PCR quantitativa, immunoistochimica/immunofluorescenza)

Prodotti della ricerca:

1. "*The multifaceted role of the CXC chemokines and receptors signaling axes in ALS pathophysiology*". La Cognata V., **Morello G.,** Guarnaccia M., Cavallaro S. (2023) *Progress in Neurobioogy* (*Under review)*

IF: 6.7, Q1: Neuroscience
Ruolo: Approfondimento tematica e contributo alla stesura del manoscritto.

2. *"CXCR2 Is Deregulated in ALS Spinal Cord and Its Activation Triggers Apoptosis in Motor Neuron-Like Cells Overexpressing hSOD1-G93A"*. La Cognata V, D'Amico AG, Maugeri G, **Morello G**, Guarnaccia M, Magrì B, Aronica E, D'Agata V, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Jul 9;12(14):1813. doi: 10.3390/cells12141813. PMID: 37508478

   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology
   Ruolo: Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

3. *"The ε-Isozyme of Protein Kinase C (PKCε) Is Impaired in ALS Motor Cortex and Its Pulse Activation by Bryostatin-1 Produces Long Term Survival in Degenerating SOD1-G93A Motor Neuron-like Cells"*. La Cognata V, D'Amico AG, Maugeri G, **Morello G**, Guarnaccia M, Magrì B, Aronica E, Alkon DL, D'Agata V, Cavallaro S. *Int J Mol Sci*. 2023 Aug 15;24(16):12825. doi: 10.3390/ijms241612825. PMID: 37629005

   IF: 5.6, Q1: Biochemistry & Molecular Biology
   Ruolo: Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto

4. *"Neuroprotective effect of the PACAP-ADNP axis on SOD1G93A mutant motor neuron death induced by trophic factors deprivation"*. Benedetta Magrì, Agata Grazia D'Amico, Grazia Maugeri, **Giovanna Morello**, Valentina La Cognata, Salvatore Saccone, Concetta Federico, Sebastiano Cavallaro, Velia D'Agata. *Neuropeptides*. 2023 Oct 11:102:102386. doi: 10.1016/j.npep.2023.102386 PMID: 37856900

   IF: 2.9, Q2: Medicine (miscellaneous); Neurology.
   Ruolo: Contributo all'analisi ed interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

- Analisi trascrittomica e funzionale delle alterazioni che avvengono nell'ippocampo e nella retina di un modello murino di Alzheimer (Tg2576) e valutazione dei cambiamenti di espressione che si verificano in seguito a trattamento con l'anticorpo monoclonale 12A12, che è in grado di neutralizzare in vivo un peptide neurotossico derivato da tau rilevante per l'AD.

  Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

  - Targeted Next Generation Sequencing
  - Analisi dati trascrittomici e loro integrazione
  - Analisi delle pathway e predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici

  Prodotti della ricerca:

  1. *"Transcriptomic Analysis in the Hippocampus and Retina of Tg2576 AD Mice Reveals Defective Mitochondrial Oxidative Phosphorylation and Recovery by Tau 12A12mAb Treatment"*. **Morello G**, Guarnaccia M, La Cognata V, Latina V, Calissano P, Amadoro G, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Sep 12;12(18):2254. doi: 10.3390/cells12182254. PMID: 37759477

     IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology
     Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (analisi trascrittomica mediante tecnologia RNA-seq). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.
     Stesura del manoscritto.

- Messa a punto e validazione di un pannello Next Generation Sequencing (NGS) "customizzato" per l'analisi simultanea di varianti (CNV, SNP, ...) nei principali geni associati alle iperfenilalaninemie (HPA) e valutazione di una sua potenziale utilità clinica e la validità diagnostica per lo screening neonatale.

  Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

  - Targeted Next Generation Sequencing
  - Analisi dati genomici e loro integrazione
  - Analisi delle pathway e predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. *"The Utility of Genomic Testing for Hyperphenylalaninemia"*. Tendi E.A., Guarnaccia M., **Morello G.,** and Cavallaro S. (**2022**). *J. Clin. Med.* 11(4), 1061.

   I.F. (2020): 4.242
   Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

2. *"Detection of Single-Nucleotide and Copy Number Defects Underlying Hyperphenylalaninemia by Next-Generation Sequencing"*. Tendi E.A.*, **Morello G.*,** Guarnaccia M., La Cognata V., Fiumara A. and Cavallaro S. *Biomedicines.* 2023 Jul 4;11(7):1899. doi: 10.3390/biomedicines11071899. PMID: 37509538 ***(*co-first authors)***

   IF: 4.7, Q1: Pharmacology & Pharmacy
   Ruolo: Messa a punto e validazione di un pannello NGS "customizzato" per l'analisi simultanea di varianti (CNV, SNP, ...) nei principali geni associati alle iperfenilalaninemie (HPA). Analisi e interpretazione funzionale dei dati. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto

- Analisi genomica e trascrittomica dei profili di espressione di fibroblasti provenienti da pazienti affetti da Sclerosi Laterale Amiotrofica (SLA) di tipo sporadico, allo scopo di identificare potenziali markers molecolari per la messa a punto di una diagnosi precoce ed efficace.

  Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

  - Disegno e sviluppo custom *array CGH* per malattie neurologiche;
  - Whole Genome Expression Array
  - Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione
  - Predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori
  - Applicazione di algoritmi di "*class prediction*" per testare l'efficacia della *signature* molecolare identificata come potenziale marker diagnostico

  Prodotti della ricerca:

1. "*Increased copy-number variant load of associated risk genes in sporadic cases of amyotrophic lateral sclerosis*". Guarnaccia M**., Morello G.,** La Cognata V., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *Cellular and Molecular Life Sciences*. (2023) (*Under review)*

   IF: 9.2 Q1: Cell Biology, Cellular and Molecular Neuroscience, Molecular Biology, Molecular Medicine, Pharmacology
   Ruolo: Progettazione e disegno vetrino custom aCGH. Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

2. *"A Diagnostic Gene-Expression Signature in Fibroblasts of Amyotrophic Lateral Sclerosi"*. **Morello G,** La Cognata V, Guarnaccia M, La Bella V, Conforti FL, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Jul 18;12(14):1884. doi: 10.3390/cells12141884. PMID: 37508548

   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (Whole Genome Expression Array). Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale dati: caratterizzazione dei livelli di espressione differenziali in pazienti SLA e controlli; analisi delle pathway e dei network di regolazione; applicazione di metodiche di machine learning e class prediction ai profili di espressione genica. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

- Validazione di un pannello *NGS* "customizzato" per l'analisi di varianti in geni associati a malattie da accumulo lisosomiale (*ex. MPSI, Pompe, Fabry, Krabbe, Niemann Pick A-B e malattie di Gaucher*) e valutazione di una sua potenziale utilità clinica e la validità diagnostica per lo screening neonatale.

  Prodotti della ricerca:

1. *"Design and Validation of a Custom NGS Panel Targeting a Set of Lysosomal Storage Diseases Candidate for NBS Applications"*. La Cognata V., Guarnaccia M., **Morello G.,** Ruggieri M., Polizzi A. and Cavallaro S. *Int J Mol Sci*. **2021** Sep; 22(18): 10064

I.F. (2020): 5.924; Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
Ruolo: Analisi delle varianti geniche osservate nella popolazione in studio mediante l'utilizzo di tecnologie di *targeted NGS*. Revisione del manoscritto.

- Caratterizzazione multi-omica di pazienti affetti da sclerosi laterale amiotrofica (SLA) di tipo sporadico/familiare con mutazione in omozigosi/eterozigosi D91A-*SOD1* mediante l'utilizzo di un pannello customizzato per analisi *NGS* di mutazioni (*CNV, SNP*) nei principali geni associati alla SLA.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Next Generation Sequencing (Whole Exome Sequencing, pannelli customizzati)
- Analisi dati genomici e loro integrazione
- Analisi delle pathway e predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. *"Individual Oligogenic Background in p.D91A- SOD1 Amyotrophic Lateral Sclerosis Patients"*. Gentile G., Perrone B., **Morello G.,** Simone I.L., Andò S., Cavallaro S., Conforti F.L. *Genes (Basel).* **2021** Dec; 12(12): 1843.

   I.F. (2020): 4.096; Numero di citazioni: 1 (Fonte: Google Scholar)
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati (*Whole Exome Sequencing e targeted NGS; Expression Quantitative Trait Loci analysis*). Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

- Analisi trascrittomica dei profili di espressione temporale di neuroni corticali e dei granuli cerebellari durante la fase di impegno iniziale dell'apoptosi (mediante deprivazione di siero e potassio) o il loro salvataggio da parte di diversi fattori neurotrofici (PACAP, IGF1, sostanza P, NGF), allo scopo di decodificare il codice che governa i programmi trascrizionali che controllano le decisioni sul destino neuronale.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Whole Genome Expression Array;
- Analisi bioinformatiche per la caratterizzazione dei cambiamenti di espressione nel tempo (*time-course*);
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Analisi del promotore ed identificazione di fattori di trascrizione "*upstream*" che regolano l'espressione dei geni chiave coinvolti nella morte/sopravvivenza neuronale (*core set genes*);
- Predizione funzionale *in silico* per analizzare il potenziale contributo dei *core set genes* in patologia umana;
- Tecniche computazionali di *drug repositioning* per l'identificazione di potenziali target farmacologici.

Prodotti della ricerca:

1. *"Transcriptional Profiles of Cell Fate Transitions Reveal Early Drivers of Neuronal Apoptosis and Survival"*. **Morello G.,** Villari A., Spampinato A.G., La Cognata V., Guarnaccia M., Gentile G., Ciotti M.T., Calissano P., D'Agata V., Severini C., Cavallaro S. *Cells* (**2021**) Nov 19;10(11):3238.

   I.F. (2020): 6.600
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale. Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. *"Cracking the Code of Neuronal Cell Fate"*. **Morello G.,** La Cognata V, Guarnaccia M, D'Agata V, Cavallaro S. *Cells*. (2023) Mar 30;12(7):1057. doi: 10.3390/cells12071057. PMID: 37048129

   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology
   Ruolo: Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

- Analisi ed approfondimento dei principali microRNA (miRNA) differenzialmente espressi nei fluidi (sangue o liquido cerebrospinale) e nei tessuti/cellule neurali di pazienti affetti da malattie neurodegenerative (morbo di Alzheimer, morbo di Parkinson e SLA), sottolineandone le possibili implicazioni funzionali nella neurodegenerazione e supportandone la potenziale utilità come biomarcatori o bersagli terapeutici di approcci basati sull'uso di oligonucleotidi antisenso.

Prodotti della ricerca:

1. *"Dysregulated nervous tissue and circulating miRNAs in neuro-degeneration: disease biomarkers and therapeutical targets"*. Gentile G., **Morello G.,** La Cognata V., Guarnaccia M., Ruffo P., Conforti F.L., Cavallaro S. *J. Pers. Med.* (**2022**)

   I.F. (2020): 4.945
   Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

- **Presentazione del seminario/workshop**: "*Analisi, integrazione ed interpretazione di dati omici mediante approcci di systems biology*"- nell'ambito dei Seminari Integrativi del corso di Lauruea Magistrale in Ingegneria Informatica e dl corso di Laurea in Biologia Computazionale, Genomica e Proteomica-Università della Calabria- Seminario Online-13,15 Dicembre 2021.

- Attività di ricerca e collaborazione scientifica nella stesura di progetti di ricerca presentati e/o attivi presso l'IRIB-CNR (vedi voce *Attività Progettuale*).

Data	**Novembre 2017- Marzo 2021**
Qualifica	Dottorato di Ricerca internazionale in "**Neuroscienze" (**XXXIII Ciclo), Università degli Studi di Catania (conseguimento titolo: 22/03/2021)
Sedi di svolgimento	**Dipartimento di Scienze Biomediche e Biotecnologiche** - Università degli Studi di Catania Torre Biologica Via Santa Sofia, 97 95123 - CATANIA web: http://www.biometec.unict.it **Istituto per la Ricerca e l'Innovazione Biomedica (IRIB)** (UOS di Catania)- Consiglio Nazionale delle Ricerche Via Paolo Gaifami, 18 95126 Catania Tel (+39)095 7338111 web: http://www.irib.cnr.it https://www.cnr.it/it/istituto/128/istituto-per-la-ricerca-e-l-innovazione-biomedica-irib
Titolo della Tesi	**"Integrative multi-omics profiling in amyotrophic lateral sclerosis: toward precision medicine"** Descrizione dell'attività di ricerca svolta: Analisi integrata di dati ottenuti da tecnologie "omiche" (ad ex. genomica, trascrittomica, epigenomica ed epitrascrittomica) per lo studio dei complessi meccanismi molecolari che sottendono alla degenerazione motoneuronale tipica della Sclerosi Laterale Amiotrofica (SLA) e per la genotipizzazione e definizione di specifici sottogruppi di pazienti da indirizzare verso lo sviluppo di una diagnosi e terapia personalizzata.
Principali attività svolte ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	♦ Caratterizzazione molecolare di pazienti affetti da SLA di tipo familiare e sporadico mediante analisi integrata di dati ottenuti da tecnologie "*omiche*" al fine di individuare i principali processi biologi (*pathway/network*) e le cascate di trascrizione coinvolte nella

SLA ed identificare sottotipi molecolari di pazienti caratterizzati da specifici meccanismi e markers di patologia.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Next Generation Sequencing (*Whole Exome Sequencing* e *pannelli customizzati*);
- Array CGH (*whole-genome, custom*);
- Expression Array (*mRNA, miRNA*);
- Analisi bioinformatiche di integrazione multi-omica;
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici.

Prodotti della ricerca:

1. *"Omics Data and Their Integrative Analysis to Support Stratified Medicine in Neurodegenerative Diseases"*. La Cognata V.*, **Morello G.*,** Cavallaro S. *Int J Mol Sci* (**2021**). May 1;22(9):4820. *(*co-first authors)*

   I.F. (2020): 5.924; Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Approfondimento tematica. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. *"Genomic portrait of a sporadic amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"*. **Morello G.**, Gentile G., Spataro R., Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *J Pers Med*. (**2020**) Dec 2;10(4):262.

   I.F. (2020): 4.945
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

3. *"From multi-omics approaches to precision medicine in Amyotrophic Lateral Sclerosis"*. **Morello G**., Salomone S., D'Agata V., Conforti F.L. and Cavallaro S. *Front Neurosci*. (**2020**).

   I.F. (2020): 4.677; Numero di citazioni: 20 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Approfondimento tematica. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

4. *"Genetic investigation of amyotrophic lateral sclerosis patients in south Italy: a two-decade analysis"*. Ungaro C., Sprovieri T., **Morello G**., Perrone B., Spampinato A.G., Simone I.L., Trojsi F., Monsurrò M.R., Spataro R., La Bella V., Andò S., Cavallaro S., Conforti F.L. *Neurobiol Aging* (**2020**)

   I.F. (2019): 4.673; Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

5. *"Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. **Morello G.,** Guarnaccia M., Spampinato A.G., Salomone S., D'Agata V., Conforti F.C., Aronica E., and Cavallaro S., *Scientific Reports* (**2019**).

   I.F. (2018): 4.011; Numero di citazioni: 15 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale. Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

6. *"Taxonomy meets neurology, the case of amyotrophic lateral sclerosis"*. **Morello G**., Spampinato A.G., Conforti F.C., Cavallaro S., *Frontiers in Neuroscience*, (**2018**).

   I.F. (2018): 3.648; Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Web of Science*)
   Ruolo: Approfondimento tematica. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

7. *"Clinical features and genetic characterization of two dizygotic twins with C9orf72 expansion"*. Conforti FL., Tortelli R., **Morello G.,** Capozzo R., Barulli MR., Cavallaro S., Logroscino G. *Neurobiol Aging*. (2018).

   I.F. (2017): 4.454; Numero di citazioni: 1 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

8. ***Poster:*** *"Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. **Morello G.,** Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S, D'Agata V, Conforti F.L., Aronica E., Cavallaro S. (**2018**) in EMBO

Workshop - From Epigenome towards Epitranscriptome in Cell Fate Choice, 14-17 Ottobre 2018 Capri (NA).

9. ***Poster:*** *"High-resolution genomic analysis of an amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"* **Morello G.,** Guarnaccia M., Citrigno L., La Bella V., Cavallaro S., Conforti F.L. XXI Congresso Nazionale Società Italiana Genetica Umana (SIGU), 25-27 Ottobre 2018, Catania.

10. ***Poster:*** *"Molecular taxonomy of sporadic amyotrophic lateral sclerosis using disease-associated genes"*. **Morello G**., Spampinato A. G., La Cognata V., D'Agata V. and Cavallaro S. Society for Neuroscience 2017 Annual Meeting, Washington D.C., 11-15 Novembre 2017, Washington DC.

11. ***Talk presentation****: "La biologia dei sistemi nello studio della neurodegenerazione: dall'analisi omica alla terapia mirata"*. I° Retreat Irib Cnr 2021. 27 – 28 Aprile 2021. Online

12. ***Talk presentation****: "Integrative multi-omic analysis identifies new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. Convegno "New perspectives in Neurosciences: Research Results of Young Italian Neuroscientists" - National Meeting of PhD students in Neuroscience (SINS). 29 – 30 September 2020

13. ***Presentazione del seminario/workshop:*** *"Analisi, integrazione ed interpretazione di dati omici mediante approcci di systems biology"*- nell'ambito dei Seminari Integrativi del corso di Lauruea Magistrale in Ingegneria Informatica e dl corso di Laurea in Biologia Computazionale, Genomica e Proteomica-Università della Calabria-Rende (CS)-5,6 Dicembre 2019.

14. **Poster:** "*A genomic screening platform highlighting differences and overlaps in neurodegenerative diseases*", G. Gentile, V. La Cognata, **G. Morello,** M. Guarnaccia, A. G. Spampi- nato, S. Cavallaro Progetto di interesse:"Invecchiamento" Convegno Finale, CNR, 11 June 2019, Roma

- Analisi ed approfondimento scientifico sul ruolo delle scienze omiche nello studio, diagnosi e trattamento di malattie rare.

Prodotti della ricerca:

1. *"Medicina Genomica: tecnologie di indagine ad alta risoluzione per indirizzare diagnosi e trattamento delle malattie rare" per il manuale* "Come orientarsi nel complesso mondo delle malattie rare: per un approccio pratico alla diagnosi e alla gestione delle malattie rare". La Cognata V., **Morello G**., CNR edizioni, ISBN 9788880803034. (**2019**)
   Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. **Talk presentation**: "Ruolo della genomica nella diagnosi di malattie rare". Convegno "Percorsi pediatrici – Simeto Etna 2019", Catania, 4 Maggio 2019.

- Follow-up relativo alla elaborazione, disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate (CNV) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA, con una risoluzione pari ai singoli esoni.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Disegno e sviluppo custom *array CGH* per malattie neurologiche;
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Interpretazione delle alterazioni genomiche identificate mediante approccio *systems biology* e predizione funzionale *in silico* di potenziali target molecolari diagnostici, prognostici e terapeutici.

Prodotti della ricerca:

1. *"Genomic portrait of a sporadic amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"*. Morello G., Gentile G., Spataro R., Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *J Pers Med*. (**2020**) Dec 2;10(4):262.

   I.F. (2020): 4.945
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale

(caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. *"Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. **Morello G.,** Guarnaccia M., Spampinato A.G., Salomone S., D'Agata V., Conforti F.C., Aronica E., and Cavallaro S., *Scientific Reports,* (**2019**).

   I.F. (2018): 4.011; Numero di citazioni: 15 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale. Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

3. "*NeuroArray: A Customized aCGH for the Analysis of Copy Number Variations in Neurological Disorders*". La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., Cavalcanti F., Cittadella R., Conforti F.L., De Marco E.V., Magariello A., Muglia M., Patitucci A., Spadafora P., D'Agata V., Ruggieri M., Cavallaro S. *Current Genomics* (**2018**).

   I.F. (2017): 2.172; Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Disegno e implementazione aCGH customizzato. Elaborazione, analisi integrata multi-omica, interpretazione dati. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

4. ***Poster:*** *"Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. **Morello G.,** Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S, D'Agata V, Conforti F.L., Aronica E., Cavallaro S. (**2018**) in EMBO Workshop - From Epigenome towards Epitranscriptome in Cell Fate Choice, 14-17 Ottobre 2018 Capri (NA).

5. ***Poster:*** *"High-resolution genomic analysis of an amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"* **Morello G.,** Guarnaccia M., Citrigno L., La Bella V., Cavallaro S., Conforti F.L. XXI Congresso Nazionale Società Italiana Genetica Umana (SIGU), 25-27 Ottobre 2018, Catania.

6. ***Talk presentation:*** *"Integrative multi-omic analysis identifies new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS"*. Convegno "New perspectives in Neurosciences: Research Results of Young Italian Neuroscientists" - National Meeting of PhD students in Neuroscience (SINS). 29 – 30 September 2020

- Responsabile dell'analisi e messa a punto di protocolli sperimentali di whole exome-sequencing su piattaforma NGS Ion Torrent PGM e S5. Disegno, sviluppo e validazione di pannelli customizzati per analisi NGS ad alta risoluzione di mutazioni (CNV, SNP) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Next Generation Sequencing (*Whole Exome Sequencing e pannelli customizzati*)
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici.

Prodotti della ricerca:

1. *"Genomic portrait of a sporadic amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"*. **Morello G.,** Gentile G., Spataro R., Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *J Pers Med*. (**2020**) Dec 2;10(4):262.

   I.F. (2020): 4.945
   Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. **Poster:** "*High-resolution genomic analysis of an amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family*" **Morello G.,** Guarnaccia M., Citrigno L., La Bella V., Cavallaro S., Conforti F.L. XXI Congresso Nazionale Società Italiana Genetica Umana (SIGU), 25-27 Ottobre 2018, Catania.

- Identificazione, screening e validazione di nuovi potenziali target farmacologici per la SLA in modelli animali (topi SOD1G93A) e cellulari (motoneuroni iPSC-indotti), con particolare attenzione all'analisi delle cascate di segnalazione relative al sistema istaminergico, a quelle attivate dall'asse PACAP/ EGFR/MMP-2 e a quelle attivate dal recettore IL8R (CXCR2).

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- CGH ed expression (mRNA, miRNA) arrays;
- Integrazione multi-omica (CNV, espressione, SNP) ed identificazione di potenziali target farmacologici e delle loro cascate di segnalazione;
- Validazione target selezionati mediante caratterizzazione biomolecolare (PCR quantitativa, immunoistochimica/immunofluorescenza)

Prodotti della ricerca:

1. *"CXCR2 increases in ALS cortical neurons and its inhibition prevents motor neuron degeneration in vitro and improves neuromuscular function in SOD1G93A mice"*. La Cognata V., Golini E., Iemmolo R., Balletta S., **Morello G.,** De Rosa C.., Villari A., Marinelli S., Vacca V., Bonaventura G., Dell'Albani P., Aronica E., Mammano F., Mandillo S., Cavallaro S. *Neurobiol Dis.*(**2021**) Dec;160:105538

   I.F. (2020): 5.996; Numero di citazioni: 1 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Identificazione e validazione molecolare del target farmacologico e relativa cascata molecolare di regolazione. Revisione del manoscritto.

2. *"Differential Vulnerability of Oculomotor Versus Hypoglossal Nucleus During ALS: Involvement of PACAP"*. Maugeri G, D'Amico AG, **Morello G,** Reglodi D, Cavallaro S, D'Agata V. *Front Neurosci*. (**2020**)

   I.F. (2019): 3.707; Numero di citazioni: 8 (*Fonte: Scopus*)
   Ruolo: Identificazione target farmacologico e relativa cascata molecolare di regolazione. Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale di dati trascrittomici e revisione del manoscritto.

3. *"Omics-based exploration and functional validation of neurotrophic factors and histamine as therapeutic targets in ALS"*. Volonté C, **Morello G,** Spampinato AG, Amadio S, Apolloni S, D'Agata V, Cavallaro S. *Ageing Res Rev*. (**2020**).

   I.F. (2019): 10.616; Numero di citazioni: 9 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Identificazione target farmacologici e relative cascate molecolari di regolazione. Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

4. *"Histaminergic transmission slows progression of amyotrophic lateral sclerosis"*. Apolloni S., Amadio S.; Fabbrizio P., **Morello G.,** Spampinato A.G., Latagliata E.C., Salvatori I., Proietti D., Ferri A., Madaro L., Puglisi-Allegra S., Cavallaro S., and Volonté C., *Journal of Cachexia, Sarcopenia and Muscle*. (**2019**).

   I.F. (2018):10.754; Numero di citazioni:21 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica (CNV, espressione, SNP) di geni correlati al signalling istaminergico in pazienti SLA e comparazione con il modello animale SOD1G93A.

5. *"Molecular mechanisms involved in the protective effect of PACAP in an in vitro model of ALS"*. Maugeri G., D'Amico A.G., Rasà D.M., Federico C., Saccone S., **Morello G.,** La Cognata V., Cavallaro S. and D'Agata V., *Journal of Cellular Physiology*, (**2018**).

   I.F. (2017): 3.923; Numero di citazioni:22 (*Fonte: Scopus*)
   Ruolo: Identificazione target farmacologico e relativa cascata molecolare di regolazione. Revisione del manoscritto.

6. *"Histamine Regulates the Inflammatory Profile of SOD1-G93A Microglia and the Histaminergic System Is Dysregulated in Amyotrophic Lateral Sclerosis"*. Apolloni S., Fabbrizio P., Amadio S.; Napoli G., **Morello G.,** Iemmolo R.; Aronica E., Cavallaro S, Volonte C. *Front Immunol*. (**2017**).

   I.F. (2017): 5.511; Numero di citazioni: 30 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

7. ***Talk presentation**: "Application of human iPSC-derived motor neurons for the development of personalized treatments of ALS patients – iPSCforTreatALS".*

Convegno Finale "Precision Medicine - Progetto Bandiera InterOmics", Roma, 29-30 Ottobre 2018.

8. ***Poster:*** *"Modulation of histaminergic signaling in ALS"* Apolloni S., Fabbrizio P., Amadio S., Napoli G., Verdile V., **Morello G.**, Iemmolo R., Aronica E., Cavallaro S. and Volonté C., FOCUS SLA, Simposio AriSLA, 27-29 Settembre 2018, Palazzo della Merdiana, Genova.

9. ***Poster:*** *"Role of PACAP/EGFR/MMP-2 axis in an in vitro model of amyotrophic lateral sclerosis"* Maugeri G., D'Amico A.G., Rasà D.M., Cavallaro S., La Cognata V., **Morello G.**, Saccone S., Federico C., D'Agata V. Society for Neuroscience 2018 Annual Meeting, San Diego, November 3-7, 2018.

10. ***Talk presentation****: "Application of human iPSC-derived motor neurons for the development of personalized treatments of ALS patients – iPSCforTreatALS".* Convegno Iniziale "Precision Medicine - Cell-based Omics for biomedical research applications"- Progetto Bandiera InterOmics", Roma, 18-19 Dicembre 2017

- Progettazione, sviluppo e validazione di un test *Lab-on-Chip* miniaturizzato su piattaforma In-Check® che consente lo screening multigenico ad alta risoluzione delle variazioni genetiche associate alle reazioni farmacologiche avverse ai comuni agenti chemioterapici.

Prodotti della ricerca:

1. "*Development of a Pharmacogenetic Lab-on-Chip Assay Based on the In-Check Technology to Screen for Genetic Variations Associated to Adverse Drug Reactions to Common Chemotherapeutic Agents*". Iemmolo R., La Cognata V., **Morello G.**, Guarnaccia M., Arbitrio M., Alessi E., and Cavallaro S. *Biosensors (Basel)* (**2020**) Dec 9;10(12):202.

   I.F. (2019): 5.519
   Ruolo: Progettazione e validazione del pannello genico. Sviluppo e validazione del pannello su tecnologia In-Check® (lab-on-chip a base di silicio miniaturizzato in grado di eseguire analisi multigeniche (amplificazione mediante multiplex PCR e rilevamento tramite ibridazione su array). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura e revisione del manoscritto.

- Analisi trascrittomica di ceppi di lievito mutanti, difettivi in funzioni mitocondriali, come sistema modello di patologie neurodegenerative (collaborazione scientifica con il gruppo di ricerca del Prof. V. De Pinto dell'Università di Catania).

Prodotti della ricerca:

1. "*Deletion of Voltage-Dependent Anion Channel 1 knocks mitochondria down triggering metabolic rewiring in yeast*". De Pinto V., Vai M., Magrì A., Di Rosa M., Orlandi I., Guarino F., Reina S., Guarnaccia M., **Morello G.**, Spampinato A., Cavallaro S., and Messina A. *Cellular and Molecular Life Sciences* (**2019**)

   I.F. (2018): 7.014; Numero di citazioni: 18 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale di dati trascrittomici ottenuti mediante tecnologia array. Revisione del manoscritto.

- Analisi profili di espressione di modelli murini carattterizzati da deficit di connessina 26, responsabile della forma più comune di sordità congenita non sindromica a trasmissione autosomica recessiva (collaborazione scientifica con il gruppo di ricerca del Prof. F Mammano dell'Università di Padova).

Prodotti della ricerca:

1. "*Cx26 partial loss causes accelerated presbycusis by redox imbalance and dysregulation of Nfr2 pathway*". Fetoni AR, Zorzi V, Paciello F, Ziraldo G, Peres C, Raspa M, Scavizzi F, Salvatore AM, Crispino G, Tognola G, Gentile G, Spampinato AG, Cuccaro D, Guarnaccia M, **Morello G.**, Van Camp G, Fransen E, Brumat M, Girotto G, Paludetti G, Gasparini P, Cavallaro S, Mammano F., *Redox Biology*, (**2018**).

   I.F. (2018): 7.793; Numero di citazioni: 36 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Elaborazione, analisi di dati trascrittomici ottenuti mediante tecnologia

array. Analisi funzionale delle *pathway* e dei *network* di regolazione. Revisione del manoscritto.

- Caratterizzazione molecolare delle principali proteine che interagiscono con la proteina spike di SARS-CoV-2 nell'uomo, valutazione delle principali differenze di genere nella risposta trascrizionale dell'ospite all'infezione provocata dal virus ed identificazione di potenziali bersagli molecolari per il trattamento dell'infezione da SARS-CoV-2.

Prodotti della ricerca:

1. *"Immunoregulation of Ghrelin in neurocognitive sequelae associated with COVID-19: an in silico investigation"*. Russo C. **Morello G.,** Mannino G., Russo A., Malaguarnera L. *Gene.* (**2022**).

   I.F. (2020): 3.913
   Ruolo: Elaborazione, analisi di dati trascrittomici e proteomici. Analisi funzionale delle *pathway* e dei *network* di regolazione. Revisione del manoscritto.

2. "*Candidate genes of SARS-CoV-2 gender susceptibility*". Russo C. **Morello G.*#,** Malaguarnera R., Piro S., Lo Furno D., Malaguarnera L. *Sci Rep.* (**2021**); 11: 21968 (**co-first authors; #Corresponding author*)

   I.F. (2020): 4.379
   Ruolo: Elaborazione, analisi di dati trascrittomici e proteomici. Analisi funzionale delle *pathway* e dei *network* di regolazione. Revisione del manoscritto.

- Attività di supporto alla ricerca e collaborazione scientifica nella stesura di progetti di ricerca presentati e/o attivi presso *l'IRIB*-CNR (vedi voce *Attività Progettuale*).

Data	**Maggio 2016- Ottobre 2017**
Qualifica	Borsa di studio CNR per la tematica: "Studio della sclerosi laterale amiotrofica". Bando N. ISN-BS 02/2016 CT. Prot. n. 0000133 del 02/02/2016 Progetto proposto**: PRECLINICAL VALIDATION OF POTENTIAL DRUG TARGETS FOR PERSONALIZED TREATMENTS OF ALS PATIENTS** **(***conferimento n° prot. 0000565 del 14/04/2016*)
Sede di svolgimento	**Consiglio Nazionale delle Ricerche – Istituto di Scienze Neurologiche** (UOS di Catania) Via Paolo Gaifami, 18 95126 Catania Tel (+39)095 7338111
Principali attività svolte ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	♦ Messa a punto di protocolli sperimentali e processamento di campioni biologici per la caratterizzazione multi-omica di pazienti affetti da SLA di tipo sporadico, per lo sviluppo di una tassonomia molecolare in neurologia.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Analisi trascrittomica mediante tecnologia *expression array*;
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. *"Molecular taxonomy: use of transcriptional profiles to identify different ALS subtypes"*. **Morello G.,** Conforti F.L., Spampinato A.G. and Cavallaro S. (**2016**). Chapter of book "*Novel Aspects of Amyotrophic Lateral Sclerosis*", Publisher: InTech.

   Ruolo: Raccolta e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione

del manoscritto.

2. ***Poster:*** *"Classificazione molecolare di pazienti affetti da sclerosi laterale amiotrofica attraverso l'analisi ed integrazione di dati multi-omici"*, Spampinato A. G., **Morello G.,** Cavallaro S., 56° CONGRESSO NAZIONALE SNO CATANIA, 18-21 MAGGIO 2016.

- Disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate (*Copy Number Variants*) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Disegno e sviluppo di un custom *array CGH* per malattie neurologiche
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione
- Interpretazione funzionale delle alterazioni genomiche identificate mediante approcci di *systems biology* e predizione *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. "*A customized high-resolution array-comparative genomic hybridization to explore copy number variations in Parkinson's disease*". La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., D'Agata V., Criscuolo C., Cavalcanti F. and Cavallaro S. (**2016**). *Neurogenetics* 17(4): 233-244.

   I.F.(2017): 3.090; Numero di citazioni:10 (*Fonte: Google Scholar*)
   Ruolo: Progettazione e disegno vetrino custom aCGH. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

2. ***Poster***: "*Una piattaforma array CGH custom per l'identificazione di CNV in pazienti affetti da Sindromi Neurocutanee ed altri disordini neurologici: validazione della regione d'interesse per la Neurofibromatosi di tipo 1*". Gentile G., La Cognata V., **Morello G**., Muglia M., Magariello A., Patitucci A., Ruggieri M., Cavallaro S., XIX Congresso Nazionale SIGU, Torino 23 - 26 Novembre 2016

3. ***Poster***: "*A customized Comparative Genomic Hybridization array for the analysis of Copy Number Variations and exon-dosage anomalies in neurological disorders*". La Cognata V., **Morello G**., Gentile G., D'Agata V., Cavallaro S. Society for Neuroscience 2016 Annual Meeting, San Diego, November 11-17, 2016

- Approfondimento tematico sulle principali banche dati per la caratterizzazione e classificazione delle variazioni strutturali genomiche (CNV), focalizzando l'analisi sulle alterazioni CNV riportate in pazienti SLA o con malattia di Parkinson, al fine di individuare i processi biologi e le cascate di trascrizione principalmente coinvolte nella patologia.

Prodotti della ricerca:

1. "*Copy Number Variations in Amyotrophic Lateral Sclerosis: Piecing the Mosaic Tiles Together through a Systems Biology Approach*". **Morello G.,** Guarnaccia M., Spampinato A.G., La Cognata V., D'Agata V., Cavallaro S. *Mol Neurobiol*. (**2017**).

   I.F. (2017): 5.076; Numero di citazioni: 19 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Raccolta e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

2. "*Copy number variability in Parkinson's disease: assembling the puzzle through a systems biology approach*". La Cognata V., **Morello G.,** D'Agata V. and Cavallaro S. (**2017**). *Hum Genet* 136(1): 13-37.

   I.F. (2017): 3.390; Numero di citazioni: 49 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Revisione del manoscritto.

- Identificazione, screening e validazione *in vitro* ed *in vivo* di nuovi potenziali target farmacologici per la SLA, mediante approcci di *systems biology*.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. *"Selection and Prioritization of Candidate Drug Targets for Amyotrophic Lateral Sclerosis Through a Meta-Analysis Approach"*. **Morello G**, Spampinato AG, Conforti FL, D'Agata V, Cavallaro S. *J Mol Neurosci.* (**2017**).

   I.F. (2017): 2.454; Numero di citazioni: 14 (Fonte: *Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revision e sottomissione del manoscritto.

2. ***Poster*:** "*Selection and prioritization of candidate drug targets for amyotrophic lateral sclerosis through a meta-analysis approach*". **Morello G**., Spampinato A.G., Conforti F.L., D'Agata V. and Cavallaro S. Society for Neuroscience 2016 Annual Meeting, San Diego, November 11-17, 2016

3. ***Poster*:** "*Un approccio genomico per l'identificazione e la selezione di nuovi potenziali target farmacologici per la sclerosi laterale amiotrofica*", **Morello G**, Spampinato A. G., Conforti F.L., D'Agata V., Cavallaro S., 56° CONGRESSO NAZIONALE SNO CATANIA, 18-21 MAGGIO 2016 – **Third best poster**

- Caratterizzazione dei profili trascrizionali di corteccia motoria di pazienti con SLA di tipo sporadico, con particolare riferimento alle alterazioni riguardanti processi immunologici e neuroinfiammatori.

Prodotti della ricerca:

1. *"Neuroinflammation and ALS: Transcriptomic Insights into Molecular Disease Mechanisms and Therapeutic Targets"*. **Morello G.**, Spampinato A.G., Cavallaro S. *Mediators of Inflammation* (**2017**).

   I.F. (2017): 3.549; Numero di citazioni: 34 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi di dati trascrittomici. Analisi funzionale delle *pathway* e dei *network* di regolazione. Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

- Caratterizzazione trascrittomica di campioni post-mortem di corteccia motoria di pazienti SLA per l'identificazione di meccanismi ezio-patogenetici e potenziali marker genetici e molecolari comuni alla SLA di tipo familiare e sporadica.

Prodotti della ricerca:

1. *"Molecular taxonomy of sporadic amyotrophic lateral sclerosis using disease–associated genes"*. **Morello G.,** Spampinato A.G., Cavallaro S. *Front. Neurol.* (**2017**).

   I.F. (2017): 3.508; Numero di citazioni: 15 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi di dati trascrittomici. Analisi funzionale delle *pathway* e dei *network* di regolazione. Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

- Attività di ricerca e collaborazione scientifica nella stesura di progetti di ricerca presentati e/o attivati presso l'ISN-CNR (vedi voce *Attività Progettuale*).

Data	**Maggio 2016-Maggio 2017**
Qualifica	Corso di formazione residenziale in Genomica Funzionale nell'ambito della "VI Edizione della Scuola Internazionale di Genomica Funzionale" sotto la responsabilità scientifica del Dott. Sebastiano Cavallaro.

Sede di svolgimento	**Consiglio Nazionale delle Ricerche – Istituto di Scienze Neurologiche** (UOS di Catania) Via Paolo Gaifami, 18 95126 Catania Tel (+39)095 7338111
Competenze acquisite ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	Approfondimenti tematici relativi a: biologia dei sistemi; Funzione del materiale genetico: dalla sequenza del genoma alla funzione del gene; Utilizzo delle metodologie e strumentazioni impiegate nell'analisi di genomi; Conoscenze degli strumenti informatici, con particolare attenzione alla bioinformatica applicata alla genomica e post-genomica; Principali sistemi software disponibili per l'analisi dei dati; Strategie di integrazione di questi strumenti, necessarie per ricavare dai diversi database le informazioni utili ai diversi approcci di ricerca.
Data Qualifica	**Dicembre 2014 – Dicembre 2015** Corso di formazione nell'ambito del progetto "DNA on disk: piattaforma e kit diagnostici per la salute dell'uomo in ambito oncologico, infettivo logico e delle malattie legate alla povertà. CTN01_00177_817708- Bando N. 081.001.BS.01.2014 (Prot. ISN n. 386 del 07/03/2014) Profilo: **Ricercatore Biotecnologo**.
Sede di svolgimento	**Consiglio Nazionale delle Ricerche – Istituto di Scienze Neurologiche** (UOS di Catania e Mangone (CS)) Via Paolo Gaifami, 18 95126 Catania Tel (+39)095 7338111 web: http://www.isn.cnr.it/
Principali attività svolte ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	*Competenze tecniche:* Padronanza ed autonomia nell'utilizzo di piattaforme microarray (CGH, Expression array) e Next Generation Sequencing (NGS) per la caratterizzazione genomico/molecolare di profili di espressione genica, varianti strutturali e di sequenza. Elaborazione, disegno, sviluppo e validazione di piattaforme NGS ed array CGH "customizzate" per l'analisi di mutazioni e Copy Number Variants (CNVs) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA. Validazione farmacologica *in vitro* e *in vivo*. *Competenze bioinformatiche*: Utilizzo delle principali banche dati biologiche/ farmacologiche e tools bioinformatici (NCBI, Ensembl, OMIM, Medline, EMBL, DDBJ, HGNC, ExPASy, Genome browser, Gene Expression Omnibus, Gene Ontology, AmiGO, PharmGKB, DrugBank, Therapeutic Target Database, Metadrug, PubChem, SuperTarget, Clinicaltrials.gov, Metacore, Genespring, Cytoscape, Ingenuity Pathway Analysis (IPA), Cytogenomics, IonTorrent Suite). Approfondita conoscenza delle principali applicazioni bioinformatiche e banche dati per la caratterizzazione e classificazione delle variazioni del numero di copie (Agilent Cytogenomics, DGV, DECIPHER, International Standards for Cytogenomic Arrays (ISCA), dbVar, Database of Genomic Variants archive (DGVa)) *Competenze trasversali:* Autonomia nella sottomissione di lavori e di dati su database biologici; capacità progettuali, stesura e alla sottomissione di progetti scientifici promossi da fondazioni per la ricerca. ♦ Screening genomico e caratterizzazione di geni e *pathway* biologiche differenzialmente deregolati nella corteccia motoria di pazienti affetti da SLA di tipo sporadico, mediante l'utilizzo di piattaforme microarray. ***Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate***: o Analisi trascrittomica mediante tecnologia *expression array*; o Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione; o Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Catania, 19 Dicembre 2023

Prodotti della ricerca:

1. *"Molecular classification of amyotrophic lateral sclerosis by unsupervised clustering of gene expression in motor cortex*", Aronica E., Baas F., Iyer A., ten Asbroek A. L., **Morello G**. and Cavallaro S. (**2015**). *Neurobiol Dis* 74: 359-376.

   I.F. (2017): 5.277; Numero di citazioni: 56 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Contributo alla stesura del manoscritto.

2. ***Poster***: "*Molecular classification of amyotrophic lateral sclerosis by unsupervised clustering of gene expression in motor cortex*", Aronica E., Baas F., Iyer A., ten Asbroek A. L., **Morello G**. and Cavallaro S., Society for Neuroscience 2015 Annual Meeting, Chicago, 17-21 Ottobre 2015.

- Selezione di potenziali target farmacologici da sottoporre a validazione preclinica su modelli animali SLA, attraverso l'utilizzo di un approccio di meta-analisi: analisi integrata di profili di espressione di campioni *post-mortem* ottenuti da pazienti SLA e campioni di midollo spinale ottenuti da topi transgenici SOD1G93A, al fine di identificare target e processi biologici comunemente deregolati.

Principali procedure sperimentali ed analitiche utilizzate:

- Analisi trascrittomica mediante tecnologia *expression array;*
- Analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione;
- Predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici

Prodotti della ricerca:

1. "*Transcriptional analysis reveals distinct subtypes in amyotrophic lateral sclerosis: implications for personalized therapy*" **Morello G**. and Cavallaro S. (**2015**). *Future Med Chem* 7(10): 1335-1359.

   I.F. (2017): 3.969; Numero di citazioni: 13 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

2. "*Selection of Potential Pharmacological Targets in ALS Based on Whole- Genome Expression Profiling*" **Morello G.,** Conforti F. L., Parenti R., D'Agata V. and Cavallaro S. (**2015**). *Curr Med Chem* 22(17): 2004-2021.

   I.F. (2017): 3.469; Numero di citazioni: 10 (*Fonte: Google Scholar*).
   Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

3. *"Biomarkers: Towards the Dream of Personalized Medicine"* **Morello G**; Gentile G; Cavallaro S. *Jacobs Journal of Biomarkers* Jacobs Publishers (**2014**).

- Disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate (Copy Number Variants) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA. Interpretazione delle alterazioni genomiche identificate, predizione *in silico* del loro effetto per l'identificazione di target molecolari diagnostici, prognostici e terapeutici.

Prodotti della ricerca:

1. ***Poster***: *"NeuroArray: a customized Comparative Genomic Hybridization array for the analysis of Copy Number Variations in neurological disorders"*, La Cognata V., **Morello G.**, Gentile G., D'Agata V., Drago F., Cavallaro S.. 13th Summer School of Neuroscience 2015 – Cognition, the target -International PhD Program in Neuroscience, University of Catania, Italy – 11-17 Luglio 2015.

- Analisi ed integrazione di dataset di tipo genomico mediante approcci di *systems biology*.

Prodotti della ricerca:

1. *"Scienze "omiche" e biologia dei sistemi complessi: applicazioni in neurologia pediatrica"*, Ruggeri M., Salpietro V., La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., Concolino D., Polizzi A., Cavallaro S. (**2014**). Neurologia Pediatrica.

Data	**Gennaio 2013 – Novembre 2014**
Qualifica	Attività di collaborazione
Sede di svolgimento	**Centro di Genomica Funzionale-Istituto di Scienze Neurologiche, Consiglio Nazionale delle Ricerche** P.O. Vittorio Emanuele Via Plebiscito 628 95123 Catania
Competenze acquisite ed attinenza con la professionalità richiesta dal bando	*Competenze tecniche:* Dosaggio immunologico (ELISA), estrazione e quantizzazione di acidi nucleici (DNA/RNA) amplificazione di DNA genomico tramite PCR end-point e Real Time qPCR (SYBR green e Taqman assay), amplificazione di RNA (RT-PCR); elettroforesi su gel di agarosio/poliacrilammide e sequenziamento automatizzato mediante elettroforesi capillare. *Competenze bioinformatiche*: uso di banche dati biologiche/farmacologiche e tools bioinformatici (NCBI, Ensembl, OMIM, Medline, EMBL, DDBJ, HGNC, ExPASy, Genome browser, PharmGKB, DrugBank, Therapeutic Target Database, Metadrug, PubChem, SuperTarget, Clinicaltrials.gov, Metacore, OligoCalc, ABI PRISM 310 Genetic Analyzer Data Collection Software, CLC Sequence Viewer, Genespring, Cytogenomics), allineamento multiplo di sequenze nucleotidiche, ricerca di sequenze Open Reading Frames e successiva traduzione di queste in sequenze aminoacidiche, ricerca di domini proteici conservati, disegno di sonde oligonucleotidiche/primers per PCR ed identificazione di SNPs associati a fenotipi patologici. Attività diagnostiche: analisi mutazionale dei principali geni associati alle patologie neurodegenerative (Alzheimer, Parkinson, SLA), oncologiche e metaboliche (Sindrome di Fabry). Competenze trasversali: Autonomia nella sottomissione di lavori e di dati su database biologici; capacità progettuali e partecipazione alla stesura e alla sottomissione di progetti scientifici promossi da fondazioni per la ricerca.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Data	**Novembre 2017- Marzo 2021**
Qualifica	Dottorato di Ricerca internazionale in "**Neuroscienze"** *(*XXXIII Ciclo), Università degli Studi di Catania conseguito il 22/3/2021
Sede di svolgimento	**Dipartimento di Scienze Biomediche e Biotecnologiche - Universita' degli Studi di Catania / Istituto per la Ricerca e l'Innovazione Biomedica (IRIB)**(UOS di Catania)-**Consiglio Nazionale delle Ricerche**
Titolo della Tesi	**"Integrative multi-omics profiling in amyotrophic lateral sclerosis: toward precision medicine"** Descrizione dell'attività di ricerca svolta: Analisi integrata di dati ottenuti da tecnologie "omiche" (ad ex. genomica, trascrittomica, mirnomica, epigenomica ed epitrascrittomica) per lo studio dei complessi meccanismi molecolari che sottendono alla degenerazione motoneuronale tipica della Sclerosi Laterale Amiotrofica (SLA) e per la genotipizzazione e definizione di specifici sottogruppi di pazienti da indirizzare verso lo sviluppo di una diagnosi e terapia personalizzata.
Data	**18 Marzo 2012**
Qualifica conseguita	Esame di stato di abilitazione all'esercizio della professione di Farmacista conseguita presso l'Università degli Studi di Catania.
Nome di Istituto	Università degli Studi di Catania
Data	**Ottobre 2011- Aprile 2012**
Attività	Tirocinio Professionale svolto presso la Farmacia "De Gaetani" – Catania

Data	**27 Marzo 2012 (A.A. 2010/2011)**
Qualifica conseguita	Laurea specialistica a ciclo unico (post riforma) in Chimica e Tecnologia Farmaceutiche con votazione 110/110 (Classe di laurea specialistica: 14/S). Titolo della tesi: "**Effetti della serotonina sulla plasticita' sinaptica a lungo termine mediata da recettori metabotropi per il glutammato nell'ippocampo**" svolta in collaborazione con la Prof.ssa Ciranna Lucia presso i laboratori di elettrofisiologia dell'Università di Catania.
Nome di Istituto	Facoltà di Farmacia- Università degli Studi di Catania

Data	Luglio 2005 (A.S. 2004/2005)
Nome di Istituto	Liceo scientifico-tecnologico "E. Boggio Lera" – Catania
Qualifica conseguita	Diploma di maturità scientifica**.** Votazione: 92/100

ATTIVITÀ DIDATTICA

Data	**A.A. 2022- 2023**
Qualifica	Tutor didattico qualificato per attività didattico-integrative per l'insegnamento di Anatomia Umana (BIO/16) per il Dipartimento di Scienze del Farmaco e della Salute, Università degli Studi di Catania per il corso di Laurea Magistrale in Chimica e Tecnologie farmaceutiche (20 ore) e per il corso di Laurea Magistrale a ciclo unico in Farmacia (15 ore) – (Contratto di collaborazione esterna_ Avviso n. 1718 del 20-05-202)
Sede di svolgimento	**Dipartimento di Scienze del Farmaco e della Salute - Universita' degli Studi di Catania**
Principali attività e responsabilità	Supporto alle attività didattiche per l'insegnamento di Anatomia Umana nell'ambito del corso di Laurea Magistrale in Chimica e Tecnologia Farmaceutiche (CTF) e Farmacia presso l'Università degli studi di Catania.

PREMI E RICONOSCIMENTI

- **Travel Grant InterOmics** per la partecipazione al Workshop EMBO: "From Epigenome towards Epitranscriptome in Cell Fate Choice" Capri, 14-17 October, 2018.
  Tematica: Approfondimenti relativi al ruolo regolatorio svolto dai meccanismi epigenomici ed epitranscriptomici nel determinare il destino cellulare e della loro implicazione nella patogenesi e nella terapia di patologie umane, con particolare attenzione al cancro, alle malattie neurodegenerative e muscolari e alle malattie autoimmuni.

- **Third best poster: "***Un approccio genomico per l'identificazione e la selezione di nuovi potenziali target farmacologici per la sclerosi laterale amiotrofica*", **Morello G**, Spampinato A. G., Conforti F.L., D'Agata V., Cavallaro S., 56° CONGRESSO NAZIONALE SNO CATANIA, 18-21 MAGGIO 2016

COMPETENZE TECNICHE

Strumentazioni analitiche ed elettrofisiologiche
Cromatografiche, elettroforetiche e di centrifugazione. Patch-clamp.

Strumentazioni ed apparecchiature per biologia molecolare
Estrattore di DNA biorobot ez1, Nanodrop, Qubit fluorometer, Bioanalyzer, TapeStation system, Transilluminatore, Termociclatore, Real Time PCR (Lightcycler 1.5 - roche, Agilent AriaMx), Sequenziatore Sanger (ABI Prism 310 Genetic Analyzer), Lettore ad assorbanza per ELISA Sunrise – Tecan, Bilancia di precisione di strumenti, Microscopio diritto ed invertito (Nikon Ti-E Eclipse), Scanner Array Agilent, Tecnologia NGS Ion Torrent (Ion PGM, Ion S5, Ion Chef).

Catania, 19 Dicembre 2023

Tecniche di biologia molecolare e genomiche
Padronanza ed autonomia nell'utilizzo di piattaforme di sequenziamento Next Generation Sequencing (esoma, RNA-seq, pannelli customizzati Ion Torrent PGM) e microarray per la caratterizzazione di Copy Number Variations (*array CGH*), profili di espressione genica (expression array e miRNA). Padronanza ed autonomia nell'elaborazione, disegno, sviluppo e validazione di pannelli customizzati da implementare su piattaforme NGS ed aCGH. Dosaggio immunologico (ELISA), estrazione e quantizzazione di acidi nucleici (DNA/RNA) amplificazione di DNA genomico tramite PCR end-point e Real Time qPCR (SYBR green e Taqman assay), amplificazione di RNA (RT-PCR); Northern, Western e Southern Blot, tecniche di immunoistochimica/immunofluorescenza; microscopia; elettroforesi su gel di agarosio/poliacrilamide e sequenziamento automatizzato mediante elettroforesi capillare.

Attività diagnostiche
Analisi mutazionale dei principali geni associati alle patologie neurodegenerative, oncologiche e metaboliche.

Banche dati biologiche/farmacologiche
NCBI, PubMed, Nucleotide, dbSNP, GENE, GenBank, UniGene, Blast, Primer-Blast, Ensembl, OMIM, Medline, EMBL, DDBJ, HGNC, ExPASy, Genome browser, PharmGKB, DrugBank, Therapeutic Target Database, Metadrug, PubChem, SuperTarget, Clinicaltrials.gov.

Competenze bioinformatiche
Padronanza ed autonomia nell'analisi dati ottenuti mediante utilizzo di tecnologie *omiche* (RNA-seq, whole-exome sequencing, targeted NGS, expression array (mRNA, miRNA), aCGH); utilizzo di metodiche di *class prediction* e *machine learning* applicate all'analisi dei profili trascrizionali; utilizzo delle principali banche dati biologiche/farmacologiche e tools bioinformatici per l'analisi multi-omica (NCBI, Ensembl, OMIM, Medline, EMBL, DDBJ, HGNC, ExPASy, Genome browser, Gene Expression Omnibus, Gene Ontology, AmiGO, PharmGKB, DrugBank, Therapeutic Target Database, Metadrug, PubChem, SuperTarget, Clinicaltrials.gov, Metacore, Genespring, Cytoscape, Ingenuity Pathway Analysis (IPA), Cytogenomics, IonTorrent Suite). Approfondita conoscenza delle principali applicazioni bioinformatiche e banche dati per la caratterizzazione e classificazione delle variazioni del numero di copie (Agilent Cytogenomics, DGV, DECIPHER, International Standards for Cytogenomic Arrays (ISCA), dbVar, Database of Genomic Variants archive (DGVa)).

Capacità e competenze informatiche
Conoscenza dei sistemi operativi Apple Mac OS X, Windows Xp, Windows Vista, Windows 7; Capacità di utilizzo del pacchetto Office Word, Excel e Power Point, Adobe Acrobat; navigazione internet tramite i browser Windows Explorer, Mozilla FireFox, Google Chrome; test statistici (Anova, t di Student, ecc.).

Competenze trasversali
Autonomia nella sottomissione di lavori e di dati su database biologici; capacità progettuali e partecipazione alla stesura e alla sottomissione di progetti scientifici promossi da fondazioni per la ricerca.

COMPETENZE PERSONALI

Madrelingua ITALIANO

ALTRA(E) LINGUA(E) INGLESE

Comprensione		Parlato		Scritto
Ascolto	**Lettura**	**Interazione orale**	**Produzione orale**	
B1 (Utente autonomo)	C1 (Utente avanzato)	B1 (Utente autonomo)	B1 (Utente autonomo)	C1 (Utente avanzato)

CAPACITÀ E COMPETENZE SOCIALI ED ORGANIZZATIVE Spiccate capacità relazionali e propensione ad operare in contesti di gruppo. Autonome capacità organizzative e rispetto delle scadenze predisposte. Organizzazione e partecipazione ad attività di utilità sociale per bambini/adolescenti ed adulti presso centri sociali multiculturali.

PATENTE Patente tipo "B"

Catania, 19 Dicembre 2023

PRODUZIONI SCIENTIFICHE

Responsabile dell'elaborazione, integrazione e sottomissione di dati ottenuti da esperimenti di espressione genica su ArrayExpress (http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/) e di tipo genomico su GEO_NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/).

Bibliometric Indicators:

Scopus Author ID: 56513497900**; ResearcherID:** K-5082-2016; **Orcid ID**: 0000-0003-2365-6435
Number of publications: 47 (20 *first author publications*); **Number of citations:** 935
Total Impact Factor (IF): 244 (mean IF: 5,6)
Google Scholar H-Index: 16 (i10-index: 23); **Scopus H-Index:** 20, **Web of Science H-Index**: 18

Pubblicazioni scientifiche:

1. "*Increased copy-number variant load of associated risk genes in sporadic cases of amyotrophic lateral sclerosis*". Guarnaccia M**.**, **Morello G.,** La Cognata V., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *Cellular and Molecular Life Sciences*. (2023) (*Under review)*
   IF: 9.2 Q1: Cell Biology, Cellular and Molecular Neuroscience, Molecular Biology, Molecular Medicine, Pharmacology

   Tematica: Disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA.
   Ruolo: Progettazione e disegno vetrino custom aCGH. Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

2. "*The multifaceted role of the CXC chemokines and receptors signaling axes in ALS pathophysiology*". La Cognata V., **Morello G.,** Guarnaccia M., Cavallaro S. (2023) *Progress in Neurobioogy* (*Under review)*
   IF: 6.7, Q1: Neuroscience

   Tematica: Approfondimento tematico relativo al ruolo di diverse chemochine e dei loro recettori nella patogenesi della SLA, attenzionando in particolare il ruolo dei ligandi CXCR1/2 nella patogenesi della SLA, nonché sul ruolo di CXCR2 come potenziale bersaglio nella SLA.
   Ruolo: Approfondimento tematica e contributo alla stesura del manoscritto.

3. "*Cracking the Code of Neuronal Cell Fate*". **Morello G.**, La Cognata V, Guarnaccia M, D'Agata V, Cavallaro S. *Cells*. (2023) Mar 30;12(7):1057. doi: 10.3390/cells12071057. PMID: 37048129
   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology

   Tematica: Approfondimento tematico relativo all'applicazione di metodologie genomiche e di *systems biology* per la caratterizzazione dei programmi trascrizionali che controllano l'apoptosi e la sopravvivenza neuronale, e la loro implicazione in patologia umana.
   Ruolo: Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

4. "*CXCR2 Is Deregulated in ALS Spinal Cord and Its Activation Triggers Apoptosis in Motor Neuron-Like Cells Overexpressing hSOD1-G93A*". La Cognata V, D'Amico AG, Maugeri G, **Morello G,** Guarnaccia M, Magrì B, Aronica E, D'Agata V, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Jul 9;12(14):1813. doi: 10.3390/cells12141813. PMID: 37508478
   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology
   Numero di citazioni: 1 (*Fonte: Google Scholar*)
   Tematica: Caratterizzazione molecolare del recettore per l'interleuchina 8 (CXCR2) e del suo potenziale ruolo nell'eziopatogenesi della SLA, in modelli neuronali *in vitro* (motoneuroni NSC-34), sostenendo il ruolo di una sua modulazione farmacologica come potenziale strategia terapeutica per questa patologia.
   Ruolo: Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

5. "*A Diagnostic Gene-Expression Signature in Fibroblasts of Amyotrophic Lateral Sclerosis*". **Morello G,** La Cognata V, Guarnaccia M, La Bella V, Conforti FL, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Jul 18;12(14):1884. doi: 10.3390/cells12141884. PMID: 37508548
   IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology

   Tematica: Caratterizzazione trascrittomica di fibroblasti cutanei provenienti da pazienti affetti da SLA sporadica (sALS); identificazione e validazione di una firma molecolare utile come classificatore

diagnostico per la SLA attraverso l'implementazione di metodiche di *machine learning* e *class prediction*.
Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (Whole Genome Expression Array). Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale dati: caratterizzazione dei livelli di espressione differenziali in pazienti SLA e controlli; analisi delle pathway e dei network di regolazione; applicazione di metodiche di *machine learning* e *class prediction* ai profili di espressione genica. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

6. *"Detection of Single-Nucleotide and Copy Number Defects Underlying Hyperphenylalaninemia by Next-Generation Sequencing"*. Tendi E.A.*, **Morello G.*,** Guarnaccia M., La Cognata V., Fiumara A. and Cavallaro S. *Biomedicines. 2023 Jul 4;11(7):1899. doi: 10.3390/biomedicines11071899. PMID: 37509538* (***co-first authors)**
IF: 4.7, Q1: Pharmacology & Pharmacy

Tematica: Messa a punto e validazione di un pannello NGS "customizzato" per l'analisi simultanea di varianti (CNV, SNP, ...) nei principali geni associati alle iperfenilalaninemie (HPA) e valutazione di una sua potenziale utilità clinica e la validità diagnostica per lo screening neonatale.
Ruolo: Analisi e interpretazione funzionale dei dati. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

7. "*The ε-Isozyme of Protein Kinase C (PKCε) Is Impaired in ALS Motor Cortex and Its Pulse Activation by Bryostatin-1 Produces Long Term Survival in Degenerating SOD1-G93A Motor Neuron-like Cells*". La Cognata V, D'Amico AG, Maugeri G, **Morello G,** Guarnaccia M, Magrì B, Aronica E, Alkon DL, D'Agata V, Cavallaro S. *Int J Mol Sci*. 2023 Aug 15;24(16):12825. doi: 10.3390/ijms241612825. PMID: 37629005
IF: 5.6, Q1: Biochemistry & Molecular Biology

Tematica: Caratterizzazione molecolare dell'isoenzima ε della proteina chinasi C (PKCε) e della sua l'implicazione nella fisiopatologia della SLA attraverso analisi condotte su campioni di corteccia motoria umana *post-mortem* ed in modelli *in vitro* (linee cellulari motoneuroni NSC-34) e valutazione dell'effetto biologico a lungo termine del suo agonismo transitorio da parte della Briostatina- 1.
Ruolo: Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

8. "*Transcriptomic Analysis in the Hippocampus and Retina of Tg2576 AD Mice Reveals Defective Mitochondrial Oxidative Phosphorylation and Recovery by Tau 12A12mAb Treatment*". **Morello G,** Guarnaccia M, La Cognata V, Latina V, Calissano P, Amadoro G, Cavallaro S. *Cells*. 2023 Sep 12;12(18):2254. doi: 10.3390/cells12182254. PMID: 37759477
IF: 6.0, Q1: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology

Tematica: Analisi trascrittomica e funzionale delle alterazioni che avvengono nell'ippocampo e nella retina di un modello murino di Alzheimer (Tg2576) e valutazione dei cambiamenti di espressione che si verificano in seguito a trattamento con l'anticorpo monoclonale 12A12, che è in grado di neutralizzare i*n vivo* un peptide neurotossico derivato da tau rilevante per l'AD.
Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (analisi trascrittomica mediante tecnologia RNA-seq). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.
Stesura del manoscritto.

9. "*Neuroprotective effect of the PACAP-ADNP axis on SOD1G93A mutant motor neuron death induced by trophic factors deprivation*". Benedetta Magrì, Agata Grazia D'Amico, Grazia Maugeri, **Giovanna Morello,** Valentina La Cognata, Salvatore Saccone, Concetta Federico, Sebastiano Cavallaro, Velia D'Agata. *Neuropeptides*. 2023 Oct 11:102:102386. doi: 10.1016/j.npep.2023.102386 PMID: 37856900
IF: 2.9, Q2: Medicine (miscellaneous); Neurology.

Tematica: Caratterizzazione funzionale in modelli moto-neuronali *in vitro* dell'asse PACAP/PAC1R /ADNP come potenziale target farmacologico per il trattamento della SLA.
Ruolo: Contributo all'analisi ed interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

10. "*Proteomic Profiling of Extracellular Vesicles Released by Leptin-Treated Breast Cancer Cells: A Potential Role in Cancer Metabolism*" Gelsomino L., Barone I., Caruso A., Giordano F., Brindisi M., **Morello G.,** Accattatis F.M., Panza S., Cappello A.R., Bonofiglio D., Andò S., Catalano S., Giordano G. *Int J Mol Sci*. (**2022**).

I.F. (2021): 6.208 Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione molecolare del carico proteico delle vescicole extracellulari tumorali in un ambiente associato all'obesità (livelli elevati di leptina), al fine di consentire la caratterizzazione di meccanismi metabolici tumorali specifici utili allo sviluppo di nuovi approcci terapeutici per il trattamento del cancro al seno, specialmente nei pazienti obesi.
Ruolo: Contributo all'analisi molecolare e interpretazione funzionale dei dati. Revisione del manoscritto.

11. "*Immunoregulation of Ghrelin in neurocognitive sequelae associated with COVID-19: an in silico investigation*".

Russo C. **Morello G.,** Mannino G., Russo A., Malaguarnera L. *Gene*. (**2022**).

I.F. (2020): 3.913 Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione molecolare delle principali proteine che interagiscono con la proteina spike di SARS-CoV-2 nell'uomo, valutazione delle principali differenze di genere nella risposta trascrizionale dell'ospite all'infezione provocata dal virus ed identificazione di potenziali bersagli molecolari per il trattamento dell'infezione da SARS-CoV-2.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale dei dati e revisione del manoscritto.

12. *"Dysregulated nervous tissue and circulating miRNAs in neuro-degeneration: disease biomarkers and therapeutical targets"*. Gentile G., **Morello G.,** La Cognata V., Guarnaccia M., Ruffo P., Conforti F.L., Cavallaro S. *J. Pers. Med.* (**2022**)

I.F. (2020): 4.945 Numero di citazioni: 20 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Ruolo dei microRNA (miRNA) nella patogenesi di malattie neurodegenerative e loro potenziale utilità come marcatori diagnostici e prognostici e terapeutici.
Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

13. *"The Utility of Genomic Testing for Hyperphenylalaninemia"*. Tendi E.A., Guarnaccia M., **Morello G.,** and Cavallaro S. *J. Clin. Med*. (**2022**).

I.F. (2020): 4.242 Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Approfondimento tematico relativo all'utilizzo di tecnologie genomiche ad alta risoluzione per la diagnosi differenziale e il trattamento precoce delle iperfenilalaninemie (HPA).
Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

14. "*Individual Oligogenic Background in p.D91A- SOD1 Amyotrophic Lateral Sclerosis Patients*". Gentile G., Perrone B., **Morello G.,** Simone I.L., Andò S., Cavallaro S., Conforti F.L. *Genes (Basel).* (**2021**).

I.F. (2020): 4.096; **Numero di citazioni: 6** (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione molecolare di pazienti affetti da sclerosi laterale amiotrofica (SLA) di tipo sporadico/familiare con mutazione in omozigosi/eterozigosi D91A-SOD1 mediante l'utilizzo di un pannello customizzato per analisi NGS di mutazioni (CNV, SNP) nei principali geni associati alla SLA.
Ruolo: Attività sperimentale (*Whole Exome Sequencing e targeted NGS; Expression Quantitative Trait Loci)*. Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Contributo alla stesura e revisione del manoscritto.

15. "*CXCR2 increases in ALS cortical neurons and its inhibition prevents motor neuron degeneration in vitro and improves neuromuscular function in SOD1G93A mice*". La Cognata V., Golini E., Iemmolo R., Balletta S., **Morello G.,** De Rosa C.., Villari A., Marinelli S., Vacca V., Bonaventura G., Dell'Albani P., Aronica E., Mammano F., Mandillo S., Cavallaro S. *Neurobiol Dis*. (**2021**)

I.F. (2020): 5.996; Numero di citazioni: 8 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Identificazione, screening e validazione del recettore per l'interleuchina 8 (CXCR2) come potenziale target farmacologico per il trattamento della SLA, in modelli neuronali *in vitro* (motoneuroni differenziati da cellule staminali pluripotenti indotte) ed *in vivo* (topi transgenici SOD1G93A).
Ruolo: Identificazione e validazione funzionale e biomolecolare del target farmacologico e relativa cascata molecolare di regolazione (PCR quantitativa, immunoistochimica/immunofluorescenza). Revisione del manoscritto.

16. "*Transcriptional Profiles of Cell Fate Transitions Reveal Early Drivers of Neuronal Apoptosis and Survival*". **Morello G.,** Villari A., Spampinato A.G., La Cognata V., Guarnaccia M., Gentile G., Ciotti M.T., Calissano P., D'Agata V., Severini C., Cavallaro S. *Cells* (**2021**).

I.F. (2020): 6.600 Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione dei programmi trascrizionali che controllano il destino neuronale e loro implicazione in patologia umana (ex. malattie neurologiche, neuro-psichiatriche e neuro-oncologiche), attraverso l'analisi dei profili di espressione temporale di neuroni corticali e dei granuli cerebellari durante la fase di induzione iniziale dell'apoptosi (mediante deprivazione di siero e potassio) o durante il loro salvataggio da parte di diversi fattori neurotrofici (PACAP, IGF1, sostanza P, NGF).
Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (*Whole Genome Expression Array*). Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale dati: caratterizzazione dei cambiamenti di espressione nel tempo (*time-course*); analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione; analisi del promotore ed identificazione di fattori di trascrizione "*upstream*" che regolano l'espressione dei geni chiave coinvolti nella morte/sopravvivenza neuronale (*core set genes*); predizione funzionale *in silico* del contributo dei *core set genes* in patologia umana; identificazione di potenziali target farmacologici mediante tecniche computazionali di *drug repositioning*. Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

17. "*Candidate genes of SARS-CoV-2 gender susceptibility*". Russo C. **Morello G.*#,** Malaguarnera R., Piro S., Lo

Furno D., Malaguarnera L. *Sci Rep*. (**2021**). (**co-first authors; #Corresponding author*)

I.F. (2020): 4.379 Numero di citazioni: 13 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione molecolare delle principali proteine che interagiscono con la proteina spike di SARS-CoV-2 nell'uomo, valutazione delle principali differenze di genere nella risposta trascrizionale dell'ospite all'infezione provocata dal virus ed identificazione di potenziali bersagli molecolari per il trattamento dell'infezione da SARS-CoV-2.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale dei dati e revisione del manoscritto.

18. *"Design and Validation of a Custom NGS Panel Targeting a Set of Lysosomal Storage Diseases Candidate for NBS Applications"*. La Cognata V., Guarnaccia M., **Morello G.,** Ruggieri M., Polizzi A. and Cavallaro S. *Int J Mol Sci.* (**2021**).

I.F. (2020): 5.924; Numero di citazioni: 12 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Contributo alla definizione e validazione di un pannello per l'analisi di varianti in geni associati a malattie da accumulo lisosomiale (ex. MPSI, Pompe, Fabry, Krabbe, Niemann Pick A-B e malattie di Gaucher) e valutazione di una sua potenziale utilità clinica e la validità diagnostica per lo screening neonatale.
Ruolo: Analisi delle varianti geniche osservate nella popolazione in studio mediante l'utilizzo di tecnologie di *targeted NGS*. Revisione del manoscritto.

19. *"Omics Data and Their Integrative Analysis to Support Stratified Medicine in Neurodegenerative Diseases"*. **Morello G.***, La Cognata V.*, Cavallaro S. Int J Mol Sci (**2021**). (**co-first authors*)

I.F. (2020): 5.924; **Numero di citazioni: 20** (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Approfondimento sull'utilizzo di tecnologie omiche e loro analisi integrata per lo studio dei processi biologi (pathway/network) coinvolti in patologie neurologiche complesse e multifattoriali ed identificare sottotipi molecolari di pazienti caratterizzati da specifici meccanismi e markers di patologia da indirizzare verso una medicina personalizzata.
Ruolo: Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

20. "*Genomic portrait of a sporadic amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family*". **Morello G.,** Gentile G., Spataro R., Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S., La Bella V., Conforti F.L., Cavallaro S. *J Pers Med.* (**2020**).

I.F. (2020): 4.945 Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Caratterizzazione multi-omica di una grande famiglia di individui affetti da atassia spinocerebellare di tipo 1 (SCA1) in cui un membro in cui un membro con un'espansione intermedia *ATXN1* poly-Q risultava affetto da SLA, al fine di identificare meccanismi ezio-patogenetici specifici e/o comuni alle due patologie neurologiche ed identificare potenziali marker diagnostici, prognostici e terapeutici.
Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

21. "*From multi-omics approaches to precision medicine in Amyotrophic Lateral Sclerosis*". **Morello G.**, Salomone S., D'Agata V., Conforti F.L. and Cavallaro S. *Front Neurosci*. (**2020**).

I.F. (2020): 4.677; Numero di citazioni: 40 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Approfondimento sull'utilizzo di tecnologie *omiche* e loro analisi integrata per lo studio dei meccanismi ezio-patogenetici alla base di patologie neurologiche complesse e multifattoriali, quale la SLA e aggiornamenti scientifici sulla messa a punto di una classificazione molecolare per i pazienti da indirizzare verso una diagnosi e terapia efficace e personalizzata.
Ruolo: Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

22. "*Development of a Pharmacogenetic Lab-on-Chip Assay Based on the In-Check Technology to Screen for Genetic Variations Associated to Adverse Drug Reactions to Common Chemotherapeutic Agents*". Iemmolo R., La Cognata V., **Morello G.**, Guarnaccia M., Arbitrio M., Alessi E., and Cavallaro S. *Biosensors (Basel)* (**2020**).

I.F. (2019): 5.519 Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Progettazione, sviluppo e validazione di un test Lab-on-Chip miniaturizzato su piattaforma In-Check® che consente lo screening multigenico ad alta risoluzione delle variazioni genetiche associate alle reazioni farmacologiche avverse ai comuni agenti chemioterapici.
Ruolo: Progettazione e validazione del pannello genico. Sviluppo e validazione del pannello su tecnologia In-Check® (lab-on-chip a base di silicio miniaturizzato in grado di eseguire analisi multigeniche (amplificazione mediante multiplex PCR e rilevamento tramite ibridazione su array)). Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura e revisione del manoscritto.

23. "*Genetic investigation of amyotrophic lateral sclerosis patients in south Italy: a two-decade analysis*". Ungaro C., Sprovieri T., **Morello G.,** Perrone B., Spampinato A.G., Simone I.L., Trojsi F., Monsurrò M.R., Spataro R., La Bella V., Andò S., Cavallaro S., Conforti F.L. *Neurobiol Aging* (**2020**)

I.F. (2019): 4.673; Numero di citazioni: 15 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Analisi genetico-molecolare eseguite in un'ampia coorte di pazienti SLA italiani, allo scopo di identificare nuovi potenziali fattori di rischio e valutarne il coinvolgimento nella degenerazione motoneuronale.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

24. "*Differential Vulnerability of Oculomotor Versus Hypoglossal Nucleus During ALS: Involvement of PACAP*". Maugeri G, D'Amico AG, **Morello G,** Reglodi D, Cavallaro S, D'Agata V. *Front Neurosci.* (**2020**)

I.F. (2019): 3.707; Numero di citazioni: 15 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Approfondimento scientifico relativo al ruolo svolto al ruolo svolto dall'asse PACAP/ EGFR/MMP-2 sulla differenziale vulnerabilità dei motoneuroni del nucleo oculomotore rispetto a quelli del nucleo ipoglosso durante il processo neurodegenerativo associato alla SLA.
Ruolo: Analisi trascrittomica e caratterizzazione delle cascate molecolari coinvolte nella degenerazione motoneuronale. Revisione del manoscritto.

25. "*Omics-based exploration and functional validation of neurotrophic factors and histamine as therapeutic targets in ALS*". Volonté C, **Morello G,** Spampinato AG, Amadio S, Apolloni S, D'Agata V, Cavallaro S. *Ageing Res Rev.* (**2020**).

I.F. (2019): 10.616; Numero di citazioni: 17 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Approfondimento scientifico relativo all'utilizzo di approcci "omici" integrati per l'esplorazione dei complessi percorsi molecolari e delle loro interazioni dinamiche nella SLA, ponendo particolare enfasi su alcuni potenziali bersagli terapeutici, inclusi i fattori neurotrofici e il sistema istaminergico, utili allo sviluppo di una diagnosi e prognosi rapide e strategie terapeutiche personalizzate.
Ruolo: Analisi genomica e funzionale per la caratterizzazione dei target farmacologici e delle loro cascate molecolari. Approfondimento tematica. Stesura e revisione del manoscritto.

26. "*Deletion of Voltage-Dependent Anion Channel 1 knocks mitochondria down triggering metabolic rewiring in yeast*" Magrì A, Di Rosa MC, Orlandi I, Guarino F, Reina S, Guarnaccia M, **Morello G,** Spampinato A, Cavallaro S, Messina A, Vai M, De Pinto V. *Cellular and Molecular Life Sciences* (**2019**)

I.F. (2018): 7.014; Numero di citazioni: 21 (*Fonte: Scopus*)
Tematica: Caratterizzazione mediante analisi trascrittomica di ceppi di lievito mutanti, difettivi in funzioni mitocondriali, come sistema modello di patologie neurodegenerative.
Ruolo: Attività sperimentale (expression array). Elaborazione, analisi e interpretazione funzionale (analisi delle pathway e dei network di regolazione) dei dati ottenuti. Revisione del manoscritto.

27. "*Medicina Genomica: tecnologie di indagine ad alta risoluzione per indirizzare diagnosi e trattamento delle malattie rare*" per il manuale "Come orientarsi nel complesso mondo delle malattie rare: per un approccio pratico alla diagnosi e alla gestione delle malattie rare". La Cognata V., **Morello G.,** CNR edizioni, ISBN 9788880803034 (**2019**).

Tematica: Analisi ed approfondimento sul ruolo della genomica nello studio di malattie neurologiche rare, allo scopo di decifrare i complessi processi molecolari che sottendono alla loro patogenesi ed identificare marker per la messa a punto di protocolli diagnostici e terapeutici precoci, validi e personalizzati.
Ruolo: Analisi e approfondimento della letteratura. Stesura del manoscritto.

28. "*Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS*". **Morello G.,** Guarnaccia M., Spampinato A.G., Salomone S., D'Agata V., Conforti F.C., Aronica E., and Cavallaro S., *Scientific Reports*, (**2019**).

I.F. (2018): 4.011; Numero di citazioni: 30 (*Fonte: Google Scholar*)
Tematica: Analisi omica integrata dei meccanismi ezio-patogenetici alla base della degenerazione motoneuronale nella SLA e definizione di una tassonomia molecolare, attraverso l'identificazione di sottogruppi di pazienti caratterizzati da specifiche firme molecolari, nell'ottica dello sviluppo di una medicina personalizzata.
Ruolo: Messa a punto e realizzazione del protocollo sperimentale (CGH e mRNA expression array). Elaborazione, analisi e interpretazione dati (analisi bioinformatiche di integrazione multi-omica; analisi delle pathway e dei network di regolazione; predizione funzionale *in silico* per l'identificazione di potenziali biomarcatori e target farmacologici). Stesura e sottomissione del manoscritto.

29. "*Histaminergic transmission slows progression of amyotrophic lateral sclerosis*". Apolloni S., Amadio S.; Fabbrizio P., **Morello G.,** Spampinato A.G., Latagliata E.C., Salvatori I., Proietti D., Ferri A., Madaro L., Puglisi-Allegra S., Cavallaro S., and Volonté C., *Journal of Cachexia, Sarcopenia and Muscle*. (**2019**).

    I.F. (2018): 10.754; Numero di citazioni: 30 (*Fonte: Google Scholar*)
    Tematica: Analisi del contributo della pathway di segnalazione istaminergica nella neurodegenerazione della SLA e valutazione funzionale di un suo potenziale ruolo come target farmacologico per il trattamento della SLA, in modelli neuronali *in vitro* (colture primarie arricchite con motoneuroni) ed *in vivo* (topi transgenici SOD1G93A).
    Ruolo: Caratterizzazione molecolare mediante analisi multi-omica (CNV, espressione, SNP) di geni correlati al *signalling* istaminergico in pazienti SLA e comparazione con il modello animale SOD1G93A.

30. "*Cx26 partial loss causes accelerated presbycusis by redox imbalance and dysregulation of Nfr2 pathway*". Fetoni AR, Zorzi V, Paciello F, Ziraldo G, Peres C, Raspa M, Scavizzi F, Salvatore AM, Crispino G, Tognola G, Gentile G, Spampinato AG, Cuccaro D, Guarnaccia M, **Morello G.,** Van Camp G, Fransen E, Brumat M, Girotto G, Paludetti G, Gasparini P, Cavallaro S, Mammano F., *Redox Biology*, (**2018**).

    I.F. (2018): 7.793; Numero di citazioni: 58 (*Fonte: Google Scholar*)
    Tematica: Analisi profili di espressione di modelli murini carattterizzati da deficit di connessina 26, responsabile della forma più comune di sordità congenita non sindromica a trasmissione autosomica recessiva.
    Ruolo: Analisi molecolare e funzionale dei dati ottenuti e revisione del manoscritto.

31. "*Taxonomy meets neurology, the case of amyotrophic lateral sclerosis*". **Morello G.,** Spampinato A.G., Conforti F.C., Cavallaro S., *Frontiers in Neuroscience*, (**2018**).

    I.F. (2018): 3.648. Numero di citazioni: 3 (*Fonte: Google Scholar*)
    Tematica: Aggiornamento scientifico relativo alla definizione di una tassonomia molecolare per una patologia neurologica, quale la SLA, attraverso l'identificazione di sottogruppi di pazienti caratterizzati da specifiche firme molecolari, nell'ottica dello sviluppo di una medicina personalizzata in ambito neurologico.
    Ruolo: Approfondimento tematica e stesura del manoscritto.

32. "*Molecular mechanisms involved in the protective effect of PACAP in an in vitro model of ALS*". Maugeri G., D'Amico A.G., Rasà D.M., Federico C., Saccone S., **Morello G.,** La Cognata V., Cavallaro S. and D'Agata V., *Journal of Cellular Physiology*, (**2018**).

    I.F. (2017): 3.923; Numero di citazioni:31 (*Fonte: Scopus*)
    Tematica: Caratterizzazione funzionale in modelli moto-neuronali *in vitro* dell'asse PACAP/ EGFR/MMP-2 come potenziale target farmacologico per il trattamento della SLA.
    Ruolo: Identificazione target farmacologico e relativa cascata molecolare di regolazione. Revisione del manoscritto.

33. "*NeuroArray: A Customized aCGH for the Analysis of Copy Number Variations in Neurological Disorders*". La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., Cavalcanti F., Cittadella R., Conforti F.L., De Marco E.V., Magariello A., Muglia M., Patitucci A., Spadafora P., D'Agata V., Ruggieri M., Cavallaro S. *Current Genomics* (**2018**).

    I.F. (2017): 2.172; Numero di citazioni: 4 (*Fonte: Google Scholar*)
    Tematica: Follow-up relativo alla elaborazione, disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate (CNV) nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la SLA, con una risoluzione pari ai singoli esoni.
    Ruolo: Disegno e implementazione aCGH customizzato. Elaborazione, analisi e interpretazione dati (analisi delle *pathway* e dei *network* di regolazione; interpretazione delle alterazioni genomiche identificate mediante approccio *systems biology*) Revisione del manoscritto.

34. "*Clinical features and genetic characterization of two dizygotic twins with C9orf72 expansion*". Conforti FL., Tortelli R., **Morello G.,** Capozzo R., Barulli MR., Cavallaro S., Logroscino G. *Neurobiol Aging*. (**2018**).

    I.F. (2017): 4.454; Numero di citazioni: 2 (*Fonte: Google Scholar*)
    Tematica: Caratterizzazione clinica, genetica ed epigenetica dettagliata di una coppia di gemelli dizigoti affetti da SLA, con particolare riferimento all'espansione patogenica del C9orf72, al fine di approfondire le conoscenze relative ai meccanismi patogenetici responsabili dell'insorgenza e degenerazione neuronale nella SLA.
    Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

35. "*Histamine Regulates the Inflammatory Profile of SOD1-G93A Microglia and the Histaminergic System Is Dysregulated in Amyotrophic Lateral Sclerosis*". Apolloni S., Fabbrizio P., Amadio S.; Napoli G., **Morello G.,** Iemmolo R.; Aronica E., Cavallaro S, Volonte C. *Front Immunol.* (**2017**).

    I.F. (2017): 5.511. Numero di citazioni: 46 (*Fonte: Google Scholar*)

Tematica: Caratterizzazione *in vivo* dell'espressione e dei meccanismi di regolazione funzionale del sistema istaminergico nella patogenesi della SLA e come potenziale target farmacologico per il trattamento di questa patologia neurodegenerativa.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Revisione del manoscritto.

36. "*Neuroinflammation and ALS: Transcriptomic Insights into Molecular Disease Mechanisms and Therapeutic Targets*". **Morello G.,** Spampinato A.G., Cavallaro S. *Mediators of Inflammation* (**2017**).

I.F. (2017): 3.549; Numero di citazioni: 43 (*Fonte: Google Scholar*).
Tematica: Caratterizzazione dei profili trascrizionali di corteccia motoria di pazienti con SLA di tipo sporadico, con particolare riferimento alle alterazioni riguardanti processi immunologici e neuroinfiammatori.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati (analisi trascrittomica mediante tecnologia expression array; analisi delle pathway e dei network di regolazione; predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici). Stesura e sottomissione del manoscritto.

37. "*Molecular taxonomy of sporadic amyotrophic lateral sclerosis using disease–associated genes*". **Morello G.,** Spampinato A.G., Cavallaro S. *Front. Neurol*. (**2017**).

I.F. (2017): 3.508; Numero di citazioni: 15 (*Fonte Google Scholar*).
Tematica: Analisi trascrittomica di campioni *post-mortem* di corteccia motoria di pazienti SLA per l'identificazione di meccanismi ezio-patogenetici e potenziali marker genetici e molecolari comuni alla SLA di tipo familiare e sporadica.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati (analisi trascrittomica mediante tecnologia expression array; analisi delle pathway e dei network di regolazione; predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici). Stesura del manoscritto.

38. "*Copy Number Variations in Amyotrophic Lateral Sclerosis: Piecing the Mosaic Tiles Together through a Systems Biology Approach*". **Morello G.**, Guarnaccia M., Spampinato A.G., La Cognata V., D'Agata V., Cavallaro S. *Mol Neurobiol.* (**2017**).

I.F. (2017): 5.076; Numero di citazioni: 19 (*Fonte: Google Scholar*).
Tematica: Approfondimento tematico sulle principali banche dati per la caratterizzazione e classificazione delle variazioni strutturali genomiche (CNV), focalizzando l'analisi sulle alterazioni CNV riportate in pazienti SLA, al fine di individuare i processi biologi e le cascate di trascrizione principalmente coinvolte nella patologia.
Ruolo: Raccolta e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

39. "*Selection and Prioritization of Candidate Drug Targets for Amyotrophic Lateral Sclerosis Through a Meta-Analysis Approach*". **Morello G,** Spampinato AG, Conforti FL, D'Agata V, Cavallaro S. *J Mol Neurosci*. (**2017**).

I.F. (2017): 2.454; Numero di citazioni: 21 (*Fonte: Google Scholar*).
Tematica: Analisi integrata di profili trascrizionali di corteccia motoria di pazienti con SLA di tipo sporadico e modelli *in vivo* per la SLA, al fine di identificare e prioritizzare nuovi potenziali target farmacologici per il trattamento di questa patologia.
Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati (meta-analisi dati trascrittomici, analisi delle pathway e dei network di regolazione; predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici). Stesura, revisione e sottomissione del manoscritto.

40. "*Copy number variability in Parkinson's disease: assembling the puzzle through a systems biology approach*". La Cognata V., **Morello G.,** D'Agata V. and Cavallaro S. *Hum Genet* (**2017**).

I.F. (2017): 3.390; Numero di citazioni: 61 (*Fonte: Google Scholar*).
Temnatica: Approfondimento tematico sul ruolo patogenetico di alterazioni cromosomiche strutturali nel processo neurodegenerativo tipo della malattia di Parkinson, al fine di individuare i complessi processi biologi e le cascate di trascrizione principalmente coinvolte nella loro insorgenza e progressiva degenerazione neuronale.
Ruolo: Revisione del manoscritto.

41. "*A customized high-resolution array-comparative genomic hybridization to explore copy number variations in Parkinson's disease*". La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., D'Agata V., Criscuolo C., Cavalcanti F. and Cavallaro S. *Neurogenetics* (**2016**).

I.F. (2017): 3.090; Numero di citazioni: 12 (*Fonte: Google Scholar*).
Tematica: Disegno, sviluppo e validazione di una piattaforma aCGH "customizzata" per l'analisi di mutazioni strutturali sbilanciate nei principali geni associati a patologie di interesse neurologico, inclusa la malattia di Parkinson.
Ruolo: Progettazione e disegno vetrino custom aCGH. Revisione del manoscritto.

42. "*Molecular taxonomy: use of transcriptional profiles to identify different ALS subtypes*". **Morello G.**, Conforti F.L., Spampinato A.G. and Cavallaro S. (**2016**). Chapter of book "Novel Aspects of Amyotrophic Lateral Sclerosis". Publisher: InTech.

    Tematica: Definizione di una tassonomia molecolare per la SLA, attraverso l'identificazione di sottogruppi di pazienti caratterizzati da specifiche firme molecolari, nell'ottica dello sviluppo di una medicina personalizzata in ambito neurologico.
    Ruolo: Raccolta e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

43. "*Molecular classification of amyotrophic lateral sclerosis by unsupervised clustering of gene expression in motor cortex*", Aronica E., Baas F., Iyer A., ten Asbroek A. L., **Morello G.** and Cavallaro S. *Neurobiol Dis* (**2015**).

    I.F. (2017): 5.277; Numero di citazioni: 75 (*Fonte: Google Scholar*).
    Tematica: Analisi trascrittomica di campioni *post-mortem* di corteccia motoria di pazienti con SLA di tipo sporadico e definizione di una tassonomia molecolare per la SLA, attraverso l'identificazione di sottogruppi di pazienti caratterizzati da specifiche firme molecolari, nell'ottica dello sviluppo di una medicina personalizzata in ambito neurologico.
    Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati (analisi dati trascrittomici, analisi delle pathway e dei network di regolazione; predizione funzionale *in silico* di potenziali biomarcatori e target farmacologici). Contributo alla stesura del manoscritto.

44. "*Transcriptional analysis reveals distinct subtypes in amyotrophic lateral sclerosis: implications for personalized therapy*" **Morello G.** and Cavallaro S. *Future Med Chem* (**2015**).

    I.F. (2017): 3.969; Numero di citazioni: 16 (*Fonte: Google Scholar*).
    Tematica: Identificazione e prioritizzazione di nuovi potenziali target farmacologici per il trattamento della SLA mediante approcci di systems biology.
    Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

45. "*Selection of Potential Pharmacological Targets in ALS Based on Whole- Genome Expression Profiling*" **Morello G.**, Conforti F. L., Parenti R., D'Agata V. and Cavallaro S. *Curr Med Chem* (**2015**).

    I.F. (2017): 3.469; Numero di citazioni: 11 (*Fonte: Google Scholar*).
    Tematica: Identificazione e prioritizzazione di nuovi potenziali target farmacologici per il trattamento della SLA mediante approcci di systems biology.
    Ruolo: Elaborazione, analisi e interpretazione dati. Stesura del manoscritto.

46. "*Biomarkers: Towards the Dream of Personalized Medicine*" **Morello G**; Gentile G; Cavallaro S. *Jacobs Journal of Biomarkers* Jacobs Publishers (**2014**).

    Tematica: Approfondimento scientifico sull'evoluzione della medicina molecolare che, unita alla scoperta e all'applicazione clinica di nuovi biomarcatori, contribuirà all'obiettivo realizzativo di una diagnosi e terapia individualizzata e personalizzata per ogni singolo paziente.
    Ruolo: Stesura e sottomissione del manoscritto.

47. "*Scienze "omiche" e biologia dei sistemi complessi: applicazioni in neurologia pediatrica*", Ruggeri M., Salpietro V., La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., Concolino D., Polizzi A., Cavallaro S. (**2014**). Neurologia Pediatrica.

    Tematica: Approfondimento scientifico sull' utilizzo di tecnologie omiche ed approcci integrativi per l'analisi dei complessi meccanismi patogenetici alla base di patologie neurologiche, con particolare riferimento a quelle di interesse pediatrico, e loro pratica applicazione in clinica.

Poster/Presentazioni Orali:

1. **Presentazione del seminario/workshop**: "*Analisi, integrazione ed interpretazione di dati omici mediante approcci di systems biology*"- nell'ambito dei Seminari Integrativi del corso di Lauruea Magistrale in Ingegneria Informatica e dl corso di Laurea in Biologia Computazionale, Genomica e Proteomica- Università della Calabria- Seminario Online -13,15 Dicembre 2021.

2. **Talk presentation:** "*La biologia dei sistemi nello studio della neurodegenerazione: dall'analisi omica alla terapia mirata*". I° Retreat Irib Cnr 2021. 27 – 28 Aprile 2021. Online

3. **Abstract:** "*Le Neuroscienze, una disciplina da diffondere e comunicare: l'esperienza di IRIB-CT*". Cali C., Cavallaro S., Corsino A., D'Antoni S., D'angelo M.P., Distefano A., Guarnaccia M., La Cognata V., Marino F., Parano F., **Morello G**., Rodolico M., Spatuzza M., Catania M.V. Retreat Irib Cnr 2021. 27 – 28 Aprile 2021. Online

4. **Talk presentation**: "*Integrative multi-omic analysis identifies new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS*". Convegno "New perspectives in Neurosciences: Research Results of Young Italian Neuroscientists" - National Meeting of PhD students in Neuroscience (SINS). 29 – 30 September 2020

5. **Presentazione del seminario/workshop**: "*Analisi, integrazione ed interpretazione di dati omici mediante approcci di systems biology*"- nell'ambito dei Seminari Integrativi del corso di Lauruea Magistrale in Ingegneria Informatica e dl corso di Laurea in Biologia Computazionale, Genomica e Proteomica- Università della Calabria- Rende (CS)-5,6 Dicembre 2019

6. **Talk presentation**: "*Ruolo della genomica nella diagnosi di malattie rare*". Convegno "Percorsi pediatrici – Simeto Etna 2019", Catania, 4 Maggio 2019

7. "A genomic screening platform highlighting differences and overlaps in neurodegenerative diseases", G. Gentile, V. La Cognata, **G. Morello**, M. Guarnaccia, A. G. Spampi- nato, S. Cavallaro Progetto di interesse "Invecchiamento" Convegno Finale, CNR, 11 June 2019, Roma

8. **Talk presentation**: "Application of human iPSC-derived motor neurons for the development of personalized treatments of ALS patients – iPSCforTreatALS". Convegno Finale "Precision Medicine - Progetto Bandiera InterOmics", Roma, 29-30 Ottobre 2018.

9. *Integrative multi-omic analysis identify new drivers and pathways in molecularly distinct subtypes of ALS*". **Morello G.,** Spampinato A.G., Guarnaccia M., Salomone S, D'Agata V, Conforti F.L., Aronica E., Cavallaro S. (2018) in EMBO Workshop - From Epigenome towards Epitranscriptome in Cell Fate Choice, 14-17 Ottobre 2018 Capri (NA).

10. *"High-resolution genomic analysis of an amyotrophic lateral sclerosis case in a large spinocerebellar ataxia type 1 family"* **Morello G.,** Guarnaccia M., Citrigno L., La Bella V., Cavallaro S., Conforti F.L. XXI Congresso Nazionale Società Italiana Genetica Umana (SIGU), 25-27 Ottobre 2018, Catania.

11. "*Modulation of histaminergic signaling in ALS*" Apolloni S., Fabbrizio P., Amadio S., Napoli G., Verdile V., **Morello G.,** Iemmolo R., Aronica E., Cavallaro S. and Volonté C., FOCUS SLA, Simposio AriSLA, 27-29 Settembre 2018, Palazzo della Merdiana, Genova.

12. *"Role of PACAP/EGFR/MMP-2 axis in an in vitro model of amyotrophic lateral sclerosis"* Maugeri G., D'Amico A.G., Rasà D.M., Cavallaro S., La Cognata V., **Morello G**., Saccone S., Federico C., D'Agata V. Society for Neuroscience 2018 Annual Meeting, San Diego, November 3-7, 2018.

13. "*Molecular taxonomy of sporadic amyotrophic lateral sclerosis using disease-associated genes*". **Morello G.,** Spampinato A. G., La Cognata V., D'Agata V. and Cavallaro S. Society for Neuroscience 2017 Annual Meeting, Washington D.C., 11-15 Novembre 2017, Washington DC.

14. "*Una piattaforma array CGH custom per l'identificazione di CNV in pazienti affetti da Sindromi Neurocutanee ed altri disordini neurologici: validazione della regione d'interesse per la Neurofibromatosi di tipo 1*". Gentile G., La Cognata V., **Morello G.**, Muglia M., Magariello A., Patitucci A., Ruggieri M., Cavallaro S., XIX Congresso Nazionale SIGU, Torino 23 - 26 Novembre 2016

15. "*Selection and prioritization of candidate drug targets for amyotrophic lateral sclerosis through a meta-analysis approach*". **Morello G.,** Spampinato A.G., Conforti F.L., D'Agata V. and Cavallaro S. Society for Neuroscience 2016 Annual Meeting, San Diego, November 11-17, 2016

16. "*A customized Comparative Genomic Hybridization array for the analysis of Copy Number Variations and exon-dosage anomalies in neurological disorders*". La Cognata V., **Morello G.,** Gentile G., D'Agata V., Cavallaro S. Society for Neuroscience 2016 Annual Meeting, San Diego, November 11-17, 2016

17. "*Un approccio genomico per l'identificazione e la selezione di nuovi potenziali target farmacologici per la sclerosi laterale amiotrofica*", **Morello G**, Spampinato A. G., Conforti F.L., D'Agata V., Cavallaro S., 56° CONGRESSO NAZIONALE SNO CATANIA, 18-21 MAGGIO 2016 – **Third best poster**

18. *"Classificazione molecolare di pazienti affetti da sclerosi laterale amiotrofica attraverso l'analisi ed integrazione di dati multi-omici"*, Spampinato A. G., **Morello G.,** Cavallaro S., 56° CONGRESSO NAZIONALE SNO CATANIA, 18-21 MAGGIO 2016.

19. "*NeuroArray: a customized Comparative Genomic Hybridization array for the analysis of Copy Number Variations in neurological disorders*", La Cognata V., **Morello G.**, Gentile G., D'Agata V., Drago F., Cavallaro S.. 13th Summer School of Neuroscience 2015 – Cognition, the target -International PhD Program in Neuroscience, University of Catania, Italy – 11/17 July 2015.

20. "*Molecular classification of amyotrophic lateral sclerosis by unsupervised clustering of gene expression in motor cortex*", Aronica, E., F. Baas, A. Iyer, A. L. ten Asbroek, **G. Morello** and S. Cavallaro, Society for Neuroscience 2015 Annual Meeting, Chicago, 17-21 October 2015.

SUPPORTO ALLE ATTIVITÀ PROGETTUALI

2022

1. Contributo alla stesura del progetto "**Cracking the neuronal death code**". PRIN PNRR 2022
2. Contributo alla stesura del progetto "***PAC1R activation as a candidate therapeutic strategy against ALS***". PRIN 2022

2021

3. Contributo alla stesura del progetto "***Evaluating CXCR2 as a potential therapeutic target in iPSC-derived motor neurons from ALS patients***". Full Grant Arisla 2021

2019

3. Contributo alla stesura del progetto "***Modulating sonic hedgehog signalling to slow down ALS progression***". Full Grant Arisla 2019
4. Collaborazione scientifica alla stesura del progetto "***Preclinical assesment of the therapeutic potential of reparixin for ALS***". Full Grant Arisla 2019
5. Stesura del progetto "***Integrative multi-omics profiling in als: toward precision medicine***". Pilot Grant Arisla 2019.
6. Contributo alla stesura del progetto "***Dissecting the role of C9orf72 in the pathogenic pathway to motor neuron degeneration in ALS***"- PRIN 2018
7. Collaborazione scientifica alla stesura del progetto "***Assessment of reparixin pharmacological effects for personalized ALS treatments***". Full Grant Arisla 2018 e The Amyotrophic Lateral Sclerosis Association TREAT ALS™
8. Collaborazione scientifica alla stesura del progetto "***Dissecting the molecular determinants of the disease progression in amyotrophic lateral sclerosis: the role of cellular stress, autophagy and miRNA***" _Progetto finalizzato 2018
9. "***Application of human iPSC-derived motor neurons for the development of personalized treatments of ALS patients***"- InterOmics 2017-2th Call for Proposal "Cell-based Omics for research applications in precision medicine, **Finanziato**
   Ruolo: Collaborazione scientifica alla stesura del progetto di ricerca e partecipazione all'unità di ricerca coordinata dal Dott. Sebastiano Cavallaro (ISN_CNR).
10. Partecipazione all'unità di ricerca coordinata dal Dott. Sebastiano Cavallaro (ISN_CNR) all'interno di un progetto di collaborazione con il Laboratorio di Igiene Abientale e degli Alimenti (LIAA) dell'Università di Catania per la tematica "Impatto fattori ambientali ed inquinanti nello sviluppo di patologie neurodegnerative, inclusa la SLA". (2018)

2017

11. Partecipazione alla stesura del progetto "*Aula per la diagnostica e la riabilitazione funzionale di disturbi cognitivi e motori mediante l'utilizzo di realtà virtuale e realtà aumentata*". POR FESR Sicilia 2014/2020
12. Partecipazione alla stesura del progetto "*Sviluppo e messa a punto di un sistema informatico che consenta di digitalizzare l'intero processo di analisi biomolecolare (estrazione, sequenziamento ed analisi dei risultati sullo studio del DNA) sia per l'attività diagnostica che per la ricerca scientifica*." POR FESR Sicilia 2014/2020
13. Predisposizione della documentazione tecnico/scientifica necessaria alla stesura del progetto "***Integrative multi-omics profiling in ALS: toward precision medicine***" - Pilot Grant-Arisla 2017
14. Predisposizione della documentazione tecnico/scientifica necessaria alla stesura del progetto "***Preclinical validation of potential drug targets for personalized treatments of ALS patients***"_sottomesso ai Grant finanziati da Arisla 2017, e dalle associazioni internazionali The Amyotrophic Lateral Sclerosis Association TREAT ALS™ e Muscular Dystrophy Association

15. Predisposizione della documentazione tecnico/scientifica necessaria alla stesura del progetto *"Life Analytics, human centric platform per la salute ed il benessere dell'uomo"*- "Horizon 2020– PON 2014/2020" (Partner Unit_ISN) **Finanziato**
16. Contributo alla stesura del progetto e partecipazione all'unità di ricerca coordinata dal Dott. Sebastiano Cavallaro (ISN_CNR) per un progetto di collaborazione con l'Istituto di Biologia Cellulare e Neurobiologia (IBCN-CNR) relativo all'impiego degli animali in sperimentazione ai sensi dell'art. 31 del decreto legislativo 26/2014 dal titolo *"**Validazione di nuovi potenziali drug-target nella terapia della SLA**"* **approvato dal Ministero della Salute**.

2016

17. Predisposizione della documentazione tecnico/scientifica necessaria alla stesura del progetto *"**Identification of new molecular biomarkers and drug targets in ALS through genomic analysis of deregulated genes and pathways**"*- Pilot Grant-Arisla 2016
18. Contributo alla stesura del progetto*"**Cerebral PLASTICITy in ALS: a Genetic, Neuroimaging and Transcranial Magnetic Stimulation study**"*_Full Grant_Arisla 2016 (Partner Unit_ISN)
19. Contributo alla stesura del progetto e partecipazione all'unità di ricerca coordinata dal Dott. Sebastiano Cavallaro (ISN_CNR) per il progetto *"**Modulating the CNS histaminergic system to cope with the multi-systemic nature of amyotrophic lateral sclerosis: meta-analysis in sporadic ALS patients, preclinical trials in SOD1-G93A mouse model and mechanistic dissection in motor neurons and glial cells.**"*- Finalizzato 2016

2015

20. Contributo alla stesura del progetto *"**The presymptomatic stage of amyotrophic lateral sclerosis: a clinical, biological and genomic approach**"*- PRIN 2015
21. Partecipazione al bando sulle Malattie Neurodegenerative co-finanziato dalla Commissione Europea JPcoFuND 2015 "A call for European research projects on neurodegenerative diseases: risk and protective factors, longitudinal cohort approaches and advanced experimental models", con il progetto dal titolo "***Cracking the Apoptosis Code in the Neurodegenerative Diseases***". Per la partecipazione al progetto è stato istituito un consorzio tra l'ISN-CNR e gli atenei di Catania (Coordinatore), Nicolaus Copernicus di Torun (Polonia) e quello inglese di Newcastle.
22. Partecipazione al bando "GSK Discovery Fast Track Challenge 2015" per la richiesta di una partnership con la GlaxoSmithKline (GSK) in collaborazione con l'Università di Catania.

2014

23. Partecipazione alla stesura del progetto *"**Therapy development in ALS based on a genomic approach**"*- Sanofi e Genzyme-2014
24. Partecipazione alla stesura del progetto *"**GENOMIC APPROACH FOR DRUG DISCOVERY IN ALS**"*- Arisla-2014
25. Partecipazione al progetto *"**Validazione di nuovi potenziali drug-target nella terapia della SLA**"* in collaborazione con il "COMITATO ISTITUZIONALE per la BUONA SPERIMENTAZIONE ANIMALE" dell'Università degli Studi di Catania- **approvato dal Ministero della Salute**
26. Partecipazione alla stesura del progetto *"**From gene to therapy in Amyotrophic Lateral Sclerosis: focus on endothelin system**."* - Progetto Finalizzato (GR Ordinary) – 2014

SUPPORTO ALLE ATTIVITÀ DI TERZA MISSIONE

- Attività di supporto all'organizzazione di attività in merito all'evento "***Sharper Night - La Notte Europea dei Ricercatori***":
  - Edizione 2021: "*Noi siamo natura: come l'ambiente interagisce con i nostri geni*". 24 Settembre 2021. Città della Scienza, Catania
  - Edizione 2018: "*Il cervello: un mondo tutto da scoprire*". 28 Settembre 2018 – Città della Scienza, Catania

- Attività di supporto all'organizzazione delle ***Olimpiadi delle Neuroscienze***:
  - Edizione 2022: Finale regionale. 18 Marzo 2022. Catania

Catania, 19 Dicembre 2023

- Edizione 2019: Finale regionale. 16 Marzo 2019. Catania
- Edizione 2018: Finale nazionale. 4 e 5 maggio 2018. Catania

- Attività di supporto all'organizzazione di attività in merito all'evento "***European Biotech Week***":
  - Edizione 2021: Neuroscienze traslazionali; dal 27 al 30 settembre 2021, Catania
  - Edizione 2019: Dalla ricerca all'Innovazione biotecnologica: Progetti e idee in medicina; 26 Settembre 2019, Catania
  - Edizione 2017: Ricerca e biotecnologie in campo medico: *Dalla diagnosi alla cura: la sfida della medicina personalizzata per le malattie neurologiche*; 29 Settembre 2017, Catania

- Presentazione del seminario "*La rivoluzione genomica e l'impatto sulla medicina moderna*" nell'ambito del progetto formativo "Ricerca ed Innovazione per il futuro delle Scienze Biomediche" in allegato a Convenzione per Alternanza Scuola Lavoro IRIB e Liceo Scientifico Leonardo di Giarre. 15 aprile 2021 (evento online)

- Attività di supporto per l'ideazione, esecuzione e stesura di tesi di laurea di studenti universitari/tirocinanti afferenti all'Istituto per la Ricerca e l'Innovazione Biomedica (IRIB) UOS di Catania- Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR)

ALTRE INFORMAZIONI

Partecipazione a seminari, corsi e conferenze

- **4-5 Aprile 2022**
  Conferenza del Dipartimento di Scienze Biomediche, CNR, *Target discovery for unmet medical needs and precision/personalized medicine*

- **16 Marzo 2022**
  Evento informativo sul bando Prin 2022 MUR, Ufficio Programmazione e Grant Office del CNR

- **Aprile 2021**
  Corso di Statistica per le Applicazioni Biomediche (20 ore) – CLAUDIA ANGELINI E ITALIA DE FEIS

- **14 Aprile 2021**
  Training tecnico per l'utilizzo del sequenziatore *Seqstudio®* . Dr. Christian Rinaldi. IRIB-CNR, Catania

- **27 Gennaio 2021**
  Training tecnico per l'utilizzo dell'estrattore automatico QiaCube®. Specialist Francesco Fradale. IRIB-CNR, Catania

- **Ottobre 2020 – ad oggi_ Seminari di Istituto IRIB**
  - 08/10/2020, *Introduzione ai modelli matematici stocastici*, Dr. Alessandro Borri
  - 15/10/2020, *Modelli stocastici a stato discreto: la Master Equation*, Dr. Alessandro Borri
  - 22/09/2020, *Simulazione di Modelli stocastici*, Dr. Alessandro Borri
  - 10/11/2020, *Dall'oasi accademica alla realtà di una start-up*, Prof. Marco Sciandrone
  - 03/12/2020, *VQR 2015-2019: sintesi e novità*, Dr. G. Tartarisco, A. Lo Bue, R.Russo
  - 01/02/2021, *To transfer or not to transfer: is that the question?*, Dr. Paolo Colombo
  - 23/02/2021, *Reconstitution of a functional human thymus by progenitor cells and natural whole-organ scaffolds*, Dr. Paola Bonfanti
  - 09/03/2021, *Neuroscienze Traslazionali*, Dr. Antonio Cerasa
  - 07/04/2021, *How macrophages respond to environmental pollutants: cell-cell communication*, Dr. Valeria Longo
  - 05/05/2021, *Carbohydrate-Mediated "Innate" Considerations in Designing Vaccine-Candidates*, Dr. Fabrizio Chiodo
  - 09/06/2021, *Agenti sociali artificiali e disturbi del neurosviluppo*, Dr. Salvatore Maria Anzalone
  - 29/06/2021, *Applicazioni della Spettrometria di Massa in Epigenetica*, Dr. Antonio Qualtieri
  - 20/07/2021, *A role for skeletal muscle stearoyl-CoA desaturase 1 in the adipose-specific control of thermogenesis*, Dr. Davide Mainieri.

- 21/09/2021, *Comorbidities Neurodiversity and the body in Neurodevelopment. The case of Autism as a Paradigm Shift*, Dr. David Vagni
- 19/10/2021, *Identification of neuroprotective genes and drugs using a new C. elegans SMA mode*, Dr. Elia Di Schiavi
- 11/11/2021, *Activity-dependent modulation of NMDA receptors by endogenous zinc shapes dendritic function in cortical neurons*, Dr. Annunziato Morabito
- 23/11/2021, *Functional Interaction Between Vascular Filopodia and Neural Stem Cells in the Developing Brain*, Dr. Barbara Di Marco
- 02/12/2021, *Un progetto pilota per la validazione tecnologica: una infrastruttura a rete dalla scoperta scientifica e tecnologica alla ricerca al letto del paziente*, Dr. Francesco Curcio
- 06/12/2021, *Trasferimento tecnologico e Scienze Regolatorie per la valorizzazione dei risultati scientifici della ricerca pubblica e privata nelle Life Science*, Dr. Pasquale Pierimarchi e Dr. Gianluca Sferrazza
- 21/12/2021, *Sindrome del cromosoma X Fragile: aspetti neurobiologici, strategie farmacologiche e implicazioni per i disordini dello spettro dell'autismo*, Dr. Maria Vincenza Catania
- 13/01/2022, *Decoding the Wnt-beta-catenin circuitry in liver zonation and regeneration*, Prof. Satdarshan Paul
- 16/02/2022, *Ingegneria Chimica e dispositive biomedici: un connubio vincente*, Prof. Vincenzo Piemontese
- 26/04/2022, *Gruppo trasferimento tecnologico, risultati raggiunti e prospettive future*, Dr. Paolo Colombo
- 10/05/2022, *Pseudoisole come modello per lo studio del diabete mellito*, Dr.ssa Monica Salamone
- 24/05/2022, *Heterochromatin-nuclear lamina interactions regulate cell fate plasticity during skeletal muscle repair*, Dr.ssa Chiara Mozzetta
- 30/05/2022, *Laboratorio 544: Sviluppo e Degenerazione*, Dr.ssa Marta Di Carlo
- 09/06/2022, *Forensic DNA Phenotyping*, Dott. Alberto Montesanto
- 30/06/2022, *Post-transcriptional regulation of angiogenesis in development and cancer*, Dr.ssa Claudia Ghigna
- 15/09/2022, *Discovering host protein interactions specific for SARS-CoV-2 RNA genome*, Dr. Roberto Giambruno
- 13/10/2022, *Understanding Parkin-mediated Cell Death*, Dr. Luigi Mari

- **19 Maggio 2020**
  Partecipazione al webinar tecnico "*GenetiSure Cyto CGH and CGH-SNP Microarray: la nuova piattaforma per l'analisi pre e post-natale*".

- **29 – 30 September 2020**
  Convegno *"New perspectives in Neurosciences: Research Results of Young Italian Neuroscientists"* - National Meeting of PhD students in Neuroscience (SINS). *Online*

- **7 Febbraio 2020**
  Convegno "*Medicina di precisione e SLA: stato dell'arte e prospettive future*" – Università della Calabria, Rende (CS)

- **22-26 Luglio 2019**
  Partecipazione alla 17th International Summer School of Neuroscience- "*Neurogenetic and Neurogenomics*". Hotel Paradiso dell'Etna - Catania, Italy

- **4 Maggio 2019**
  Convegno "*Percorsi pediatrici – Simeto Etna 2019*", Catania.

- **29 Novembre 2018**
  "*Imaging psichiatrico dal feto all'età adulta: quali ricadute per la psicopatologia e l'outcome clinico?"- Lettura Magistrale di Paolo Brambilla della serie* "European Fontiers in Biomedical and Biotechnological Sciences". Torri biologiche, Catania.

- **27 Novembre 2018**
  "*The outer mitochondrial membrane: biogenesis and functions at the interface between the organelle and the cytosol*" Wokshop Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM)_Torri biologiche, Catania.

- **29-30 Ottobre 2018**
  Workshop InterOmics 2017 – *"Precision Medicine - Cell-based Omics for biomedical research applications"*. Roma

- **25-27 Ottobre 2018**
  XXI CONGRESSO NAZIONALE Società Italiana Genetica Umana (SIGU) e partecipazione ai simposi satellite: RIUNIONE CONGIUNTA GDL GENETICA CLINICA/MOLECOLARE ed EPIGENETICA.

- **14-17 Ottobre 2018**
  "*From epigenome towards epitranscriptome in cell fate choice*" EMBO Workshop. Capri, Italy

- **28 Settembre 2018**
  Partecipazione all'organizzazione di attività all'interno dell'evento "Sharper Night - La Notte Europea dei Ricercatori"- Catania

- **18-19 Settembre 2018**
  Partecipazione al training tecnico "*Bionformatic for Ion Torrent-Applied Biosystem*" per l'analisi bioinformatica di dati ottenuti mediante tecnologia NGS applicata allo studio degli esomi- Catania

- **16-20 Luglio 2018**
  Partecipazione alla terza edizione della Catania International Summer School of Neuroscience 2018 – "Synaptic function and dysfunction : new targets for brain diseases pharmacology"- Catania

- **5 Giugno 2018**
  "Pain mechanisms and the future of pain managment"- Lettura Magistrale del Prof. Allan Basbaum della serie "European Fontiers in Biomedical and Biotechnological Sciences". Torri biologiche, Catania.

- **4-5 Maggio 2018**
  Partecipazione all'organizzazione di attività all'interno dell'evento "Olimpiadi delle Neuroscienze 2018"- Catania

- **26 Gennaio 2018**
  "*Drug design for Monoamine Oxidases*"- Lettura Magistrale di Prof.ssa Rona Ramsay della serie "European Fontiers in Biomedical and Biotechnological Sciences". Torri biologiche, Catania.

- **18-19 Dicembre 2017**
  Workshop InterOmics 2017 – *"Precision Medicine - Cell-based Omics for biomedical research applications"*. Roma

- **11-15 Novembre 2017**
  Partecipazione al convegno annuale internazionale "Society for Neuroscience 2017", Washington D.C.

- **12 Luglio 2017**
  Partecipazione al training tecnico "*Bionformatic for Ion Torrent-Applied Biosystem*" per l'analisi bioinformatica di dati ottenuti mediante tecnologia NGS di pannelli diagnostici per le principali patologie neurologiche, inclusa la SLA- Mangone (Cosenza)

- **11-17 Novembre 2017**
  Partecipazione al convegno annuale internazionale "Society for Neuroscience 2016", San Diego.

- **18-21 Maggio 2016**
  56° CONGRESSO NAZIONALE SNO-Catania

- **26 Maggio 2016**
  "Dal singolo target ai pannelli di geni: Evoluzione delle terapie e delle tecnologie"- Catania

- **17-21 Ottobre 2015**
  Partecipazione al convegno annuale internazionale "Society for Neuroscience 2015" -Chicago.

- **28–30 Settembre 2015**
  5th Edition of the International School of Functional Genomics: "Computation as a driver of translational medicine"- Catania.

- **18-20 Giugno 2014**
  "*Advanced Molecular Systems BioMedicine And Complex Pathological Phenotypes",* The International School of Advanced Molecular and Systems Biomedicine – Catania

- **24 Maggio 2014**
  "*New advances in biology and medicine 2014*", I.E.ME.S.T. – Catania

- **19-20 Dicembre 2013**
  Training tecnico per l'utilizzo del software *Cytogenomics v2.7* presso il Centro di Genomica Funzionale, P.O. Vittorio Emanuele- Catania

Catania, 19 Dicembre 2023

- **3 Ottobre 2013**
  Simposio "*Using New Technologies to Study the Genetics of Disease*", Illumina, Sheraton Hotel, Catania
- **28-29 Maggio 2013**
  Corso teorico-pratico sull'utilizzo del sequenziatore *Applied Biosystem, ABI-Prism-310 Genetic Analyzer* presso il Centro di Genomica Funzionale, P.O. Vittorio Emanuele- Catania

Consapevole che, ai sensi dell'art.76 del DPR 445/2000, le dichiarazioni mendaci, la falsità negli atti e l'uso di atti falsi sono punite ai sensi del codice penale e delle leggi speciali vigenti in materia – AUTORIZZO - "Ai sensi della legge 675/96 e dell'art. 13 del D.Lgs 30 giugno 2003 n. 196", al trattamento dei dati personali contenuti nel presente curriculum per permettere un'adeguata valutazione della mia candidatura".

Firma

(*) ai sensi dell'art. 15, comma 1 della Legge 12/11/2011, n. 183 le certificazioni rilasciate dalla P.A. in ordine a stati, qualità personali e fatti sono valide e utilizzabili solo nei rapporti tra privati; nei rapporti con gli Organi della Pubblica Amministrazione e i gestori di pubblici servizi, i certificati sono sempre sostituiti dalle dichiarazioni sostitutive di certificazione o dall'atto di notorietà di cui agli artt. 46 e 47 del DPR 445/2000

N.B:
1) Datare e sottoscrivere tutte le pagine che compongono la dichiarazione.
2) Allegare alla dichiarazione la fotocopia di un documento di identità personale, in corso di validità.
3) Le informazioni fornite con la dichiarazione sostitutiva devono essere identificate correttamente con i singoli elementi di riferimento (esempio: data, protocollo, titolo pubblicazione ecc...).
4) Il CNR, ai sensi dell'art. 71 e per gli effetti degli artt. 75 e 76 del D.P.R. 445 del 28/12/2000 e successive modifiche ed integrazioni, effettua il controllo sulla veridicità delle dichiarazioni sostitutive.
5) La normativa sulle dichiarazioni sostitutive si applica ai cittadini italiani e dell'Unione Europea.
6) I cittadini di Stati non appartenenti all'Unione, regolarmente soggiornanti in Italia, possono utilizzare le dichiarazioni sostitutive di cui agli artt. 46 e 47 del D.P.R. 445 del 28.12.2000 limitatamente agli stati, alla qualità personali e ai fatti certificabili o attestabili da parte di soggetti pubblici italiani, fatte salve le speciali disposizioni contenute nelle leggi e nei regolamenti concernenti la disciplina dell'immigrazione e la condizione dello straniero. Al di fuori dei casi sopradetti, i cittadini di Stati non appartenenti all'Unione autorizzati a soggiornare nel territorio dello Stato possono utilizzare le dichiarazioni sostitutive nei casi in cui la produzione delle stesse avvenga in applicazione di convenzioni internazionali fra l'Italia e il Paese di provenienza del dichiarante.

Catania, 19 Dicembre 2023