

FORMATO EUROPEO
PER IL CURRICULUM
VITAE



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome

DEBORAH GIORDANO

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Date (da – a)

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

• Tipo di azienda o settore

• Tipo di impiego

• Principali mansioni e responsabilità

1/11/2024 – ad oggi

CNR-ISA Avellino

Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale

Assegno professionalizzante

Analisi computazionali:

Studi computazionali su proteine aventi un ruolo chiave nell'esofagite eosinofila ed in diverse patologie atopiche tramite modellamento delle loro varianti naturali e dei complessi proteina-recettore o proteina-anticorpo, analisi computazionali sui possibili effetti destabilizzanti e disfunzionali di tali mutazioni. Studi computazionali atti al modellamento di proteine glicosilate e alla definizione di nuovi siti di binding per molecole di interesse farmacologico. Studi di docking proteina-proteina atti all'identificazione di complessi molecolari implicati in specifici meccanismi di regolazione biologica.

- Date (da – a)

1/11/2023 – 31/10/2024

• Nome e indirizzo del datore di lavoro

• Tipo di azienda o settore

• Tipo di impiego

• Principali mansioni e responsabilità

CNR-ISA Avellino

Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale

Assegno post dottorale

Analisi computazionali:

Studi computazionali su proteine aventi un ruolo chiave nell'esofagite eosinofila, modellamento delle loro possibili varianti missenso ed analisi computazionali sul loro possibile impatto strutturale e funzionale. Studi computazionali atti alla caratterizzazione dei possibili target proteici, a struttura nota o predetta, del proteoma umano di composti derivanti da matrice alimentare, con particolare interesse alla valorizzazione degli scarti alimentari di lavorazione e alla valorizzazione di particolari colture, tramite l'impiego di predittori di docking inverso e validazione dei dati ottenuti tramite simulazioni di docking diretto. Analisi delle interazioni proteina-proteina e simulazioni inerenti formazione ed inibizione di complessi proteici funzionali

<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	1/11/2021-30/10/2023
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	CNR-ISA Avellino
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale</p> <p>Assegno post dottorale</p> <p>Analisi computazionali:</p> <p>Studi computazionali su sequenze proteiche e trascritti anche privi di caratterizzazione, analisi funzionali e strutturali tramite la ricerca di residui funzionali, motifs, pattern e domini di sequenza, modellamento proteico tramite ChimeraX AlphaFold e relativo perfezionamento tramite Modeller 9.22, valutazione e validazione dei modelli proteici predetti tramite specifici tools bioinformatici. Classificazione di sequenze tramite la costruzione di alberi filogenetici, mediante l'utilizzo di MEGA6.0. Caratterizzazione e studio delle interazioni tra proteine e specifici metaboliti/molecole bioattive di derivazione alimentare, tramite l'impiego di predittori quali GalaxySagittarius, SwissTargetPrediction, e relative simulazioni di docking molecolare tramite AutoDock. Predizioni di interazioni proteina – proteina tramite l'impiego di web server (HADDOCK, LzerD, RosettaDock).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	1/11/2020 – 31/10/2021
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	CNR-ISA Avellino
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale</p> <p>Assegno professionalizzante</p> <p>Analisi computazionali: ricerche in banche dati biologiche di informazioni su strutture proteiche (UniProt, PDB, NCBI-Protein database) e chimiche (PubChem, ZINC), analisi e selezione di strutture proteiche, identificazione e studio delle caratteristiche strutturali e conformazionali dei siti catalitici di specifiche proteine tramite Fpocket, MDpocket, POCASA 1.1, analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto sia focused che blind mediante l'uso di AutoDock e ADTools, modellamento di complessi peptide-proteina tramite Modeller 9.19, analisi computazionali delle interazioni peptide – proteina tramite PDBePISA, analisi computazionali delle interazioni proteina-proteina tramite PyMOL, PDBePISA e COCOMAPS.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	1/07/2019 – 30/06/2020
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	CNR-ISA Avellino
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale & Laboratory for Molecular Sensing</p> <p>Assegno professionalizzante</p> <p>Analisi computazionali: ricerche in banche dati biologiche e chimiche per studi in campo proteomico e metabolomico, analisi delle strutture proteiche, protein modelling tramite Modeller 9.19, analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto mediante l'uso di AutoDock and ADTools.</p> <p>Analisi sperimentalisti: Colture batteriche, estrazione DNA plasmidico e digestione con enzimi di restrizione, PCR ed analisi dei suoi prodotti con l'elettroforesi su gel di agarosio, induzione dell'espressione proteica, purificazione tramite cromatografia ed analisi dell'espressione di specifiche proteine tramite SDS-PAGE.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	6/11/2015 – 31/10/2018
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	Università degli Studi di Foggia – sede attività di lavoro CNR-ISA Avellino
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore • Tipo di impiego 	<p>Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale</p> <p>Lavoro di tesi di ricerca</p> <p>6mesi: da maggio 2017 a febbraio 2018 presso il Department of Biochemistry</p>

<ul style="list-style-type: none"> • Principali mansioni e responsabilità 	<p>dell'Università di Zurigo - Professor A. Caflish group - laboratory of computational and structural biology</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	<p>Analisi computazionali: Studi computazionali su sequenze proteiche attraverso allineamenti multipli di sequenze e analisi comparative mediante l'uso di Clustal Omega tool, ricerche di proteine omologhe tramite BLAST, ricerche in banche dati di sequenze proteiche, ricerca di motifs, patterns e domini proteici, protein modelling tramite Modeller 9.18, valutazione e validazione dei modelli creati tramite specifici tools bioinformatici. Analisi strutturale di proteine d'interesse attraverso studi di Dinamica Molecolare (attraverso GROMACS 5.0)</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	<p>Analisi sperimentalni: Colture batteriche, clonaggio di uno specifico vettore, preparazione di pre-inoculi, inoculi ed induzione dell'espressione proteica, purificazione delle proteine periplasmatiche attraverso shock osmotico, purificazione tramite DEAE, analisi dell'espressione di specifiche proteine tramite SDS-PAGE e Western blot</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore 	<p>Marzo 2015 - Luglio 2015</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di impiego 	<p>Dipartimento di Chimica e Biologia Università degli studi di Salerno</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Laboratorio di biochimica</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	<p>Contratto di prestazione autonoma occasionale</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	<p>Analisi sperimentalni: Colture cellulari, trattamenti cellulari con agenti antibiotici o antitumorali, analisi della citotossicità dei trattamenti mediante saggio MTT ed analisi degli effetti di tali agenti sulla proliferazione cellulare mediante saggi di entrata in fase S.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore 	<p>Analisi computazionali: Analisi computazionali delle interazioni proteina-ligando attraverso approcci di docking diretto mediante l'uso di AutoDock and ADTools, analisi delle strutture proteiche, ricerche in banche dati biologiche e chimiche.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di impiego 	<p>Aprile 2013 – Aprile 2014</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Università degli Studi di Salerno</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	<p>Laboratorio di biochimica</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	<p>Lavoro di tesi di ricerca</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore 	<p>Analisi sperimentalni: Colture cellulari, trattamenti cellulari con stimoli differenti e preparazione degli stessi, conte cellulari, quantizzazione proteica, preparazione di lisati cellulari, analisi dell'espressione di specifiche proteine mediante Western blot, analisi della tossicità dei trattamenti mediante saggio MTT, analisi della proliferazione cellulare mediante saggi di entrata in fase S, analisi della presenza di apoptosi mediante saggio caspasi-3 e saggio tunel su vetrini di sezione istologica, analisi del differenziamento cellulare tramite saggio fosfatasi, analisi dell'espressione genica tramite PCR ed elettroforesi su gel di agarosio.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di impiego 	<p>Analisi computazionali delle interazioni ligando proteina, mediante docking inverso effettuate tramite idTarget, analisi computazionali delle interazioni proteina ligando attraverso studi di docking diretto, mediante l'uso di AutoDock4.2. Analisi delle strutture proteiche, ricerche in banche dati biologiche (UniProt, PDB, KEGG) e in banche dati di strutture chimiche (PubChem).</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali mansioni e responsabilità 	<p>Settembre 2011– Novembre 2011 (durata 300 ore)</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) 	<p>AORN San Giuseppe Moscati, Contrada Amoretta, 83100 Avellino</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Nome e indirizzo del datore di lavoro 	<p>Laboratorio di analisi cliniche</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di azienda o settore 	<p>Tirocinio formativo</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Tipo di impiego 	<p>Accettazione, controllo della correttezza del prelievo (giusto livello in provetta e assenza di eventuali coaguli o microcoaguli), centrifuga dei campioni, analisi dei campioni attraverso esame emocromocitometrico ed esami biochimici, valutazione della</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Principali mansioni e responsabilità 	<p></p>

ESPERIENZA DIDATTICA

- Date (da – a)
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia d'incarico
 - Tipo di attività
- coagulazione sanguigna, emogasanalisi, analisi delle urine con cartina al tornasole.
-
- Date (da – a)
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia d'incarico
 - Tipo di attività
- Anno Accademico 2024/2025
Dipartimento di Scienze e Tecnologie dell'Università degli studi del Sannio
Incarico di docenza per il corso di laurea magistrale in Biotecnologie Genetiche e Molecolari
Docente per l'insegnamento di Ingegneria Proteica e Chimica delle Biomolecole-1°semB (durata: 38 ore- 5cfu)
-
- Date (da – a)
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia d'incarico
 - Tipo di attività
- Anno Accademico 2024/2025
Dipartimento di Chimica e Biologia Università degli studi di Salerno
Incarico di Supporto alle attività didattiche dell'insegnamento di Principi di Chimica Biologica.
Assistenza allo studio della biochimica agli studenti dei corsi di laurea in Chimica e in Scienze Ambientali (durata: 20 ore)
-
- Date (da – a)
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia d'incarico
 - Tipo di attività
- Anno Accademico 2024/2025
Biennale delle Arti e delle Scienze del Mediterraneo
Incarico di docente esterno presso l'ISS V. De Capraris di Atripalda (AV)
Docente esterno per il "percorso di tutoraggio per l'orientamento agli studi e alle carriere STEM" rivolto a studenti del terzo (4ore), quarto (24ore) e quinto anno (4ore) per un totale di 32 ore.
-
- Date (da – a)
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia e luogo dell'evento
 - Tipo di attività
- 2/09/2020 – 7/10/2020
Ordine nazionale dei biologi
Ciclo di lezioni di introduzione alla Genomica e Proteomica per biologi sperimentali
Docente per le lezioni: "PRIDE" e "Human Proteome", ed helper nell'ambito dell'intero corso teorico pratico svoltosi in modalità telematica (durata: 40 ore)
-
- Data
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipologia e luogo dell'evento
 - Tipo di attività
- 29/01/2019
Liceo Scientifico Mancini
Settimana scientifica presso il Samantha Della Porta (AV)
Seminario: "I nostri piccoli geni...breve viaggio nel DNA"
-
- Data
 - Nome del datore di lavoro
 - Tipo di attività
 - Tesi seguite
- 2017-2024
Università degli studi di Salerno
Cotutoraggio tesi di laurea magistrali e triennali
- Anno accademico: 2023/2024 Candidato: Valentina Pizza Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: IN SILICO AND IN CELLULO ANALYSIS OF PROHIBITIN-2 LIGANDS TO COUNTERACT THE EFFECTS OF THE CANCER-RELATED KINASE AURKA AT MITOCHONDRIA
 - Anno accademico: 2023/2024 Candidato: Giovanni Malafronte Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: RUOLO DEL BMAA NELLA PROGRESSIONE DELLE MALATTIE NEURODEGENERATIVE: POSSIBILI INTERAZIONI E MECCANISMI D'AZIONE
 - Anno accademico: 2023/2024 Candidato: Cristina Accardi Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO MOLECOLARE DELL'ATTIVITÀ ANTI-IPERCOLESTEROLEMICA DELLA BERBERINA SU DIVERSI TARGET PROTEICI DEL METABOLISMO LIPIDICO
 - Anno accademico: 2022/2023 Candidato: Simone Bonora Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: CLASSIFICAZIONE E

- CARATTERIZZAZIONE STRUTTURALE E FUNZIONALE DI LIPOSSIGENASI IN DIATOMEE
- Anno accademico: 2021/2022 Candidato: Roberta Longo Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLE CARATTERISTICHE STRUTTURALI E FUNZIONALI DI HAMLET, ALFA LATTOALBUMINA UMANA LETALE PER LE CELLULE TUMORALI
 - Anno accademico: 2021/2022 Candidato: Antonella Nigro Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLA POTENZIALE ATTIVITÀ BIOLOGICA DI SOSTANZE ESTRATTE DA ALIMENTI
 - Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Ilenia De Leo Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLA STRUTTURA DELLA PROTEINA NPR1 MEDIANTE METODI COMPUTAZIONALI E BIOINFORMATICI
 - Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Rosa Bottone Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: LA VARIABILITÀ DELLE MOLECOLE HLA-DQ E LE PATOLOGIE AUTOIMMUNI
 - Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Piera Maglio Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: STUDIO DELLA CARATTERISTICHE STRUTTURALI E FUNZIONALI DELLA PROTEINA TRIPTOFANO DECRABOSSILASI
 - Anno accademico: 2020/2021 Candidato: Rossella De Cicco Corso di laurea in **Magistrale Biologia** Titolo tesi: MODELLAMENTO DELLA STRUTTURA TRIDIMENSIONALE DELLA TRIPTOFANASI DA YERSINIA ENTEROCOLITICA
 - Anno accademico: 2019/2020 Candidato: Armando Amato Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: MICROBIOTA INTESTINALE: EVOLUZIONE DEI MICRORGANISMI E LORO IMPLICAZIONE NELLE MALATTIE
 - Anno accademico: 2018/2019 Candidato: Teresa Palumbo Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: L'ATTIVITÀ DEL GENOMA È REGOLATA DA SEGNI EPIGENETICI: IL RUOLO DELLA METILAZIONE
 - Anno accademico: 2018/2019 Candidato: Antonia D'Argenio Corso di **Laurea Magistrale in Biologia** Titolo tesi: ANALISI IN SILICO DEGLI EFFETTI DELLE MUTAZIONI SULLA STRUTTURA E LE FUNZIONI DELLA MENINA
 - Anno accademico: 2017/2018 Candidato: Matteo Delli Carri Corso di laurea in **Scienze Biologiche** Titolo tesi: UTILIZZO DELLE TRANSGLUTAMINASI MICROBICHE PER LA DETOSSIFICAZIONE DELLE FARINE DAL GLUTINE

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

- Tipo di attività
- Materie

Dicembre 2015 - oggi

Università degli studi di Salerno

Cultore Della Materia

Biochimica Avanzata (laurea magistrale in biologia)

Tecniche Omiche (laurea magistrale in biologia)

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

- Tipo di attività
- Materie

Dicembre 2015 – Novembre 2017

Università degli studi di Salerno

Cultore Della Materia

Metodologie Analitiche e Biomolecolari (laurea in scienze biologiche)

ISTRUZIONE E FORMAZIONE DIDATTICA

- Data

- Concorso sostenuto
- Qualifica conseguita

03/05/2023

Concorso ordinario STEM2022 classe A028

Abilitazione all'insegnamento per la classe A028

- Data

- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione

24/09/2018

Università degli studi di Foggia

<ul style="list-style-type: none"> • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita 	<p>A2 - pedagogia generale e dell'inclusione scolastica – 28/30 B2 - aspetti affettivi e relazionali nella gestione del gruppo classe – 30/30 C2 - approfondimenti dei concetti di cultura, etnie, generi e generazioni relativamente alle vecchie e nuove forme di razzismo, delle politiche e di riconoscimento, degli usi politici dell'etnicità e dell'appartenenza religiosa – 30/30 D1 - metodologie e tecnologie didattiche – 30/30</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Qualifica conseguita • Valutazione finale 	<p>Superamento del percorso formativo per l'acquisizione dei 24cfu di area antropo-psico-pedagogica e nelle metodologie didattiche (Pef24) Idoneo</p>
ISTRUZIONE E FORMAZIONE	
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Oggetto dello studio 	<p>6/11/2015-31/10/2018 Università degli Studi di Foggia</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data discussione esame finale • Titolo tesi • Qualifica conseguita • Valutazione finale 	<p>Dottorato di ricerca in “Innovazione e Management di Alimenti ad Elevata Valenza Salutistica” – ciclo XXXI 27/03/2019 <i>Transglutaminase, nutrition and human health</i> PhD in Health food Innovation and Management Eccellente</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Qualifica conseguita • Valutazione finale 	<p>20/02/2015 Università degli Studi del Sannio</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Date (da – a) • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita • Valutazione finale 	<p>Superamento degli esami di stato per l'abilitazione all'esercizio della professione di biologo (sezione A) Abilitato</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita • Valutazione finale 	<p>2012-2014 Università degli Studi di Salerno</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Biochimica avanzata (incluso proteomica ed interattomica) • bioinformatica (incluso microarray analysis) • tecnologie biomolecolari • biologia molecolare avanzata (incluso next-generation sequencing) • biochimica cellulare • immunologia e fisiopatologia • microbiologia molecolare • fisiologia del sistema nervoso • biologia dello sviluppo e della riproduzione • dietetica e prevenzione • fisiopatologia endocrina • farmacologia generale • controllo di qualità e gestione di impresa 	<p>29/30, 30/30 e Lode, 27/30, 30/30, 30/30, 30/30 e Lode, 29/30, 27/30, 30/30, 30/30, 30/30 e Lode, 27/30, 30/30.</p>
<ul style="list-style-type: none"> • Data discussione esame finale • Titolo tesi • Qualifica conseguita • Valutazione finale 	<p>28/05/2014 <i>Analisi degli effetti del 4-nonilfenolo in modelli cellulari umani mediante indagini sperimentali e computazionali</i> Laurea magistrale in Biologia 110/110 e Lode</p>

• Date (da – a)	2007-2011
• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione	Università degli Studi di Salerno
• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio e valutazione conseguita	Istituzioni di matematica I e II 22/30, Botanica 30/30, citologia e istologia 28/30, zoologia 29/30, chimica generale e inorganica 22/30, fisiologia vegetale 30/30, ecologia 28/30, fisica 23/30, biologia molecolare 30/30 e Lode, anatomia comparata 28/30, chimica organica 20/30, dermatologia 30/30, metodologie biochimiche 26/30, igiene 28/30, fisiologia II 30/30, tecniche dietetiche applicate 30/30, genetica 23/30, patologia generale 30/30, analisi biochimico cliniche 30/30 e Lode, idrologia 30/30, biochimica 27/30, fisiologia generale 30/30, chimica fisica 25/30, chimica analitica 28/30, principi di informatica 24/30, microbiologia 23/30.
• Data discussione esame finale	14/12/2011
• Titolo tesi	<i>L'impiego della tecnica dell'ibridazione in situ fluorescente nella diagnosi della sindrome di delezione 22q11.2</i>
• Qualifica conseguita	Laurea in Scienze Biologiche
• Valutazione finale	106/110
• Date (da – a)	2002-2007
• Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione	Liceo scientifico
• Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio	Matematica, fisica, storia, lettere e filosofia, disegno tecnico, inglese, latino.
• Qualifica conseguita	Diploma
• Valutazione finale	100/100

CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI

ALTRE LINGUA

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale
- Capacità di ascolto

CAPACITÀ E COMPETENZE

INGLESE

- Livello europeo C1
- Livello europeo B1
- Livello europeo B1
- Livello europeo B1

BUONA CAPACITÀ DI LAVORARE IN CONTESTI DIFFERENTI (SIA SPERIMENTALI CHE COMPUTAZIONALI), E DI LAVORARE PARALLELAMENTE SU PIÙ ATTIVITÀ DI LABORATORIO,

ORGANIZZATIVE	ACQUISITA DURANTE LO SVOLGIMENTO DEL MIO LAVORO DI TESI PER IL CONSEGUIMENTO DELLA LAUREA MAGISTRALE E DEL DOTTORATO DI RICERCA. CAPACITÀ DI GESTIRE DIFFERENTI LAVORI (AD ES. LAVORO IN LABORATORIO E LAVORO COME INSEGNANTE PRIVATA). AMMINISTRAZIONE DELLA CONTABILITÀ E ORGANIZZAZIONE DI EVENTI SPORTIVI E NON, LEGATI ALLA MIA PARTECIPAZIONE ATTIVA ALL'ASSOCIAZIONE SPORTIVA E CULTURALE GAME OVER EVENTI E ALL'A.S.D.P.S. SOLO PER NUMERI 1.
CAPACITÀ E COMPETENZE RELAZIONALI	BUONA CAPACITÀ DI RELAZIONARMI IN GRUPPO E DI LAVORARE A CONTATTO CON MOLTE PERSONE, ACQUISITA DURANTE LO SVOLGIMENTO DELLA MIA ATTIVITÀ DI RICERCA PRESSO I LABORATORI UNIVERSITARI E DEL CNR-ISA E DURANTE LO SVOLGIMENTO DEL MIO LAVORO DI ADDETTA ALLA GESTIONE DELLE RISORSE UMANE ED ALLE VENDITE DURANTE TUTTE LE MANIFESTAZIONI, I TORNEI E GLI EVENTI ORGANIZZATI DALL'ASSOCIAZIONE SPORTIVA RICREATIVA E CULTURALE GAME OVER EVENTI.
CAPACITÀ E COMPETENZE TECNICHE	BUONA PADRONANZA DEGLI STRUMENTI MICROSOFT OFFICE, DI SOFTWARE APPLICATIVI E DI WEB SERVER IN AMBITO BIOINFORMATICO (AUTODOCK AND ADTOOLS, GROMACS 5.0, MODELLER9.18, IDTARGET, POCASA 1.1, FPOCKET, MDPOCKET, MEGA6.0 TOOL, PHYML, MEME TOOL, PHYRE2, I-TASSER, T-COFFEE, JPRED, PROSA-WEB, QMEAN AND PROCHECK SERVER, CAMPARI ANALYSIS TOOLS IN R), E DI PACCHETTI DI GRAFICA MOLECOLARE QUALI VMD, PYMOL E CHIMERA, ACQUISITA DURANTE GLI ANNI DI STUDIO PER LA LAUREA MAGISTRALE, IL RELATIVO LAVORO DI TESI, DURANTE GLI ANNI DEL LAVORO DI DOTTORATO ED IL RELATIVO PERIODO DI RICERCA ALL'ESTERO OBBLIGATORIO.
ALTRÉ CAPACITÀ E COMPETENZE	BUONA CAPACITÀ DI INSEGNAMENTO, ACQUISITA DURANTE LE ATTIVITÀ DI CO-TUTORAGGIO RELATIVO AL TIROCINIO FORMATIVO DI DIVERSI STUDENTI MAGISTRALI ED IL MIO LAVORO DI DOPOSCUOLA A BAMBINI E RAGAZZI
PATENTE O PATENTI	Patente di guida B
ULTERIORI INFORMAZIONI	<p>PUBBLICAZIONI:</p> <p>Article: "Mitochondrial gene editing and allotopic expression unveil the role of orf125 in the induction of male fertility in some <i>Solanum</i> spp. hybrids and in the evolution of the common potato". Tamburino R, D'Agostino N, Aufiero G, Nicolia A, Facchiano A, Giordano D, Sannino L, Paparo R, Arimura SI, Scotti N, Cardi T. <i>Plant Biotechnol J.</i> 2025; 23(5):1862-1875. https://doi.org/10.1111/pbi.70012</p> <p>Article: "Transmembrane proteins in grape immunity: current knowledge and methodological advances". Gallucci A., Giordano D., Facchiano A., Villano C., Carputo D., Aversano R. <i>Front. Plant Sci.</i> 2024, 15:1515163. doi: 10.3389/fpls.2024.1515163.</p> <p>Article: "Theoretical study based on molecular docking to investigate the potential interaction of known antiviral food components with SARS-CoV-2proteins". Giordano D., Argenio M. A., Scafuri B., Carbon V., Bonora S., D'Arminio N., Marabotti A., Facchiano A. <i>Food Bioscience</i> 2024; 62, 105415, ISSN: 2212-4292, doi: 10.1016/j.fbio.2024.105415</p> <p>Article "Bioinformatics Study on Site-Specific Variations of Eotaxin-3, a Key Chemokine in Eosinophilic Esophagitis (EoE)". Giordano D.; d'Acierno A.; Marabotti A.; Iovino P.; Iacomino G.; Facchiano, A. <i>Genes</i> 2024; 15, 1073. https://doi.org/10.3390/genes15081073</p>

Article “Health-Promoting Effects, Phytochemical Constituents and Molecular Genetic Profile of the Purple Carrot ‘Purple Sun’ (*Daucus carota L.*)”. Maresca V.; Capasso L.; Rigano D.; Stornaiuolo M.; Sirignano C.; Piacente S.; Cerulli A.; Marallo N.; Basile A.; Nebbioso A.; Giordano D.; Facchiano A.; de Masi L.; Bontempo P. *Nutrients* 2024; 16, 2505. <https://doi.org/10.3390/nu16152505>

Article “Structural and Functional Characterization of Lipoxygenases from Diatoms by Bioinformatics and Modelling Studies”. Giordano, D.; Bonora, S.; D’Orsi, I.; D’Alessio, D.; Facchiano, A. *Biomolecules* 2024; 14, 276. <https://doi.org/10.3390/biom1403027>

Article: “Phenolic Compounds and Capsaicinoids in Three *Capsicum annuum* Varieties: From Analytical Characterization to In Silico Hypotheses on Biological Activity”. Giordano, D., Facchiano, A., Minasi, P., D’Agostino, N., Parisi, M., & Carbone, V. *Molecules* 2023; 28(19), 6772. <https://doi.org/10.3390/molecules28196772>

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Chapter: "Algorithms for Structure Comparison and Analysis: Prediction of Structures of Proteins". Nancy D'Arminio, Deborah Giordano, Angelo Facchiano, Anna Marabotti. Volume 1, 2025, pages 42-54, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology* (Second Edition), Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-95502-7.00114-7>

Chapter: "Algorithms for Structure Comparison and Analysis: Docking" Deborah Giordano, Nancy D'Arminio, Anna Marabotti, Angelo Facchiano. Volume 1, 2025, pages 71-82, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology* (Second Edition), Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-95502-7.00149-4>

Encyclopedia entry: "Food Plant Secondary Metabolites Antiviral Activity". Giordano, D.; Facchiano, A.; Carbone, V. *Encyclopedia*, 2023. <https://encyclopedia.pub/entry/42358>.

ARTICLE: "Molecular Aspects of Spike-ACE2 Interaction". De Masi, L., Argenio, M. A., Giordano, D., & Facchiano, A. *Encyclopedia* 2022; 2(1):96-108. <https://doi.org/10.3390/encyclopedia2010007>

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Naples, 19-21 November, 2018

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Poster: "Protein-ligand interaction in the AlphaFold era". Giordano D., Facchiano A. IV Memorial Workshop Maria Ciaramella. Napoli, 16-17 November, 2023

Poster: "A database about the activity of food components and their interaction with human proteins". Giordano D., Facchiano A., BBCC 2023 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference. Napoli, 4-7 December, 2023

Poster: "Study of lipoxygenases from diatoms exploiting bioinformatics methodologies". Bonora S., D'Orsi I., Giordano D., D'Alelio D., Facchiano A. BBCC 2023 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference. – Napoli, 4-7 December, 2023

Oral Presentation (tenuta da S. Bottiglieri): "Enhancing Type 2 Diabetes Diagnosis with Machine Learning". Agliata A., Giordano D., Bardozzo F., Bottiglieri S., Facchiano A., Tagliaferri R. BBCC 2023 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference. – Napoli, 4-7 December, 2023

Poster: "A new bioinformatics resource for investigating food compounds role in human health". Sanseverino N., Giordano D., Facchiano A., BITS2024 Meeting – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Trento, 12-14 June, 2024

Poster: "A novel tool to investigate food compounds and their effects on human health by integrating online bioinformatics resources". Sanseverino N., Giordano D., Facchiano A. BBCC 2024 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference. – Napoli, 27-29 November, 2024

Poster: "A structural bioinformatics approach to study the effects of site-specific variations in Eosinophilic Esophagitis (EoE)". Giordano D., d'Acierno A., Marabotti A., Iovino P., Iacomino G., Facchiano A. BBCC 2024 Meeting– Bioinformatics and Computational Biology International Conference. – Napoli, 27-29 November, 2024

Poster: "Computational Exploration of Food-Derived Bioactive Compounds: A Web Application for Target Prediction and Drug Discovery" Sanseverino N., Giordano D., Facchiano A. BITS2025 Meeting – Annual International Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Napoli, 11-13 June, 2025

Poster: "Structural Bioinformatics Analysis of Site-Specific Variants in Eotaxin-3 and Thymic Stromal Lymphopoietin (TSLP)". Giordano D.; d'Acierno A.; Marabotti A.; Iovino P.; Iacomino G.; Facchiano, A. BITS2025 Meeting – Annual International Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Napoli, 11-13 June, 2025

Poster: "Integrative Web Application for predicting Protein Targets of Bioactive Food Compounds" Sanseverino N., Giordano D., Facchiano A. ISMB/ECCB 2025 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). Liverpool, 20-24 July, 2025

Poster: "A Structural Bioinformatics Platform for Missense Mutations in Eotaxin-3 and TSLP". Giordano D.; d'Acierno A.; Marabotti A.; Iovino P.; Iacomino G.; Facchiano, A. **ISMB/ECCB 2025 Conference - Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB).** Liverpool, 20-24 July, 2025

ATTIVITÀ EDITORIALE:

Topic Editor per Entropy (MDPI) per lo special issue "New Developments and Applications in Bioinformatics and Computational Biology" (2023).

Guest Editor per Frontiers in Genetics, dal 2024, per il research topic "Advancements in AI for the Analysis and Interpretation of Large-scale Data by Omics Techniques".

Referee di numerosi articoli per diverse riviste scientifiche.

PRINCIPALI ATTESTATI:

- Partecipazione alla Parma Summer School 2016 "IN SILICO/IN VITRO APPROACHES FOR FOOD SCIENCE", September 9th, 2016.
- Component of the Local Organizing Committee of the XIII Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society held at the University of Salerno, Fisciano and of the satellite activities from 13 to 17/06/2016.
- Partecipazione alla "Summer School in Bioinformatics 2017", EMBL-EBI course, Wellcome Genome Campus, Hinxton, UK, 26-30 June, 2017.
- Partecipazione al CINECA course 2017 "High Performance Molecular Dynamics", Bologna, 13-15 September, 2017
- 20-hour course on Project Management
- 18-hour course on Fondamenti di java per biologi
- 16-hour course on Advanced Fluorescence Application in Biotechnology & Biology
- Component of the Local Organizing Committee of the XIII Annual Bioinformatics and Computational Biology International Conference held virtually from 1 to 3/12/2021.
- Component of the Local Organizing Committee and Chair of the XIII Annual Bioinformatics and Computational Biology International Conference held virtually from 13 to 15/12/2022.
- Component of the Scientific Committee of the XIV Annual Bioinformatics and Computational Biology International Conference, Naples 4-7 December, 2023.

Referenze

Dott. Angelo Facchiano, CNR-ISA Avellino (Ph.D. Co-Tutor)
angelo.facchiano@isa.cnr.it
Dott.ssa Maria Cristina Staiano CNR-ISA Avellino (Tutor assegno di ricerca)
maria.staiano@isa.cnr.it
Dott.ssa Anna Marabotti, Università di Salerno (Tutor- tesi laurea magistrale)
amarabotti@unisa.it
Dott.ssa Ivana Caputo, Università di Salerno (co-Tutor tesi laurea magistrale)
icaputo@unisa.it

Le dichiarazioni di cui al presente curriculum sono rese sotto la propria responsabilità con la consapevolezza delle sanzioni penali previste per il caso di dichiarazioni false o mandaci, così come stabilito dall'art. 76 del DPR n 445/2000.

Il sottoscritto esprime il proprio consenso al trattamento dei propri dati personali presenti in questo cv ai sensi dell'art. 13 del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 del GDPR (Regolamento UE 2016/679).

Firmato digitalmente da:

DEBORAH GIORDANO

Firmato il 01/09/2025 11:22

Serial number: 7099046886111149764

Valido dal 04/09/2024 al 04/09/2027

UANATACA Qualified eIDAS CA 2020

