

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome e Cognome **Nicole Balasco**

ESPERIENZA PROFESSIONALE

- Da Febbraio 2022 ad oggi **Ricercatore a tempo indeterminato** (III livello) presso IBPM - Istituto di Biologia e Patologia Molecolari CNR, Department of Chemistry, Sapienza University of Rome, P. le A. Moro 5, Rome, Italy
- Da Ottobre 2012 a Gennaio 2022 **Assegnista di Ricerca** presso IBB - Istituto di Biostrutture e Bioimmagini CNR, Napoli, Italia
- Da Gennaio 2017 a Giugno 2021 **Docente** supplente presso Istituti di Istruzione Superiore, materia di insegnamento: A050 – Scienze naturali, chimiche e biologiche.
- Da Ottobre 2014 a Settembre 2019 **Culture della materia** presso Università degli studi del Sannio – Benevento. Corso di studio: Ingegneria Energetica, materia di insegnamento: Chimica, crediti formativi: 6 CFU.
- Da Agosto 2012 ad Agosto 2013 **Docente** per l'azienda Alpha Test Srl. Materia di insegnamento: Chimica. Preparazione di studenti ai test d'ammissione all'Università per l'accesso alle facoltà di medicina e professioni sanitarie, ore complessive: 43,5.
- Da Giugno 2012 a Settembre 2012 **Stagista** nel dipartimento degli Affari Regolatori dell'azienda Johnson & Johnson SpA, Santa Palomba, Roma.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Da Novembre 2013 a Ottobre 2015 **Dottorato di ricerca** in Biotecnologie Molecolari e Cellulari, settore Scientifico-Disciplinare: CHIM/03-Chimica Generale e Inorganica presso l'Università degli studi della Campania Luigi Vanvitelli – Caserta. Titolo della tesi: Analisi dei determinanti principali delle strutture tridimensionali delle proteine.
- Da Ottobre 2009 a Ottobre 2011 **Laurea Magistrale** in CHIMICA [LM ORDIN. 2010 - DM 270/04]-LM-54, Orientamento Inorganico Chimico Fisico presso l'Università degli Studi di Roma La Sapienza – Roma. Titolo della tesi: Ossidazione dell'albumina umana: studio strutturale e spettroscopico. Voto di laurea: 110 e lode/110.
- Da Ottobre 2006 a Settembre 2009 **Laurea di primo livello** in CHIMICA [L (DM 509/99) - ORDIN. 2007]-21, presso l'Università degli Studi di Roma La Sapienza – Roma. Titolo della tesi: Albumina del siero umano: correlazione tra stabilità e binding. Voto di laurea: 110 e lode/110;
- Da Settembre 2001 a Luglio 2006 **Diploma di Maturità Scientifica** indirizzo sperimentale P.N.I. (Piano Nazionale Informatica) presso l'Istituto di Istruzione Superiore "Leonardo da Vinci" - Fiumicino (RM). Voto: 100/100

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre ITALIANO

Altre lingue

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

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

Certificazioni/Abilitazioni

Luglio 2024, **Abilitazione Scientifica Nazionale (ASN)** -Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca (MIUR), Settore Concorsuale: 05/E1 - BIOCHIMICA GENERALE, Fascia: Seconda fascia

Maggio 2017, **Certificato ECDL IT-Security** – Livello Specialised (N° IT 2286444)

November 2011, **Abilitazione all'esercizio** della professione di Chimico a seguito del superamento dell'esame di stato presso l'Università degli Studi di Roma La Sapienza.

Giugno 2006, **First Certificate in English (FCE)**, Council of Europe Level B2.

Competenze professionali

Avanzate competenze nell'ambito della Biologia strutturale e computazionale:
 - Caratterizzazione biofisica di peptidi/proteine in soluzione mediante tecniche spettroscopiche (dicroismo circolare, fluorescenza) e light scattering.
 - Caratterizzazione strutturale di proteine tramite cristallografia ai raggi X.
 - Data mining in databases di strutture di peptidi e proteine e analisi statistiche.
 - Molecular design, molecular modeling, simulazioni di dinamica molecolare classica e replica exchange.

Capacità e competenze informatiche

- Ottima conoscenza di software di interesse tecnico-scientifico (Origin, Xmgrace).
 - Ottima confidenza con diversi strumenti informatici di interesse scientifico: GROMACS (server per simulazioni di dinamica molecolare), VMD Visual Molecular Dynamics e PyMol Molecular Graphics System (strumenti di grafica molecolare), EndNote e Zotero (software per la gestione dei riferimenti bibliografici e le citazioni).
 - Conoscenza di base di alcuni linguaggi di programmazione (Perl e C++).
 - Ottime competenze nell'uso e gestione di sistemi operativi Windows e Linux e degli applicativi Microsoft Office (Word, Excel, Power Point).
 - Ottima conoscenza e utilizzo dei principali browser per la navigazione internet e della posta elettronica.

Patente di guida

B

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni

*co-primo nome, #corresponding author

1. Balasco N, Ruggiero A, Smaldone G, Pecoraro G, Coppola L, Pirone L, Pedone EM, Esposito L, Berisio R, Vitagliano L. Structural studies of KCTD1 and its disease-causing mutant P20S

- provide insights into the protein function and malfunction. *Int J Biol Macromol.* 2024 Oct;277(Pt 4):134390. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2024.134390.
2. Balasco N#, Damaggio G, Esposito L, Colonna V, Vitagliano L. A comprehensive analysis of SARS-CoV-2 missense mutations indicates that all possible amino acid replacements in the viral proteins occurred within the first two-and-a-half years of the pandemic. *Int J Biol Macromol.* 2024 May;266(Pt 1):131054. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2024.131054.
 3. Balasco N#, Esposito L, Smaldone G, Salvatore M, Vitagliano L. A Comprehensive Analysis of the Structural Recognition between KCTD Proteins and Cullin 3. *Int J Mol Sci.* 2024 Feb 4;25(3):1881. doi: 10.3390/ijms25031881.
 4. Balasco N, Tagliamonte M, Buonaguro L, Vitagliano L, Paladino A. Structural and Dynamic-Based Characterization of the Recognition Patterns of E7 and TRP-2 Epitopes by MHC Class I Receptors through Computational Approaches. *Int J Mol Sci.* 2024 Jan 23;25(3):1384. doi: 10.3390/ijms25031384.
 5. Balasco N, Altamura D, Scognamiglio PL, Sibillano T, Giannini C, Morelli G, Vitagliano L, Accardo A, Diaferia C. Self-Assembled Materials Based on Fully Aromatic Peptides: The Impact of Tryptophan, Tyrosine, and Dopa Residues. *Langmuir.* 2024 Jan 16;40(2):1470-1486. doi: 10.1021/acs.langmuir.3c03214.
 6. Troisi R, Balasco N, Autiero I, Vitagliano L, Sica F. Structural Insights into Protein-Aptamer Recognitions Emerged from Experimental and Computational Studies. *Int J Mol Sci.* 2023 Nov 14;24(22):16318. doi: 10.3390/ijms242216318.
 7. Troisi R, Balasco N, Autiero I, Sica F, Vitagliano L. New insight into the traditional model of the coagulation cascade and its regulation: illustrated review of a three-dimensional view. *Res Pract Thromb Haemost.* 2023 Aug 7;7(6):102160. doi: 10.1016/j.rpth.2023.102160.
 8. Balasco N, Diaferia C, Rosa E, Monti A, Ruvo M, Doti N, Vitagliano L. A Comprehensive Analysis of the Intrinsic Visible Fluorescence Emitted by Peptide/Protein Amyloid-like Assemblies. *Int J Mol Sci.* 2023 May 6;24(9):8372. doi: 10.3390/ijms24098372.
 9. Paladino A, Balasco N, Vitagliano L, Graziano G. A Structure-Based Mechanism for the Denaturing Action of Urea, Guanidinium Ion and Thiocyanate Ion. *Biology (Basel).* 2022 Dec 5;11(12):1764. doi: 10.3390/biology11121764.
 10. Esposito L, Balasco N, Vitagliano L. AlphaFold Predictions Provide Insights into the Structural Features of the Functional Oligomers of All Members of the KCTD Family. *Int J Mol Sci.* 2022 Nov 1;23(21):13346. doi: 10.3390/ijms232113346.
 11. Balasco N#, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local Backbone Geometry Plays a Critical Role in Determining Conformational Preferences of Amino Acid Residues in Proteins. *Biomolecules.* 2022 Aug 26;12(9):1184. doi: 10.3390/biom12091184.
 12. Balasco N, Paladino A, Graziano G, D'Abramo M, Vitagliano L. Atomic-Level View of the Functional Transition in Vertebrate Hemoglobins: The Case of Antarctic Fish Hbs. *J Chem Inf Model.* 2022 Aug 22;62(16):3874-3884. doi: 10.1021/acs.jcim.2c00727.
 13. Paladino A, Balasco N, Graziano G, Vitagliano L. A Protein Data Bank survey of multimodal binding of thiocyanate to proteins: Evidence for thiocyanate promiscuity. *Int J Biol Macromol.* 2022 May 31;208:29-36. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2022.03.012.
 14. D'Alessandro V, Balasco N*, Ferrara P, Vitagliano L. The temporal correlation between positive testing and death in Italy: from the first phase to the later evolution of the COVID-19 pandemic. *Acta Biomed.* 2022 Jan 19;92(6):e2021395. doi: 10.23750/abm.v92i6.12030.
 15. Balasco N, Damaggio G, Esposito L, Villani F, Berisio R, Colonna V, Vitagliano L. A global analysis of conservative and non-conservative mutations in SARS-CoV-2 detected in the first year of the COVID-19 world-wide diffusion. *Sci Rep.* 2021 Dec 30;11(1):24495. doi: 10.1038/s41598-021-04147-1.
 16. Esposito L, Balasco N, Smaldone G, Berisio R, Ruggiero A, Vitagliano L. AlphaFold-Predicted Structures of KCTD Proteins Unravel Previously Undetected Relationships among the Members of the Family. *Biomolecules.* 2021 Dec 10;11(12):1862. doi: 10.3390/biom11121862.
 17. Troisi R, Balasco N*, Autiero I, Vitagliano L, Sica F. Exosite Binding in Thrombin: A Global Structural/Dynamic Overview of Complexes with Aptamers and Other Ligands. *Int J Mol Sci.* 2021 Oct 6;22(19):10803. doi: 10.3390/ijms221910803.
 18. Diaferia C, Rosa E, Balasco N, Sibillano T, Morelli G, Giannini C, Vitagliano L, Accardo A. The Introduction of a Cysteine Residue Modulates The Mechanical Properties of Aromatic-Based Solid Aggregates and Self-Supporting Hydrogels. *Chemistry.* 2021 Oct 25;27(60):14886-14898. doi: 10.1002/chem.202102007.

19. Balasco N, Alba J, D'Abramo M, Vitagliano L. Quaternary Structure Transitions of Human Hemoglobin: An Atomic-Level View of the Functional Intermediate States. *J Chem Inf Model.* 2021 Aug 23;61(8):3988-3999. doi: 10.1021/acs.jcim.1c00315.
20. Balasco N, D'Alessandro V, Ferrara P, Smaldone G, Vitagliano L. Analysis of the time evolution of COVID-19 lethality during the first epidemic wave in Italy. *Acta Biomed.* 2021 May 12;92(2):e2021171. doi: 10.23750/abm.v92i2.11149.
21. Troisi R, Balasco N, Santamaria A, Vitagliano L, Sica F. Structural and functional analysis of the simultaneous binding of two duplex/quadruplex aptamers to human α -thrombin. *Int J Biol Macromol.* 2021 Jun 30;181:858-867. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2021.04.076.
22. Balasco N, Diaferia C, Morelli G, Vitagliano L, Accardo A. Amyloid-Like Aggregation in Diseases and Biomaterials: Osmosis of Structural Information. *Front Bioeng Biotechnol.* 2021 Mar 3;9:641372. doi: 10.3389/fbioe.2021.641372.
23. Gallo E, Diaferia C, Balasco N, Sibillano T, Roviello V, Giannini C, Vitagliano L, Morelli G, Accardo A. Fabrication of fluorescent nanospheres by heating PEGylated tetratyrosine nanofibers. *Sci Rep.* 2021 Jan 28;11(1):2470. doi: 10.1038/s41598-020-79396-7.
24. Smaldone G, Ruggiero A, Balasco N, Vitagliano L. Development of a Protein Scaffold for Arginine Sensing Generated through the Dissection of the Arginine-Binding Protein from *Thermotoga maritima*. *Int J Mol Sci.* 2020 Oct 12;21(20):7503. doi: 10.3390/ijms21207503.
25. Balasco N, Ferraro G, Loreto D, Iacobucci I, Monti M, Merlino A. Cisplatin binding to β -lactoglobulin: a structural study. *Dalton Trans.* 2020 Sep 15;49(35):12450-12457. doi: 10.1039/d0dt02582h.
26. Cozzolino S, Balasco N, Vigorita M, Ruggiero A, Smaldone G, Del Vecchio P, Vitagliano L, Graziano G. Guanidinium binding to proteins: The intriguing effects on the D1 and D2 domains of *Thermotoga maritima* Arginine Binding Protein and a comprehensive analysis of the Protein Data Bank. *Int J Biol Macromol.* 2020 Nov 15;163:375-385. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2020.06.290.
27. Troisi R, Balasco N*, Vitagliano L, Sica F. Molecular dynamics simulations of human α -thrombin in different structural contexts: evidence for an aptamer-guided cooperation between the two exosites. *J Biomol Struct Dyn.* 2021 Apr;39(6):2199-2209. doi: 10.1080/07391102.2020.1746693.
28. Balasco N, Vitagliano L, Merlino A, Verde C, Mazzarella L, Vergara A. The unique structural features of carbonmonoxy hemoglobin from the sub-Antarctic fish *Eleginops maclovinus*. *Sci Rep.* 2019 Dec 12;9(1):18987. doi: 10.1038/s41598-019-55331-3.
29. Smaldone G, Ruggiero A, Balasco N, Abuhammad A, Autiero I, Caruso D, Esposito D, Ferraro G, Gelardi ELM, Moreira M, Quareshy M, Romano M, Saaret A, Selvam I, Squeglia F, Troisi R, Kroon-Batenburg LMJ, Esposito L, Berisio R, Vitagliano L. The non-swapped monomeric structure of the arginine-binding protein from *Thermotoga maritima*. *Acta Crystallogr F Struct Biol Commun.* 2019 Nov 1;75(Pt 11):707-713. doi: 10.1107/S2053230X1901464X.
30. Balasco N#, Smaldone G, Vitagliano L. The Structural Versatility of the BTB Domains of KCTD Proteins and Their Recognition of the GABAB Receptor. *Biomolecules.* 2019 Jul 31;9(8):323. doi: 10.3390/biom9080323.
31. Smaldone G, Balasco N, Pirone L, Caruso D, Di Gaetano S, Pedone EM, Vitagliano L. Molecular basis of the scalp-ear-nipple syndrome unraveled by the characterization of disease-causing KCTD1 mutants. *Sci Rep.* 2019 Jul 19;9(1):10519. doi: 10.1038/s41598-019-46911-4.
32. Balasco N, Smaldone G, Vigorita M, Del Vecchio P, Graziano G, Ruggiero A, Vitagliano L. The characterization of *Thermotoga maritima* Arginine Binding Protein variants demonstrates that minimal local strains have an important impact on protein stability. *Sci Rep.* 2019 Apr 29;9(1):6617. doi: 10.1038/s41598-019-43157-y.
33. Ruggiero A, Smaldone G, Esposito L, Balasco N, Vitagliano L. Loop size optimization induces a strong thermal stabilization of the thioredoxin fold. *FEBS J.* 2019 May;286(9):1752-1764. doi: 10.1111/febs.14767.
34. Ricciardelli A, Casillo A, Vergara A, Balasco N, Corsaro MM, Tutino ML, Parrilli E. Environmental conditions shape the biofilm of the Antarctic bacterium *Pseudoalteromonas haloplanktis* TAC125. *Microbiol Res.* 2019 Jan;218:66-75. doi: 10.1016/j.micres.2018.09.010.
35. Diaferia C, Balasco N*, Altamura D, Sibillano T, Gallo E, Roviello V, Giannini C, Morelli G, Vitagliano L, Accardo A. Assembly modes of hexaphenylalanine variants as function of the charge states of their terminal ends. *Soft Matter.* 2018 Oct 17;14(40):8219-8230. doi: 10.1039/c8sm01441h.

36. Smaldone G, Balasco N, Vigorita M, Ruggiero A, Cozzolino S, Berisio R, Del Vecchio P, Graziano G, Vitagliano L. Domain communication in Thermotoga maritima Arginine Binding Protein unraveled through protein dissection. *Int J Biol Macromol*. 2018 Nov;119:758-769. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2018.07.172.
37. Balasco N#, Smaldone G, Ruggiero A, De Simone A, Vitagliano L. Local structural motifs in proteins: Detection and characterization of fragments inserted in helices. *Int J Biol Macromol*. 2018 Oct 15;118(Pt B):1924-1930. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2018.07.047.
38. Smaldone G, Berisio R, Balasco N, D'Auria S, Vitagliano L, Ruggiero A. Domain swapping dissection in Thermotoga maritima arginine binding protein: How structural flexibility may compensate destabilization. *Biochim Biophys Acta Proteins Proteom*. 2018 Sep;1866(9):952-962. doi: 10.1016/j.bbapap.2018.05.016.
39. Mazzarella L, Merlino A, Balasco N, Balsamo A, Vergara A. Crystal structure of the ferric homotetrameric β -sub₄ human hemoglobin. *Biophys Chem*. 2018 Sep;240:9-14. doi: 10.1016/j.bpc.2018.05.003.
40. Balasco N#, Barone D, Iaccarino E, Sandomenico A, De Simone A, Ruvo M, Vitagliano L. Intrinsic structural versatility of the highly conserved 412-423 epitope of the Hepatitis C Virus E2 protein. *Int J Biol Macromol*. 2018 Sep;116:620-632. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2018.05.055.
41. Diaferia C, Balasco N, Sibillano T, Giannini C, Vitagliano L, Morelli G, Accardo A. Structural Characterization of Self-Assembled Tetra-Tryptophan Based Nanostructures: Variations on a Common Theme. *Chemphyschem*. 2018 Jul 5;19(13):1635-1642. doi: 10.1002/cphc.201800026.
42. Diaferia C, Balasco N*, Sibillano T, Ghosh M, Adler-Abramovich L, Giannini C, Vitagliano L, Morelli G, Accardo A. Amyloid-Like Fibrillary Morphology Originated by Tyrosine-Containing Aromatic Hexapeptides. *Chemistry*. 2018 May 7;24(26):6804-6817. doi: 10.1002/chem.201800351.
43. Balasco N#, Esposito L, Thind AS, Guarracino MR, Vitagliano L. Dissection of Factors Affecting the Variability of the Peptide Bond Geometry and Planarity. *Biomed Res Int*. 2017;2017:2617629. doi: 10.1155/2017/2617629.
44. Balasco N#, Esposito L, Vitagliano L. Factors affecting the amplitude of the τ angle in proteins: a revisit. *Acta Crystallogr D Struct Biol*. 2017 Jul 1;73(Pt 7):618-625. doi: 10.1107/S2059798317007793.
45. Balasco N#, Barone D, Sandomenico A, Ruggiero A, Doti N, Berisio R, Ruvo M, Vitagliano L. Structural Versatility of Hepatitis C Virus Proteins: Implications for the Design of Novel Anti-HCV Intervention Strategies. *Curr Med Chem*. 2017 Nov 24;24(36):4081-4101. doi: 10.2174/0929867324666170508105544.
46. Diaferia C, Gianolio E, Sibillano T, Mercurio FA, Leone M, Giannini C, Balasco N, Vitagliano L, Morelli G, Accardo A. Cross-beta nanostructures based on dinaphthylalanine Gd-conjugates loaded with doxorubicin. *Sci Rep*. 2017 Mar 22;7(1):307. doi: 10.1038/s41598-017-00332-3.
47. Diaferia C, Sibillano T, Balasco N, Giannini C, Roviello V, Vitagliano L, Morelli G, Accardo A. Hierarchical Analysis of Self-Assembled PEGylated Hexaphenylalanine Photoluminescent Nanostructures. *Chemistry*. 2016 Nov 7;22(46):16586-16597. doi: 10.1002/chem.201604107.
48. Pirone L, Smaldone G, Esposito C, Balasco N, Petoukhov MV, Spilotros A, Svergun DI, Di Gaetano S, Vitagliano L, Pedone EM. Proteins involved in sleep homeostasis: Biophysical characterization of INC and its partners. *Biochimie*. 2016 Dec;131:106-114. doi: 10.1016/j.biochi.2016.09.013.
49. Smaldone G, Vigorita M, Ruggiero A, Balasco N, Dattelbaum JD, D'Auria S, Del Vecchio P, Graziano G, Vitagliano L. Proline 235 plays a key role in the regulation of the oligomeric states of Thermotoga maritima Arginine Binding Protein. *Biochim Biophys Acta*. 2016 Jul;1864(7):814-24. doi: 10.1016/j.bbapap.2016.04.006.
50. Barone D, Balasco N*, Autiero I, Vitagliano L. The dynamic properties of the Hepatitis C Virus E2 envelope protein unraveled by molecular dynamics. *J Biomol Struct Dyn*. 2017 Mar;35(4):805-816. doi: 10.1080/07391102.2016.1162198.
51. Barone D, Balasco N*, Vitagliano L. KCTD5 is endowed with large, functionally relevant, interdomain motions. *J Biomol Struct Dyn*. 2016 Aug;34(8):1725-35. doi: 10.1080/07391102.2015.1090343.
52. Smaldone G, Pirone L, Balasco N*, Di Gaetano S, Pedone EM, Vitagliano L. Cullin 3 Recognition Is Not a Universal Property among KCTD Proteins. *PLoS One*. 2015 May 14;10(5):e0126808. doi: 10.1371/journal.pone.0126808.

53. de Paola I, Pirone L, Palmieri M, Balasco N, Esposito L, Russo L, Mazzà D, Di Marcotullio L, Di Gaetano S, Malgieri G, Vitagliano L, Pedone E, Zaccaro L. Cullin3-BTB interface: a novel target for stapled peptides. *PLoS One*. 2015 Apr 7;10(4):e0121149. doi: 10.1371/journal.pone.0121149.
54. Balasco N#, Barone D, Vitagliano L. Structural conversion of the transformer protein RfaH: new insights derived from protein structure prediction and molecular dynamics simulations. *J Biomol Struct Dyn*. 2015;33(10):2173-9. doi: 10.1080/07391102.2014.994188.
55. Del Giudice A, Leggio C, Balasco N, Galantini L, Pavel NV. Ibuprofen and propofol cobinding effect on human serum albumin unfolding in urea. *J Phys Chem B*. 2014 Aug 28;118(34):10043-51. doi: 10.1021/jp504280n.
56. Balasco N, Pirone L, Smaldone G, Di Gaetano S, Esposito L, Pedone EM, Vitagliano L. Molecular recognition of Cullin3 by KCTDs: insights from experimental and computational investigations. *Biochim Biophys Acta*. 2014 Jul;1844(7):1289-98. doi: 10.1016/j.bbapap.2014.04.006.
57. Esposito L, Balasco N, De Simone A, Berisio R, Vitagliano L. Interplay between peptide bond geometrical parameters in nonglobular structural contexts. *Biomed Res Int*. 2013;2013:326914. doi: 10.1155/2013/326914.
58. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Role of loops connecting secondary structure elements in the stabilization of proteins isolated from thermophilic organisms. *Protein Sci*. 2013 Jul;22(7):1016-23. doi:10.1002/pro.2279.

Preprints

1. Balasco N, Ruggiero A, Smaldone G, Pecoraro G, Coppola L, Pirone L, Pedone EM, Esposito L, Berisio R, Vitagliano L. Structural studies of KCTD1 and its disease-causing mutant P20S provide insights into the protein function and malfunction. *bioRxiv* 2024.06.14.599007; doi: <https://doi.org/10.1101/2024.06.14.599007>
2. D'Alessandro V, Balasco N*, Ferrara P, Vitagliano L. The temporal correlation between positive testing and death in Italy: from the first phase to the later evolution of the COVID-19 pandemic. *medRxiv* 2021.07.14.21260505; doi: <https://doi.org/10.1101/2021.07.14.21260505>
3. Balasco N, D'Alessandro V, Smaldone G, Vitagliano L. Analysis of the time evolution of SARS-CoV-2 lethality rate in Italy: Evidence of an unaltered virus potency. *medRxiv* 2020.06.12.20129387; doi: <https://doi.org/10.1101/2020.06.12.20129387>
4. Ruggiero A, Balasco N, Esposito L, Vitagliano L. 2016. Loop size optimization: a new mechanism for protein stabilization. *PeerJ Preprints* 4:e2195v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2195v1>
5. Balasco N, Esposito L, Vitagliano L. 2016. Is there a connection between peptide bond geometry and aminoacid residue conformational preferences? *PeerJ Preprints* 4:e2665v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2665v1>
6. Barone D, Balasco N, Autiero I, Vitagliano L. 2016. Structural characterization of the Hepatitis C Virus E2 glycoprotein: computational and experimental approaches. *PeerJ PrePrints* 4:e1634v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.1634v1>
7. Balasco N, Esposito L, Vitagliano L. 2016. Interplay between peptide bond geometry and local conformation: molecular dynamics analyses. *PeerJ PrePrints* 4:e1628v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.1628v1>

Responsabilità scientifica (Principal Investigator) in progetti di ricerca

1. PI dell'unità CNR nel Progetto MUR PRIN2022 (Progetto di Ricerca di Rilevante Interesse Nazionale), Titolo: Biomaterials from peptide self-assembling generated by mimicking protein amyloid-like structures – Codice: 2022TSLMHR, Validità: dal 16/10/2023 al 15/10/2025, Finanziamento: 189,397.00 € (totale), 75,758.00 € (unità IBPM-CNR).
2. Progetti nazionali ISCRA (Italian SuperComputing Resource Allocation) del centro HPC (High Performance Computing) CINECA: - IsCa3_AF-Koli (ID HP10C52U80), titolo: Structural stability of predicted AlphaFold oligomers of KCTD proteins evaluated by molecular dynamics simulations, tempo di calcolo: 32.000 ore su supercalcolatore M100, dal 18/10/2022 al 18/07/2023. - IsC95 AntHbs (ID HP10CZRXC), titolo: Characterization of the functional transition in Antarctic fish hemoglobins by Molecular Dynamics, tempo di calcolo: 22.400 ore su supercalcolatore M100, dal 16/12/2021 al 16/09/2022. - IsC82 ArgSens (ID HP10CFJL92), titolo: Design and characterization of variants of the Arginine

Binding Protein from *Thermotoga maritima* for arginine sensing, tempo di calcolo: 30.000 ore su supercalcolatore M100, dal 18/08/2020 al 18/05/2021. - IsC70 HsHbDYN (ID HP10C1G4W3), titolo: A detailed atomic-level view of the R→T Quaternary Structure Transition of Human Hemoglobin, tempo di calcolo: 8.750 ore su supercalcolatore MARCON2, dal 15/04/2019 al 15/01/2020. - IsC52 KCTDOLI (ID HP10CN9BBI), titolo: Versatility of KCTD protein oligomerization state: functional insights from molecular dynamics, tempo di calcolo: 25000 ore su supercalcolatore MARCON1, dal 29/06/2017 al 29/03/2018.

Partecipazione a progetti di ricerca internazionali e nazionali o a contratti di ricerca con aziende

1. Progetto di ricerca dal titolo "RECOVER-COVID19 - RicErCa e sviluppo VERSus COVID19 in Campania" – CUP B68D20000170002 - POR CAMPANIA FESR 2014-2020 - Asse III Obiettivo Specifico 1.3 - Azione 1.3.1. (Importo totale finanziamento: 300.000,00 Euro, importo unità IBB-CNR: 91.134,00 Euro, periodo di attività: dal 01/05/2020 al 31/12/2020).
2. Progetto di ricerca dal titolo "Combattere la resistenza tumorale: piattaforma integrata multidisciplinare per un approccio tecnologico innovativo alle oncoterapie - Campania Oncoterapie" (Importo totale finanziamento: 11.427.550,00 Euro; importo unità IBB-CNR: 164.000,00 Euro, DD n.4 del 22/01/2019; periodo di attività: dal 01/01/2018 al 31/12/2020).
3. Programma Bilaterale CNR/CNPq (Brasile) dal titolo "Design, Sintesi e Caratterizzazione Strutturale e Funzionale di Librerie di analoghi di neuropeptidi a potenziale attività nocicettiva ed antiinfiammatoria" (Importo totale finanziamento: 13.000,00 Euro; n. protocollo 0011718 del 13/02/2014; periodo di attività: dal 01/01/2014 al 31/12/2015).
4. Progetto di cooperazione scientifica CNR/PAS (Polonia) dal titolo "Structure and function of selected enzymes of phage origin – Struttura e funzione di specifici enzimi di origine fagica" (Importo totale finanziamento: 14.000,00 euro; n. protocollo 15976 del 27/02/2014; periodo di attività: dal 2014 al 2016).
5. Programma di Ricerca Scientifica di Rilevante Interesse Nazionale - PRIN 2009 dal titolo "Basi strutturali della tumorigenesi neuronale e sviluppo di nuove biomolecole in grado di interferire con i processi biologici associati" finanziato dal MIUR (Importo finanziamento: totale 245.000,00 Euro, per Unità Operativa 45.180,00; n. prot. 2009AX8LPP_003 di ottobre 2011; periodo di attività: dal 18/10/2011 al 17/04/2014, finalità: sviluppo di nuove biomolecole in grado di interferire con i processi biologici associati alla tumorigenesi neuronale).
6. Progetto scientifico dal titolo "Collezione di Composti Chimici ed attività di Screening" finanziato dalla Società Consortile "Collezione Nazionale di Composti Chimici e Centro Screening" (CNCCS) (Importo totale finanziamento: 160.000,00 prot. CNR n. 0049100 di luglio 2012; periodo di attività: dal 01/07/2012 al 30/06/2013, finalità: analisi di banche dati di strutture di peptidi e proteine).
7. Contratto di ricerca con l'azienda DiogenX dal titolo "Rspo1 - Lgr4 in silico analysis" (Importo finanziamento: totale 28.825,00 Euro, firmato digitalmente dal direttore IBB-CNR in data 22/08/2020; periodo di attività: dal 24/08/2020 al 24/05/2021, finalità: analisi delle proprietà strutturali/dinamiche delle proteine della famiglia R-spondin).

Collaborazione a progetti di ricerca di calcolo

1. Progetti nazionali ISCRA (Italian SuperComputing Resource Allocation) del CINECA: IsB22_KCTD-CTD (ID HP10BBY7W1, tempo di calcolo: 800.000 ore su supercalcolatore M100, dal 14/10/2020 al 14/11/2021), IsC96_KCTD-AP2 (ID HP10CJ006L, tempo di calcolo: 32.000 ore su supercalcolatore M100, dal 19/02/2022 al 19/11/2022), IsC96_SOFFio (ID HP10CBOZMH, 32.000 ore su supercalcolatore M100, dal 19/02/2022 al 19/11/2022), IsC77_E7HPV (ID HP10CXCA BH, 7.500 ore su supercalcolatore M100, dal 01/05/2020 al 01/02/2021), IsC72_GABABR (ID HP10C0V052, 4.230 ore su supercalcolatore M100 e 37.500 su supercalcolatore MARCON2, dal 06/07/2019 al 06/11/2020), IsC68_DQApMD (ID HP10C9HGRH, 17.500 ore su supercalcolatore MARCON2, dal 07/02/2019 al 07/11/2019), IsC65 DisRama (ID HP10C16VE3, 50.000 ore su supercalcolatore MARCON2, dal 11/10/2018 al 11/07/2019), IsC59 ApThdyn (ID HP10C8CHST, 50.000 ore su supercalcolatore MARCON2, dal 13/03/2018 al 13/12/2018), IsC59 CDDPdyn (ID HP10CWG1OD, 40.000 ore su supercalcolatore MARCON1 e 8.888 ore

su MARCON2, dal 13/03/2018 al 13/12/2018), IsC56 HCVDyn (HP10CQKQGK, 40.000 ore su supercalcolatore MARCON2, dal 17/11/2017 al 17/10/2018), IsC45 PepNano (ID HP10CUX1WZ, 100.000 ore su supercalcolatore GALILEO, dal 11/10/2016 al 11/09/2017).

2. Progetto europeo PRACE (Partnership for advanced computing in Europe) icei_Paladino - Exploring the dynamics of RNA-silencing by Argonautes Primary tabs, tempo di calcolo: 277.983 ore su supercalcolatore G100 e 127.017 ore su supercalcolatore M100, dal 20/10/2022 al 19/10/2023.

Esperienze Professionali In Laboratori Stranieri

- 6-14 Novembre 2015, attività di ricerca nell'ambito del Progetto Bilaterale CNR / CNPq (Brasile) dal titolo "Design, Sintesi e Caratterizzazione Strutturale e Funzionale di Librerie di analoghi di neuropeptidi a potenziale attività nocicettiva ed antiinfiammatoria", Università di Campinas e Ribeirão Preto, Brasile.
- 21 Aprile- 27 Maggio 2015, attività di ricerca nell'ambito del progetto "Structural basis of conformational preferences of amino acid residues", Division of Molecular Biosciences, Imperial College, Londra, UK.
- 12-14 Aprile 2014, analisi di spettri NMR, Department of Chemistry, Cambridge, UK.
- 5-16 Marzo 2014, Esperimenti NMR su stati proteici intermedi di folding, Division of Molecular Biosciences, Imperial College, Londra, UK.

Partecipazione a congressi e corsi

- 14-15 Maggio 2024, Workshop Omics & Heritage - Metagenomes and Microbiomes for the study of cultural heritage conservation and archaeology, Roma, Italia.
- 23-25 Aprile 2024, The 3rd International Electronic Conference on Biomolecules, evento online.
- 6-9 Settembre 2021, XLIX Meeting of the Italian Association of Crystallography (AIC), evento online.
- 15-24 Giugno 2021, School of Physical Chemistry 2021 - Supramolecular Interactions in Biological Systems, evento online.
- 7-9 Giugno 2021, 2nd Italian Crystallographic Association - Biological Macromolecules (AIC-BMM) Group Meeting, evento online.
- 4-5 Maggio 2021, PDB50: A Special Symposium Celebrating the 50th Anniversary of the Protein Data Bank, evento online.
- 20-21 Febbraio 2020, 1st Italian Crystallographic Association - Biological Macromolecules (AIC-BMM) Group Meeting, Centro Studi Ricerca e Formazione Cisl Fiesole, Italia.
- 4-7 Settembre 2019, Fifth Meeting of the Italian and Spanish Crystallographic Associations MISCA V, Napoli, Italia.
- 1-4 Luglio 2019, XLVII Congresso DCF Divisione di Chimica Fisica, Università La Sapienza, Roma, Italia.
- 19-21 Novembre 2018, BBCC2018 - Bioinformatics and Computational Biology Conference, Napoli, Italia.
- 18-20 Dicembre 2017, BBCC2017 - Bioinformatics and Computational Biology Conference, 12th edition, CNR, Napoli, Italia.
- 23 Settembre 2017, Giornata scientifica della Società Italiana Peptidi dedicata ai Soci Giovani-Premio scientifico Vittorio Ersamer, Plesso Didattico Morgagni, Firenze, Italia.
- 16 Dicembre 2016, BBCC2016 - Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, Istituto di Scienze dell'alimentazione-CNR, Avellino, Italia.
- 11-22 Luglio 2016, 25th Summer School on Parallel Computing, CINECA, Roma, Italia.
- 23-25 Giugno 2016, 15th Naples Workshop on Bioactive Peptides, Napoli, Italia.
- 15-17 Giugno 2016, 13th BITS Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Università di Salerno, Italia.
- 14 Giugno 2016, workshop "Uses and Applications of Crystallographic Data in Structural Chemistry and Drug Discovery", Università di Salerno, Italia.

- 5-7 Aprile 2016, Cineca “Course High Performance Molecular Dynamics”, CINECA, Roma, Italia.
- 15-19 Febbraio 2016, NGP-net Winter School on computational methods for non-globular proteins, Università di Padova, Bressanone/Brixen, Italia.
- 4 Dicembre 2015, BBCC 2015, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, Istituto di Scienze dell'alimentazione-CNR, Avellino, Italia.
- 29-30 Settembre 2015, PhD days 2015, Biomolecular Sciences and Molecular and Cellular Biotechnology, CNR, Napoli, Italia.
- 26-30 Gennaio, 2015, XIX school of pure and applied biophysics, Theoretical and Computational Approaches to Biophysics, Venezia, Italia.
- 28 Novembre 2014, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, IX Edition, Istituto di Scienze dell'alimentazione-CNR, Avellino, Italia.
- 14 Novembre 2014, InterOmics Tutorial Day, 2nd edition, Area di Ricerca CNR, Napoli, Italia.
- 22-23 Settembre 2014, PhD days 2014, Biomolecular Sciences and Molecular and Cellular Biotechnology, Second University of Naples, Caserta, Italia.
- 20 Giugno 2014, Approaching intricate biological processes by NMR and ancillary techniques, Joint workshop by Imperial College London and CNR - Istituto di Biostrutture e Bioimmagini, Napoli, Italia.
- 5 Giugno 2014, “Roadshow 2014 – il CNR e le Infrastrutture ELETTRA, ESRF, ILL e ISIS,CNR”, Area della Ricerca di Napoli, Napoli, Italia.
- 12-14 Giugno 2014, 14th Naples Workshop on Bioactive Peptides, Napoli, Italia.
- 7-11 Aprile 2014, EMBO Practical Course on Computational Structural Biology, European Bioinformatics Institute, Hinxton, United Kingdom.
- 26-28 Febbraio 2014, BITS Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Università La Sapienza, Roma, Italia.
- 10-14 Febbraio 2014, 15th Bologna Winter School in Bioinformatics- Bioinformatics for Biological Complexity, Bologna, Italia.
- 31 Gennaio 2014, Short Course Intermediate Python programming, Laboratory for Genomics, Transcriptomics and Proteomics of CNR, Napoli, Italia.
- 10 Gennaio 2014, Short Course Python for Beginners, Laboratory for Genomics, Transcriptomics and Proteomics of CNR, Napoli, Italia.
- 15 Novembre 2013, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, 8th Edition, Istituto di Scienze dell'alimentazione-CNR, Avellino, Italia.
- 14 Novembre 2013, InterOmics Tutorial Day, Area di Ricerca CNR, Napoli, Italia.
- 21-23 Maggio 2013, 10th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Università di Udine, Udine, Italia.
- 23-25 Gennaio 2013, “Microbial infection from the chemistry perspective: the bottom-up approach”, COST Training School – COST BM1003, Universidad CEU San Pablo / CIB-CSIC, Madrid, Spain.
- 23-25 Aprile 2012, 4th edition of Campus Mentis, project organized by the Youth Department and the University of Rome “La Sapienza” for the best graduates of Italy, Roma, Italia.
- 13-17 Giugno 2005, Stage focusing on modern and contemporary physics, National laboratory (INFN), Roma, Italia.
- 16 Marzo 2006, European Masterclasses 2006, Roma Tre - Università di Roma, Italia.

Presentazioni in conferenze
Comunicazioni orali

1. Balasco N, Vitagliano L. “Atomic-level three-dimensional models of amyloid-like self-assembling peptides derived by molecular dynamics”, XLIX Meeting of the Italian Association of Crystallography (AIC), 6-9 Settembre 2021, evento online.
2. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. “Unraveling the determinants of the conformational preferences of amino acid residues: the role of the local geometry”, 2nd

Italian Crystallographic Association - Biological Macromolecules (AIC-BMM) Group Meeting, 7-9 Giugno 2021, evento online.

3. Balasco N, Esposito L, Thind AS, Guarracino MR, Vitagliano L. "The analysis of protein fine structure is a valuable tool for quality assessment", 1st AIC-BMM Group Meeting, 20-21 Febbraio 2020, Centro Studi Ricerca e Formazione Cisl Fiesole.
4. Balasco N, Diaferia C, Morelli G, Accardo A, Vitagliano L. "The supramolecular structure of selfassembled peptides unraveled by Molecular Dynamics", XLVII Congresso Nazionale DCF Divisione di Chimica Fisica, 1-4 Luglio 2019, Università La Sapienza, Roma.
5. Balasco N, Smaldone G, Ruggiero A and Vitagliano L. Ability of current force fields used in Molecular Dynamics to reproduce conformational preferences of residues falling in disallowed regions of the Ramachandran Plot. BBCC2018 - Bioinformatics and Computational Biology Conference, XIII edition, 19-21 Novembre 2018, Napoli.
6. Balasco N, Diaferia C, Morelli G, Accardo A, Vitagliano L. The atomic-level structure of novel peptide-based nanomaterials unravelled by Molecular Dynamics, BBCC2017 International Conference on Bioinformatics and Computational Biology 12th edition, Napoli, 18-20 dicembre 2017.
7. Balasco N. The use of Molecular Dynamics simulations for understanding the properties of biomolecules and biomaterials. Giornata scientifica della Società Italiana Peptidi dedicata ai Soci Giovani – Emerging peptide science from Italy, 23 Settembre 2017, Firenze.
8. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Structural determinants of the residue conformational preferences: the key role of the peptide geometry, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania - BBCC2016, 16 Dicembre 2016, Istituto di Scienze dell'Alimentazione, CNR, Avellino
9. Balasco N, Barone D, Sandomenico A, Iaccarino E, Ruvo M, Vitagliano L. Structural characterization of the Hepatitis H Virus E2 protein: computational and experimental approaches, 13th BITS Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 15-17 giugno 2016, Università degli Studi di Salerno.
10. Balasco N, Smaldone G, Pirone L, Di Gaetano S, Esposito L, Pedone EM, Vitagliano L, Atomic level definition of Cullin3 recognition by KCTDs via experiments and molecular dynamics, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, VIII edizione, 15 Novembre 2013, Istituto di Scienze dell'Alimentazione, CNR, Avellino.

Presentazioni in conferenze Posters

1. Balasco N, Vitagliano L. Molecular Dynamics of biomolecules: atomic-level models of amyloid-like self-assembling peptides. First Symposium for YouNg Chemists: Innovation and Sustainability, SYNC2022, 20-23 giugno 2022, Università Sapienza di Roma.
2. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local backbone geometry plays a key role in determining the conformational preferences of amino acids. PDB50: A Special Symposium Celebrating the 50th Anniversary of the Protein Data Bank, 4-5 Maggio 2021, evento online.
3. Balasco N, Mazzarella L, Verde C, Merlino A, Vitagliano L, Vergara A. The peculiar features of Antarctic and Sub-Antarctic fish Hemoglobins. Fifth Meeting of the Italian and Spanish Crystallographic Associations MISCA V, 4-7 Settembre 2019, Napoli.
4. Balasco N, Smaldone G, Ruggiero A, Vitagliano L. Arginine Binding Protein from *Thermotoga maritima* as a model system for protein dissection and manipulation. 15 th Naples Workshop on Bioactive Peptides, 23-25 Giugno 2016, Napoli.
5. Balasco N, Esposito L, Vitagliano L. Current Molecular Dynamics force fields do not accurately reproduce the interplay between peptide bond geometry and local conformation, BBCC 2015 - Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, 4 Dicembre 2015, ISA-CNR, Avellino.
6. Balasco N, Esposito L, Vitagliano L. Current Molecular Dynamics force fields only partially reproduce the interplay between peptide bond geometry and local conformation, XIX School of pure and applied Biophysics, Theoretical and Computational Approaches to Biophysics, 26-30 Gennaio 2015, Venezia, Italia.

7. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local backbone geometry plays a key role in determining the conformational preferences of amino acids, *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania*, IX Edizione, 28 Novembre 2014, Avellino.
8. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local backbone geometry and conformational preferences of aminoacids, 14th Naples Workshop on Bioactive Peptides, 12-14 Giugno 2014, Napoli.
9. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local backbone geometry and conformational preferences of amino acids, EMBO Practical Course on Computational Structural Biology, 7-11 Aprile 2014, European Bioinformatics Institute, Hinxton, UK.
10. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Vitagliano L. Local backbone geometry plays a key role in determining the conformational preferences of aminoacids, BITS Annual Meeting 2014, 26-28 Febbraio 2014, Università Sapienza di Roma.
11. Balasco N, Esposito L, De Simone A, Berisio R, Vitagliano L. Interplay between peptide bond geometrical parameters in peculiar structural contexts, 10th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 21-23 Maggio 2013, Università di Udine.

Attività editoriale

- Dal 2014, Membro del comitato editoriale della rivista scientifica *Discover Molecules* (Springer).
- Dal 2014, attività di referaggio per riviste scientifiche indicizzate da WOS: *BioMed Research International*, *Frontiers of Environmental Science and Engineering*, *Computational and Structural Biotechnology Journal*, *PLoS One*, *Infection*, *Genetics and Evolution*, *BioSystems*, *Biomolecules*, *JBSD*, *Scientific Reports*, *Computational and Structural Biotechnology Journal*, *Genes*, *Molecules*, *Current Issues in Molecular Biology*.
- 2023-2024, Guest editor del numero speciale "Protein Structure-Function Relationships and Inhibition: From Molecular Insights to Therapeutic Applications", sezione "Molecular Pharmacology", Rivista: *International Journal of Molecular Sciences* (ISSN 1422-0067).
- 2022-2023, Gguest editor del numero speciale "Protein Structure and Folding: AlphaFold and Beyond", sezione "Biomacromolecules: Proteins" della rivista *Biomolecules* (ISSN 2218-273X).

Coautore di siti web e dati scientifici

- Coautore di siti web accessibili gratuitamente:
 1. Sito web "A comprehensive database of AlphaFold predicted structures of KCTD oligomers" (<https://alphafold.ibb.cnr.it/>), un database di strutture di oligomeri delle proteine KCTD predette da AlphaFold.
 2. Sito web QuiProQua – QUIck PROtein structure QUALity assessment, (<http://quiproqua.na.icar.cnr.it/>) per la valutazione automatica della qualità locale e globale delle strutture proteiche.
 3. Sito web RECOVER-COVID-19 (<https://recover.ibb.cnr.it/>) che riporta analisi epidemiologiche su COVID-19 e mutazionali delle proteine del virus SARS-CoV-2.
- Coautore di dati depositati in banche dati accessibili gratuitamente: 15 strutture di proteine (codici PDB: 9FQ1, 6ZSQ, 6ZSR, 6GPD, 6GPM, 6GGP, 6GPC, 6Y16, 6Q3U, 6GGV, 6SVF, 7A99, 6RP5, 6H1Y, 6FQF) ottenute tramite cristallografia ai raggi X e depositate nel Protein Data Bank - PDB (<https://www.rcsb.org/>).

Componente di comitati organizzatori di congressi o eventi scientifici

1. Membro del comitato organizzatore della Scuola Internazionale di Cristallografia AIC CIF 2019, Napoli, 29 agosto-3 settembre 2019 (<http://www.site2018.cristallografia.org/aicschool2019.html>), evento sponsorizzato da International Union of Crystallography IUCr e riassunto in un numero speciale della newsletter (<https://www.iucr.org/news/newsletter/volume-27/number-4/cifiesta>).
2. Membro del comitato organizzatore del Congresso Internazionale congiunto italo-spagnolo MISCA V "Fifth Meeting of the Italian and Spanish Crystallographic Associations" Napoli, 4-7 settembre 2019.

Socio di organizzazioni scientifiche

1. Associazione Italiana di Cristallografia - AIC
2. Società Italiana Peptidi - ItPS

Altre attività

- Responsabile scientifico dell'assegno di ricerca post-dottorale nell'ambito del programma di ricerca PRIN2022 "Biomaterials from peptide self-assembling generated by mimicking protein amyloid-like structures", tematica: "Caratterizzazione delle interazioni chimico-fisiche in strutture supramolecolari di molecole di interesse biologico", assegnista Dott.ssa A. Cirigliano, periodo di attività: marzo 2024-febbraio 2025.
- Responsabile scientifico dell'assegno di ricerca professionalizzante nell'ambito del programma di ricerca PRIN2022 "Biomaterials from peptide self-assembling generated by mimicking protein amyloid-like structures", tematica: "Caratterizzazione sperimentale e/o computazionale di molecole organiche e biologiche", assegnista Dott. E. Panzetta, periodo di attività: maggio 2024-aprile 2025.
- Relatore della tesi dal titolo "Studio del cambiamento conformazionale dell'emoglobina di *Trematomus bernacchi* mediante simulazioni di dinamica molecolare", candidato L. Antonelli, laurea magistrale in Chimica presso l'Università Sapienza di Roma, AA 2020-2021, relatore interno: Prof. M. D'Abramo.

Dati personali

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali".

Data

Roma, 30/10/2024

