

Graziano Pesole

Curriculum Vitae

Affiliazione: Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Campus "E. Quagliariello", via Orabona 4, 70125 Bari, Italy.

Link a indicatori bibliometrici

WoS ResearcherID: <http://www.researcherid.com/rid/E-9051-2014>

Google Scholar: <https://scholar.google.it/citations?user=KXj1IFAAAAAJ&hl=it>

ORCID ID: <http://orcid.org/0000-0003-3663-0859>

Research Gate: https://www.researchgate.net/profile/Graziano_Pesole2

Scopus Author ID: <http://www.scopus.com/authid/detail.url?authorid=7005831630>

Formazione

Laurea in Chimica, Summa cum Laude, presso l'Università di Bari nell'aprile 1983, dopo aver completato un internato presso l'Istituto di Chimica Biologica presso la stessa Università, discutendo una tesi su: "La concentrazione delle trascrizioni mitocondriali nel ratto fegato ", relatori i professori Palmiro Cantatore e Cecilia Saccone Quagliariello.

Esperienza Professionale

- 12/2005 – presente: Professore Ordinario di Biologia Molecolare presso il Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica dell'Università di Bari "A. Moro", Italy
- 02/ 2010 – 07/2019 Direttore dell'Istituto di Biomembrane, Bioenergetica and Biotecnologie Molecolari, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Bari, Italy
- 12/2002 – 11/2005: Professore Ordinario di Biologia Molecolare presso il Dipartimento di Scienze Biomolecolari e Biotecnologie dell'Università di Milano, Italy
- 11/1998 – 11/2002: Professore Associato di Biologia Molecolare presso il Dipartimento di Fisiologia Generale e Biochimica dell'Università di Milano, Italy
- 03/1996 – 10/1998: Ricercatore in Biochimica presso il Dipartimento di Biologia D.B.A.F. dell'Università della Basilicata, Potenza, Italy
- 01/1989 – 02/1996 : Tecnico Laureato presso il Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare dell'Università di Bari, Italy
- 09/1986 – 01/1989 : Docente di Chimica nella scuola secondaria superiore.
- 05/1986 – 09/1986: Ricercatore presso ENICHEM VALBASENTO Labs (Pisticci - MT)
- 01/1985 – 05/1986 : Borsista presso il Centro Ricerche Bonomo (Bari - Italy)

10/1983 – 01/1985 :

Servizio Militare come Ufficiale Chimico di Complemento presso lo Stabilimento Militare Nucleare - Fisico - Chimico in Civitavecchia (Roma, Italy).

Attività di Ricerca

La Bioinformatica, la Genomica Comparata ed l'Evoluzione Molecolare sono i principali argomenti dell'attività di ricerca svolta all'interno del mio gruppo di ricerca interdisciplinare che comprende biologi molecolari, informatici e statistici. In particolare, i miei interessi includono: i) evoluzione molecolare e approcci computazionali per l'analisi strutturale e funzionale delle sequenze nucleotidiche, in particolare focalizzata sull'identificazione di elementi regolatori nelle regioni non codificanti del genoma; ii) epigenomica; iii) profilazione del trascrittoma, incluso lo studio di splicing alternativo e editing di RNA; iv) analisi funzionale di regioni non tradotte di mRNA eucariotici; v) valutazione e caratterizzazione funzionale del microbioma in campioni clinici e ambientali.

Nell'ambito dei miei studi sull'evoluzione molecolare, ho condotto diversi studi sull'evoluzione del genoma mitocondriale a livello intra-specie, al fine di chiarire alcuni aspetti dell'origine dell'uomo moderno e a livello inter-specie per ricostruire la filogenesi dei mammiferi e studiare la dinamica evolutiva del genoma mitocondriale dei Tunicati.

Più recentemente, l'attività di ricerca si è orientata sulle applicazioni bioinformatica per la gestione e l'analisi dei dati di sequenziamento massivo, fino al livello di singola cellula, tra cui: i) assemblaggio e annotazione di genomi eucariotici e procariotici; ii) studio del cross-talk nucleo-mitocondriale attraverso la ricostruzione di genomi mitocondriali completi, annotazione delle varianti e quantificazione della loro abbondanza relativa attraverso l'analisi dei dati di sequenza dell'intero genoma (WGS) o esoma (WES); iii) profilazione del trascrittoma della porzione codificante e non codificante dei genomi (ad es. miRNA, lincRNA, circRNA), compresa la caratterizzazione di nuove isoforme di splicing, per studiare l'espressione genica in condizioni di salute e malattia e identificare biomarcatori molecolari diagnostici e prognostici; iv) Rilevazione e valutazione funzionale delle mutazioni patogenetiche; v) analisi di dati ChIP-Seq per la caratterizzazione epigenetica in condizioni normali e patologiche; vi) studi di editing dell'RNA per la valutazione del suo ruolo funzionale in condizioni normali e patologiche; vii) Approcci di Metagenomica per studiare la composizione microbica di campioni clinici e ambientali e il suo ruolo funzionale.

Nell'ambito della mia attività di ricerca nel campo della bioinformatica, ho sviluppato diversi database specializzati tra cui:

- D1) **UTRdb / UTRsite** (<http://utrdb.ba.itb.cnr.it/>), che raccolgono sequenze non tradotte di mRNA e relativi motivi regolatori coinvolti nella regolazione post-trascrizionale dell'espressione genica.
- D2) **ASPicDB** (<http://srv00.recas.ba.infn.it/ASPicDB/>), che raccoglie eventi di splicing alternativo di geni umani e di altri organismi.
- D3) **SpliceAid-F** (<http://srv00.recas.ba.infn.it/SpliceAidF/>), che raccoglie informazioni sui fattori proteici che regolano lo splicing e sui loro siti di legame sull'RNA.
- D4) **ITSoneDB** (<http://itsonedb.cloud.ba.infn.it/>), una raccolta curata di sequenze ribosomiali eucariotiche di RNA Internal Transcription Spacer 1 (ITS1) volte a supportare le indagini metagenomiche delle comunità microbiche eucariotiche.
- D5) **REDIportal** (<http://srv00.recas.ba.infn.it/atlas/>), una raccolta completa di eventi di RNA editing ti tipo A-I nell'uomo e in altri organismi.

Ho anche sviluppato diversi algoritmi e software per l'analisi delle sequenze, dedicati all'identificazione e alla caratterizzazione di elementi regolatori nelle regioni del genoma non codificanti e all'analisi dei dati di sequenziamento di massivo (NGS), tra cui:

- S1) **PatSearch**, per la rilevazione di pattern di espressione regolare e motivi strutturali nelle sequenze di nucleotidi;
- S2) **CSTminer / GenoMiner**, per l'identificazione cieca di tag di sequenza conservati codificanti e non codificanti attraverso il confronto a coppie di sequenze di genomi;
- S3) **Weeder**, per l'identificazione di promotori e di altri elementi regolatori dell'espressione genica, rilevando modelli di nucleotidi sovrarappresentati nelle sequenze di nucleotidi;
- S4) **RNAprofile**, per la scoperta di sequenze conservate / motivi strutturali in sequenze RNA non allineate;
- S5) **Exalign**, per analisi comparative delle strutture geniche esone-introne;
- S6) **ExpEdit** e **REDITOOLS**: per esplorare gli eventi di RNA editing in dati NGS;
- S7) **WEP / CoVaCS**: per la caratterizzazione delle varianti geniche attraverso l'analisi dati NGS
- S8) **RAP** e **NGS-Trex**: per la profilazione del trascrittoma e l'analisi dell'espressione differenziale dai dati RNA-Seq;
- S9) **BioMaS**: una pipeline modulare per la caratterizzazione del microbioma sulla da dati di DNA meta-barcoding ;
- S10) **Metashot**: una pipeline modulare per la caratterizzazione del microbioma sulla base di dati di sequenziamento shotgun ;
- S11) **A-GAME**: un servizio web basato su Galaxy per analisi bioinformatiche di dati metanogenomici funzionali.
- S12) **VYNIL**, un software per la prioritizzazione delle varianti genetiche patogeniche.
- S13) **aSCAN**, un software per l'analisi dell'espressione allele-specifica.
- S14) **CorGAT**, un software per l'annotazione funzionale dei genomi di SARS-Cov-2.

Tutti gli strumenti sopra descritti sono disponibili come software standalone o tramite browser Web

Indicatori Bibliometrici

La produzione scientifica comprende oltre 3200 pubblicazioni su riviste internazionali con peer-review International Journals (h-index=77 (Google Scholar) or 60 (Scopus), citazioni medie per item>90, citazioni totali ≥22,000.

Libri

- Principi di Bioinformatica. Gnocchi editore (Napoli, 1997)
- Introduzione alla Bioinformatica. Zanichelli editore (Bologna, 2003)
- Handbook of Comparative and Evolutionary Genomics. Wiley Ed. (New York, 2003)
- Biologia Molecolare, Ambrosiana & Zanichelli Ed. (I edizione Milano, 2010; II edizione Milano, 2014, III edizione Milano, 2018)
- Fondamenti di Bioinformatica, Zanichelli Ed. (Milano, 2018)
- Tecniche e metodi di Biologia Molecolare, CEA Ed. (Milano 2021)

Brevetti

1. GeneUP algorithm to search optimal primers for RNA fingerprinting (Pat. No. 08/925,816/Sep 5th 1997 entitled to Michael McClelland and Graziano Pesole).

2. Method for the preparation and amplification of representative and strand- specific libraries of cDNA for high throughput sequencing, use thereof, kit and cartridges for automation kit - Application Numbers & Dates: EP11738288 2011-05-30 [2011EP-0738288] A1 (Brevetto italiano n. RM2010A000293/2010) -Applicant/Assignee: CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE [IT]

Attività Editoriale

- Section Editor of “BMC Bioinformatics”
- Member of the Editorial Board of “Briefings in Bioinformatics”
- Member of the Editorial Board of “BMC Genomics”
- Member of the Editorial Board of “Nature Scientific Reports”
- Member of the Editorial Board of “Computational Biology and Chemistry”
- Member of the Editorial Board of “Comparative and Functional Genomics”
- Member of the Editorial Board of “International Journal of Evolutionary Biology”
- Member of the Editorial Board of “Frontiers in Genetics”
- Member of the Editorial Board of “Genes”
- Member of the Editorial Board of “Microorganisms”

Coordinatore di Progetti di Ricerca di grande rilevanza nazionale e internazionale (2010 – 2019)

Ho coordinato diversi programmi di ricerca finanziati da agenzie nazionali (MIUR, CNR, Telethon, AIRC, AISM, ARISLA) e internazionali (UE, NIH). Di seguito l'elenco dei progetti di ricerca negli ultimi cinque anni (budget totale > 10 milioni di euro):

- INTERREG V-A Regione Puglia - 2021- "Study of viral clusters and gene variants related to the SARS-Cov-2 host response in the Apulia and Epirus regions" (Project coordinator)
- H2020-SC1-DTH-2019-2 - 2020-2022 - Beyond 1M Genomes (B1MG) (GA 951724) (Project Research Unit coordinator)
- H2020-INFRAEOSC-2018-3 - 2019-2022 - EOSC-Pillar - Coordination and Harmonisation of National Initiatives, Infrastructures and Data services in Central and Western Europe (GA 857650) (Project Research Unit coordinator)
- H2020-INFRADEV-2019-2 - 2020-2023 - ELIXIR-CONVERGE: Connect and align ELIXIR Nodes to deliver sustainable FAIR life-science data management services (GA 871075) (Project Research Unit coordinator)
- H2020-BG-2018-2020 - 2020-2023 - NewTechAqua: New Technologies, Tools and Strategies for a Sustainable, Resilient and Innovative European Aquaculture (Project Research Unit coordinator)
- H2020-SC1-BHC-2018-2020 - 2019-2023 - European Joint Programme on Rare Diseases (GA 825575) (Project Research Unit coordinator)
- H2020-INFRAEOSC-2018-2020 EOSC-Life - 2019-2023 - Providing an open collaborative space for digital biology in Europe (Project Research Unit coordinator)
- FISM 2017 (2019-2020) - Epstein-Barr virus genotypes in multiple sclerosis and their functional relevance in the disease etiology (Project Research Unit coordinator)
- Cluster Tecnologici Regione Puglia (2015-2017) - "DICLIMAX: Strumentazione per diagnostica clinica basata su next generation sequencing di acidi nucleici" (Project Research Unit coordinator)

- H2020-INFRADEV-2014-2 GLOBIS-B (2015-2018)- GLOBAL Infrastructures for Supporting Biodiversity research (Project Research Unit coordinator)
- H2020-INFRADEV-1-2015-1 ELIXIR-EXCELERATE (2015-2019) - Fast-track ELIXIR implementation and drive early user exploitation across the life sciences (Project Research Unit coordinator)
- H2020-BG-2014-2 INMARE (2015-2019) - Industrial Applications of Marine Enzymes: Innovative screening and expression platforms to discover and use the functional protein diversity from the sea (Project Research Unit coordinator)
- H2020-INFRADEV-1-2014-1 EMBRIC (2015-2019)- European Marine Biological Research Infrastructure Cluster to promote the Blue Bioeconomy (Project Research Unit coordinator)
- H2020-EINFRA-2014-2 INDIGO (2015-2017) - INTEGRating Distributed data Infrastructures for Global ExpLOitation (Project Research Unit coordinator)
- ERC HomeoGUT (2014-2019) - Immune mechanisms that control the homeostasis of the gut and that are deregulated in intestinal pathologies (G.A: 615735) (Project research unit coordinator)
- FP7 INFRASTRUCTURES-2011-2 - BioVel (2011-2014) - Biodiversity Virtual e-laboratory - (GRANT AGREEMENT FP7 N. 283359) (Project research unit coordinator)
- FP7 INFRASTRUCTURES-2011-2 - CREATIVE-B (2011-2014) - Coordination of Research e-Infrastructures Activities Toward an International Virtual Environment for Biodiversity (GRANT AGREEMENT FP7 N. 284441) (Project research unit coordinator)
- FISM (2011-2014) - High-throughput investigation of Multiple Sclerosis associated infectious agents by unbiased cDNA deep sequencing (Project coordinator)
- FISM (2010-2013) - Characterization of Epstein-Barr virus genotypes in multiple sclerosis through next generation sequencing approaches (FISM 2011/R/31) (Project research unit coordinator)
- PO FESR 2007-2013 - PON02_00186_34147512 (2012-2015) - Strumenti Innovativi per il Miglioramento della Sicurezza Alimentare (S.I.Mi.S.A.) (Project research unit coordinator)
- ARISLA - REDISALS - RNA editing landscape of motor neurons in sporadic ALS by massive transcriptome sequencing (Project coordinator)
- PO FESR 2007-2013 - VIRTUALAB PON 01_01297 (2011-2015) - Sistemi avanzati di Meccatronica Biomedicale di Diagnosi di Terapia Medica basati su Realtà Virtuale e Aumentata, Microelettronica, e su Laboratori robotizzati ad elevato throughput (Project research unit coordinator)
- PO FESR 2007-2013 - MICROMAP PON 01_02589 (2011-2015) - Sviluppo di una piattaforma tecnologica multiplex per diagnostica molecolare, portatile ed automatizzata, basata sulla logica strumentale del lab-on-chip, in grado di consentire applicazioni multiparametriche in campo infettivologico. (Project research unit coordinator)
- PO FESR 2007-2013 - BIOforIU PONa3_00025 (2012-2015) - Infrastruttura multidisciplinare per lo studio e la valorizzazione della Biodiversità marina e terrestre nella prospettiva della "Innovation Union" (Project coordinator)
- Progetto Bandiera CNR – EPIGEN (2012-2018) (Project research unit coordinator)
- Progetto ESFRI ELIXIR (2012-2023) - European infrastructure for biological data (Project coordinator)
- Progetto ESFRI Lifewatch (2012-2023) - European infrastructure for Molecular Biodiversity (Project research unit coordinator)
- Eu-JPI ENPADASI (2015-2016) - the European Nutrition Phenotype Assessment and Data Sharing Initiative (Project research unit coordinator)

Attività di gestione ed esperienza nella direzione di strutture ad alto contenuto scientifico e tecnologico

- Direttore del Consorzio Interuniversitario Biotecnologie (CIB) (2020-oggi)
- Membro del Comitato Tecnico Scientifico di ALISEI (2020-oggi)
- Direttore dell'Istituto di Biomembrane, Bioenergetica and Biotecnologie Molecolari, CNR, Bari (2010-2019)
- Responsabile del nodo italiano di ELIXIR, l'infrastruttura ESFRI per i dati biologici (2012-oggi)
- Presidente del Comitato Scientifico (Comitato Tecnico Scientifico) del Distretto Tecnologico per le Biotecnologie per la Salute dell'Uomo in Puglia – H-BIO (2013-oggi)
- Presidente del MoBiLab (Molecular Biodiversity Laboratory) dell'infrastruttura ESFRI per la biodiversità "LifeWatch" (2013-oggi).

Competenze linguistiche

Inglese (level C2 for listening, reading, writing)

Esperienza nella gestione delle risorse umane

Ho maturato una notevole esperienza nella gestione delle risorse umane durante la mia direzione all'Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari del Consiglio Nazionale delle Ricerche (IBIOM-CNR) da febbraio 2010 a luglio 2019. Inoltre, sono attualmente a capo di ELIXIR Italia, il nodo italiano dell'infrastruttura europea per le scienze della vita, tra cui 23 istituti accademici, di ricerca e tecnologici in tutta Italia e coinvolgendo oltre 100 persone che contribuiscono (<http://elixir-italy.org>).

Attualmente, dirigo un grande gruppo di ricerca multidisciplinare di oltre 20 persone tra biologi molecolari e cellulari, bioinformatici, statistici e informatici delle università di Bari e Milano e IBIOM-CNR.

Capacità di sviluppare relazioni di collaborazione pubblico-privato nel settore della ricerca

Ho coordinato diversi progetti di ricerca in collaborazione con grandi (ad es. Bayer, Novozyme) e medie (ad es. Masmec, Eusoft) in contesti internazionali (H2020), nazionali (PON, MISE) e regionali (PO-FESR). Alcuni di questi progetti hanno permesso lo sviluppo di prototipi di dispositivi per analisi genomiche attualmente sul mercato (ad es. Manipolatore di liquidi OMNIA LH100 di Masmec srl). Inoltre, ho coordinato diversi contratti di ricerca di terze parti tra l'Università di Bari o IBIOM-CNR e partner privati per fornire competenze e servizi per applicazioni biotecnologiche e biomediche. Nell'ambito delle attività di ELIXIR-Italia, nel 2019 ho organizzato un forum industriale per promuovere l'incontro tra partner pubblici e privati nel campo della biotecnologia e della medicina di precisione (<https://elixir-europe.org/events/sme-2019-milan>).

Esperienza nella valutazione dei risultati della ricerca nazionale e internazionale

Ho una consolidata esperienza di revisore di manoscritti per giornali di elevata collocazione editoriale (ad es. Nature, Science, Cell Press, Elsevier ecc.) e di programmi di ricerca di numerose agenzie di

finanziamento nazionali e internazionali. In particolare, ho esaminato > 200 manoscritti e > 30 progetti di ricerca nell'ultimo decennio (2011-2019).

Inoltre, ho agito come Program Committee per numerose conferenze internazionali:

AICoB 2019

BITS 2011, 2012, 2013, 2014

CCGRID 2014

BCE 2010, 2016, 2018

IWBBIO 2016

NETTAB 2015, 2018

NGS 2017

Premi e Riconoscimenti

- Associazione "G. Quagliariello" Award (1999)
- Membro di Academia Scientiarum Instituti Bononiensis – Alma Mater Studiorum (2019-presente)

Membership of di Società Scientifiche e Consorzi (2010-presente)

- BITS – Società Italiana di Bioinformatica (Fondatore and Past-President)
- Italian Society for Molecular Biology and Biophysics (SIBBM)
- ISCB (International Society of Computational Biology)
- INBB (Istituto Nazionale di Biostrutture e Biosistemi)
- CIB (Consorzio Interuniversitario Biotecnologie)
- CEGBA (Centro di Eccellenza in Genomica Comparata), Bari, Italy

Relazioni su invito (2011-presente, selezionate)

Pesole G. Comparative and evolutionary genomics of SARS-Cov2, International Genomics Conference of the Iranian Academy of Science, October 1st, 2020 (online)

Pesole G. Comparative and evolutionary genomics of SARS-Cov2, International FISV Symposium on SARS-Cov-2 Biology and Covid-19, September 16, 2020 (online)

Pesole G. Gene complexity in the post-genomic era: computational approaches for the functional assessment of transcription isoforms, Oxford Global, SynGen Series, 7-8 November 2019, London (UK)

Pesole G. Metagenomics: High-Throughput profiling of Microbiome-Host interactions, Globis-B, Fourth International Workshop on Essential Biodiversity Variables, Bari, 26 February, 2018

Pesole G. Single cell transcriptomics reveals specific RNA editing signatures in the human brain. 9th Annual Next Generation Sequencing Congress, 5th Annual Single Cell Analysis Congress and 3rd Annual Genome Editing Congress. 9-10 November 2017, Novotel London West Hotel, London, UK

Pesole G. Computational investigation of epigenetic regulation mechanisms by simultaneous analysis of genome and transcriptome data. SMBE satellite meeting on RNA modifications and its implications on adaption and evolution. Valencia (Spain) May 17-20 2016

Pesole G. BioMas: a cloud-based web service for the analysis of DNA meta-barcoding amplicons – The case study of harmful microalgae. Open bridges for life science data. Metagenomics: bridging between environment and life. 18 November 2015, Hinxton (UK)

- Pesole G.** Elixir: an european infrastructure for biological data. Workshop on Italian-German Cooperation in Biological and Medical Research Infrastructures. Berlin, 16-17. December 2014 Italian Embassy, Tiergartenstrasse 22.
- Pesole G.** BioMas: a cloud-based service facility for the analysis of DNA meta-barcoding amplicons. Joint 2014 Annual Meeting British Ecological Society and Société Française d'Ecologie. 9 – 12 December 2014, Grand Palais, Lille, France
- Pesole G.** High-throughput investigation of RNA editing in Amiotrophic Lateral Sclerosis. NGS and non-coding RNA data analysis. SeqAhead COST Action Workshop. Bari (Italy), 17-18 April 2013
- Pesole G.** Experimental and computational strategies for large scale investigation of human mutations involved in genetic diseases through whole exome sequencing: implications for early diagnosis and personalized therapies. 6th Foresight Training Course, Biotech and Innovative Science to meet patient needs. Bari (Italy), 30th September 2013
- Pesole G.** Identification of tumor-associated cassette exons in human cancer through exon array and RNA-Seq data analysis. Post-GWAS Horizons in Molecular Epidemiology: Digging deeper into the environment. 11-14 November 2012, Westin Diplomat Resort, Hollywood, FL, USA.
- Pesole G.** ASPicDB a database of annotated transcript and protein variants generated by alternative splicing. First Post-EURASNET Symposium, Regulation of Gene Expression through RNA splicing, Trieste (Italy), 24-27 March 2012
- Pesole G.** High-througput sequencing for transcriptome profiling and alternative splicing pattern analysis. 12th Bologna Winter School. Deep Sequencing Analysis Data: a challenge for personalized medicine. Bologna, 7-11 February 2011
- Pesole G.** De novo detection of RNA editing changes by RNA deep-sequencing. 12th Bologna Winter School. Deep Sequencing Analysis Data: a challenge for personalized medicine. Bologna, 7-11 February 2011

Publicazioni

WoS ResearcherID: <http://www.researcherid.com/rid/E-9051-2014>

Google Scholar: <https://scholar.google.it/citations?user=KXj1IFAAAAAJ&hl=it>

ORCID ID: <http://orcid.org/0000-0003-3663-0859>

Scopus Author ID: <http://www.scopus.com/authid/detail.url?authorId=7005831630>