

## Manuela Helmer-Citterich Curriculum vitae

Dopo la laurea in fisica col prof. Mario Ageno nel 1981 all'Università degli Studi di Roma La Sapienza, ha lavorato presso il laboratorio del prof. Pino Macino allo studio della struttura genica e della regolazione del DNA mitocondriale di *Neurospora crassa*.

Nel 1983 ha vinto un posto di ricercatore in Genetica presso l'Università di Roma Tor Vergata e ha lavorato col prof. Enrico Calef alla caratterizzazione delle giunzioni tra il DNA nucleare umano e il virus di Epstein-Barr.

Dal 1986 al 1988 ha lavorato come post-doc all'EMBL di Heidelberg prima nel gruppo di Structural Biology, col dr. Dave Banner, e poi nel gruppo di Gene Expression col prof. Gianni Cesareni, col quale ha continuato a collaborare anche negli anni successivi, occupandosi dell'interazione tra RNA e proteine nel sistema di regolazione di ColE1.

Dal 1991 al 1993 è stata ospite della prof. Anna Tramontano nel gruppo di Biologia Computazionale dell'IRBM di Pomezia, dove ha sviluppato un programma per il docking di proteine.

Dal 1992 al 2001 ha tenuto il corso "Laboratorio di Metodologie Genetiche", corso opzionale nel corso di Laurea in Scienze Biologiche, incentrato su metodi e strumenti della bioinformatica.

Dal 1993 coordina il gruppo di Bioinformatica del Dipartimento di Biologia di Tor Vergata.

Nel 2000 ha preso servizio come professore associato di Biologia Molecolare presso l'università di Tor Vergata.

Dal 2002 al 2005 è stata docente del corso obbligatorio di Bioinformatica nelle lauree triennali in Biologia Cellulare e Molecolare, Biologia Umana, Biotecnologie.

Dal 2003 è stata docente del corso di Bioinformatica Molecolare per le Lauree Specialistiche in Biologia Cellulare e Molecolare, Biologia Evoluzionistica ed Umana, Bioinformatica.

È responsabile della Laurea Specialistica e della Laurea Magistrale in Bioinformatica.

Dal 2005 al 2009 è stata docente del corso di Bioinformatica per il corso di laurea triennale in Biologia Cellulare e Molecolare.

È autrice di una cinquantina di lavori su riviste scientifiche internazionali con impact factor. È co-autrice del testo "Introduzione alla Bioinformatica", ed Zanichelli.

È membro della Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e della International Society of Computational Biology (ISCB). È Socio Fondatore della Società Italiana di Bioinformatica (BITS), fa parte del Direttivo dalla sua fondazione. È referee di diverse riviste scientifiche internazionali (PNAS, PLOS Biology, Bioinformatics, BMC Bioinformatics, PLOS Comp. Biology, Proteins, Journal of Molecular Biology, FEBS Letters, Nucleic Acids Research, Protein Engineering, Proteomics, BMC Structural Biology, Molecular Evolution, etc).

### Pubblicazioni più significative dal 2000 in poi

Ausiello, G., Gherardini, P.F., Marcatili, P., Tramontano, A., Via, A., **Helmer-Citterich, M.** (2008). FunClust: A web server for the identification of structural motifs in a set of non-homologous protein structures. **BMC Bioinformatics**, 9,(Suppl. 2): S1.

Gherardini, P.F., Wass, M.N., **Helmer-Citterich, M.**, Sternberg, M.J. (2007). Convergent Evolution of Enzyme Active Sites Is not a Rare Phenomenon. **J Mol Biol.**, 372:817-845.

Ferraro, E., Peluso, D., Via, A., Ausiello, G., **Helmer-Citterich, M.** (2007) SH3-Hunter: discovery of SH3 domain interaction sites in proteins. **Nucl. Acids Res.**, 35:W451-454.

Via, A., Peluso, D., Gherardini, P.F., de Rinaldis, E., Colombo, T., Ausiello, G., **Helmer-Citterich, M.** (2007) 3dLOGO: a web server for the identification, analysis and use of conserved protein substructures. **Nucl. Acids Res.**, 35:W416-419.

Ausiello, G., Peluso, D., Via, A., **Helmer-Citterich, M.** (2007). Local comparison of protein structures highlights cases of convergent evolution in analogous functional sites. **BMC Bioinformatics**, 8(Suppl.1): S24.

Via, A., Gherardini, P.F., Ferraro, E., Ausiello, G., Scalia Tomba, G. and **Helmer-Citterich, M.** (2007). False occurrences of functional motifs in protein sequences highlight evolutionary constraints. **BMC Bioinformatics**, 8:68.

Zanzoni, A., Ausiello, G., Via, A., Gherardini, P.F., **Helmer-Citterich**, M. (2007). Phospho3D: a database of three-dimensional structures of protein phosphorylation sites. **Nucl. Acids Res.**, 35:D229-D23.

Ferraro, E., Via, A., Ausiello, G., **Helmer-Citterich**, M. (2006) A novel structure-based encoding for machine-learning applied to the inference of SH3 domain specificity. **Bioinformatics**, 22:2333-2339.

Ausiello, G., Via, A., **Helmer-Citterich**, M. (2005). Query3d: a new method for high-throughput analysis of functional residues in protein structures. **BMC Bioinformatics**, 6(Suppl 4):S5.

Ferrè, F., Ausiello, G., Zanzoni, A., **Helmer-Citterich**, M. (2005). Functional annotation by identification of local surface similarities: a novel tool for structural genomics. **BMC Bioinformatics**, 6:19.

Ausiello, G., Zanzoni, A., Peluso, D., Via, A., **Helmer-Citterich**, M. (2005) pdbFun: Mass selection and fast comparison of annotated PDB residues. **Nucl.Acids Res.**, 33:133-137.

Ferrè, F., Ausiello, G., Zanzoni, A., **Helmer-Citterich**, M. (2004). SURFACE: a database of protein surface regions for functional annotation. **Nucl.Acids Res.**, 32, 240-244.

Brannetti, B., **Helmer-Citterich**, M. (2003) iSPOT: a web tool to infer the interaction specificity of families of protein modules. **Nucl. Acids Res.**, 31: 3709-3711.

Puntervoll, P., Linding, R., Gemuend, C., Chabanis-Davidson, S., Mattingsdal, M., Cameron, S., Martin, D.M.A., Ausiello, G., Brannetti, B., Costantini, A., Ferrè, F., Maselli, V., Via, A., Cesareni, G., Diella, F., Superti-Furga, G., Wyrwicz, Ramu, C., McGuigan, C., Gudavalli, R., Letunic, I., Bork, P., Rychlewski, Kuester, B., **Helmer-Citterich**, M., Hunter, W.N., Aasland, R. and Gibson, T. (2003) ELM server: a new resource for investigating short functional sites in modular eukaryotic proteins. **Nucl. Acids Res.**, 31: 3625-3630

Via, A., Ferre' F., Brannetti, B. and **Helmer Citterich**, M. (2000) Protein surface similarities: a survey of methods to describe and compare protein surfaces. **Cell. Mol.Life Sci.**, 57, 1970-1977.

Via, A., Ferre', F., Brannetti, B., Valencia, A. and **Helmer Citterich**, M. (2000). 3D view of the surface motif associated to the Ploop structure: *cis* and *trans* cases of convergent evolution. **J.Mol.Biol.**, 303, 455-465.

Brannetti, B., Via, A., Cestra, G., Cesareni, G. and **Helmer Citterich**, M. (2000) SH3-SPOT: an algorithm to predict preferred ligands of different members of the SH3 gene family. **J.Mol.Biol**, 298, 313-328.

## Libri

1) The Internet for Cell and Molecular Biologists - ed. A. Cabibbo, R.P. Grant, M. **Helmer-Citterich** , Horizon Scientific Press, 368 pages, April 2002, ISBN: 1-898486-32-8 (hbk).

2) Valle, G., **Helmer-Citterich**, M. , Attimonelli, M., Pesole, G. (2003) Introduzione alla Bioinformatica - ed. Zanichelli, ISBN 8808079678.

3) The Internet for Cell and Molecular Biologists (2nd edition) - ed. A. Cabibbo, R.P. Grant, M. **Helmer-Citterich** , Horizon Scientific Press, 452 pages, August 2004, ISBN: 0-9545232-0-2, paperback.