

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Selezione pubblica per n.1 posto di Ricercatore a tempo determinato ai sensi dell'art.24, comma 3, lettera b) della Legge 240/2010 per il settore concorsuale 05/F1 Biologia Applicata, settore scientifico-disciplinare BIO/13 Biologia Applicata, presso il Dipartimento di ONCOLOGIA ed EMATO-ONCOLOGIA

**Tiziana Bonaldi
CURRICULUM VITAE****INFORMAZIONI PERSONALI**

COGNOME	BONALDI
NOME	TIZIANA
DATA DI NASCITA	04/07/1973, MILANO

INDIRIZZO: VIA ADAMELLO 16, 20139 MILANO
TELEFONO: +39/02 94375123
FAX: +39/02 94375990
E-MAIL: TIZIANA.BONALDI@IEO.IT

CODICI IDENTIFICATIVI BIBLIOMETRICI
ORCID-ID: 0000-0003-3556-1265
SCOPUS-ID: 6602996150
RESEARCHER ID: K-5075-2016

TITOLI E POSIZIONI ATTUALI

- **Direttore di Gruppo di Ricerca** (Tenured Group Leader) “Nuclear Proteomics to Study Gene Expression Regulation in Cancer”, Dipartimento di Oncologia Sperimentale, Istituto Europeo di Oncologia
- **Professore a Contratto** per l’Insegnamento “Proteomics”, per il Settore BIO/10 - Biochimica per il Corso di Laurea Magistrale in “Biomedical Omics” dell’Università degli Studi di Milano (Anno Accademico 2020/2021)

EDUCAZIONE/TITOLI DI STUDIO

04/04/2003 Dottorato di Ricerca/PhD in Biologia Molecolare e Cellulare con The Open University - Milton Keynes/DiBit - Libera Università Vita-Salute di Milano
16/12/1997 Laurea Magistrale in Scienze Biologiche, Università degli Studi di Milano (votazione 110/110 e lode)
04/07/1992 Maturità Scientifica, Liceo Scientifico Leonardo da Vinci di Crema (CR) (votazione 60/60)

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA PRESSO QUALIFICATI ISTITUTI ITALIANI O STRANIERI

02/01/2008- 31/12/2015 Junior Group Leader (tenure-track) Dipartimento di Oncologia Sperimentale dell’Istituto Europeo di Oncologia, Milano
01/01/2006- 31/12/2007 Post-doc fellow presso il dipartimento di Proteomica e Trasduzione del Segnale dell’Istituto Max Planck di Biochimica di Martinsried (Germania)

01/01/2004- 31/12/2005	Post-doc fellow con borsa "EMBO long-term Fellowship" erogata da European Molecular Biology Organisation (EMBO) , per svolgere progetto di ricerca scientifico presso la LMU di Monaco di Baviera, Germania)
01/12/2002- 31/01/2003	Visiting Scientist presso il laboratorio Mass Spectrometry di M. Wilm all' EMBL di Heidelberg, come post-doctoral fellow della LMU di Monaco di Baviera, Germania
01/12/2002- 31/12/2003	Post-doctoral fellow, presso Dipartimento di Biologia Molecolare della Ludwig Maximilian University (LMU) di Monaco di Baviera, Germania
01/03/2002- 30/11/2002	Assegnista di ricerca presso La Libera Università Vita Salute S. Raffaele di MILANO

ABILITAZIONI

Abilitazione Nazionale alle funzioni di Professore Universitario di **SECONDA FASCIA** nei settori:

- **Biologia Applicata 05/F1**(valida dal 22/01/2014 al 22/01/2023)
- **Biologia Molecolare 05/E3** (valida dal 12/02/2014 al 12/02/2023)
- **Biochimica Generale e Biochimica Clinica 5/E1**(valida dal 16/06/2014 al 16/06/2023)

ATTIVITÀ DIDATTICA A LIVELLO UNIVERSITARIO, IN ITALIA O ALL'ESTERO

Anno accademico 2020-2021

- Attività di insegnamento come professore a contratto per il corso "Proteomics" della Laurea Magistrale Biomedical OMICS dell'Università degli Studi di Milano:
 - **8 ORE di didattica formale**
 - **16 ORE di Didattica informale**
- "Invited seminar" nell'ambito dei seminari per gli studenti della Laurea Magistrale in "Bioinformatics for Computational Genomics", dell'Università degli Studi di Milano. **2 Ore di didattica formale**
- "Invited Lecture" per il Corso di Dottorato in Scienze farmacologiche biomolecolari, sperimentali e cliniche dell'Università degli studi di Milano. Insegnamento "The central role of metabolism in health and disease: concepts, omics approaches, their interpretation and applications". **4 ORE di didattica formale**
- "Invited Lecturer" per il corso di Dottorato "Mass Spectrometry-based proteomics and its applications in biology", del NNF Center for Protein Research (CPR), Università di Copenhagen. **2 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Systems Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM)
 - **4 ORE di didattica formale**
 - **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2019-2020

- "Invited seminar" nell'ambito dei seminari per gli studenti della Laurea Magistrale in "Bioinformatics for Computational Genomics", dell'Università degli Studi di Milano. **2 ORE di didattica formale**
- "Invited Lecture" per il Corso di Dottorato in Scienze farmacologiche biomolecolari, sperimentali e cliniche dell'Università degli studi di Milano. Insegnamento "The central role of metabolism in health and disease: concepts, omics approaches, their interpretation and applications". **3 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Systems Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **4 ORE di didattica formale**
 - **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2018-2019

- "Invited lecture" nell'ambito del corso di "Advanced Bioinformatics for Biotechnology" della Laurea Magistrale in "Molecular Biotechnology and Bioinformatics" dell'Università degli Studi di Milano. **4 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Systems Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **4 ORE di didattica formale**

- **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2017-2018

- "Invited lecture" nell'ambito del corso di "Advanced Bioinformatics for Biotechnology" della Laurea Magistrale in "Molecular Biotechnology and Bioinformatics" dell'Università degli Studi di Milano. **4 ORE di didattica formale**
- "Invited Lecturer" per il corso di Dottorato "Mass Spectrometry- based proteomics and its applications in biology", del NNF Center for Protein Research (CPR), Università di Copenhagen. **2 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Systems Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **4 ORE di didattica formale**
 - **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2014- 2015

- "Invited lecture" per il corso "Clinical Biochemistry" della Laurea Magistrale in Biologia Molecolare dell'Università del Piemonte Orientale, Novara. **3 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Systems Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **4 ORE di didattica formale**
 - **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2013- 2014

- "Invited lecture" per il corso di Dottorato "Mass-spectrometry and Proteomics in cell biology research" dell'Università di Padova. **2 ORE di didattica formale**
- Coordinatrice e Lecturer del corso "Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Molecular Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **4 ORE di didattica formale**
 - **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2010-2011

- "Invited lecture" per il corso di Dottorato "Mass Spectrometry-based proteomics and its applications in biology", del NNF Center for Protein Research (CPR), Università di Copenhagen. **2 ORE di didattica formale**
- "Invited Lecture" per corso di Dottorato "Mass-spectrometry and Proteomics in cell biology research" presso l'Istituto CNR di Neuroscienze, Milano. **2 ORE di didattica formale**
- Lecturer per il Corso "Genomics & Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Molecular Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **3 ORE di didattica formale**
 - **3 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**

Anno Accademico 2009-2010

- "Invited Lecture" per il corso "Epigenetics" per il programma di Dottorato del Dipartimento di Genetica dell'Università degli Studi di Milano. **2 ORE di didattica formale**
- Invited Lecturer per il corso di Dottorato "Mass Spectrometry-based proteomics and its applications in biology", del NNF Center for Protein Research (CPR), Università di Copenhagen. **2 ORE di didattica formale**
- Lecturer per il Corso "Genomics & Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Molecular Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **3 ORE di didattica formale**
 - **3 ORE di didattica non formale (esercitazioni pratiche di laboratorio)**
 -

Anno Accademico 2008-2009

- Lecturer per il Corso "Genomics & Proteomics" per il Programma di Dottorato in "Molecular Medicine" della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM).
 - **3 ORE di didattica formale**

ALTRA ATTIVITA' ACCADEMICA A CORSI E SCUOLE INTERNAZIONALI

- 2020 Scuola Teorico-Pratica di Proteomica ItPA (c/o CEINGE- Biotecnologie Avanzate, Napoli). **1,5 ORE di didattica formale**
- 2019 EMBL Course: Chromatin Signatures During Differentiation: Integrated Omics (EMBL, Heidelberg, DE). **1 ORA di didattica formale**
- 2015 9th European Summer School on Advanced Proteomics, Brixen (IT). **3 ORE di didattica formale**
- 2010 HUPO2010 Education and Training day; Sydney (AU). **2 ORE di didattica formale**
- 2007 Practical Course "MS-based Proteomics and Quantitative Proteomics" at the Max Planck Institute of Biochemistry, Martinsried (DE). **12 ORE di didattica non formale (esercitazioni di laboratorio)**

RELATORE DI TESI DI LAUREA UNIVERSITARIE

Relatore Interno per Tesi di Dottorato per il Programma di Dottorato della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM), in Alleanza con l'Università degli Studi di Milano

- 2019 - current Giulia Robusti, curriculum: Molecular Oncology, programma: Systems Medicine
- 2018 - current Marianna Maniaci, curriculum: Molecular Oncology, programma: Systems Medicine
- 2017- current Enrico Massignani, curriculum: Computational Biology, programma: Systems Medicine
- 2015- 2019 Luciano Nicosia, curriculum: Molecular Oncology, programma: Systems Medicine
- 2012- 2016 Valeria Spadotto, curriculum: Molecular Oncology, programma: Molecular Medicine
- 2011- 2014 Gianluca Sigismondo, curriculum: Molecular Oncology, programma: Molecular Medicine
- 2009- 2012 Monica Soldi, curriculum: Molecular Oncology, programma: Molecular Medicine

Relatore Esterno per Tirocinio Formativo per Conseguimento di Laurea Triennale

- 2020 Carolina Mella Corso di Laurea in Biotecnologie, Università del Piemonte Orientale
- 2016 Alice Taliento Corso di Laurea in Biotecnologie, Università degli Studi Milano-Bicocca

Relatore Esterno per Tesi di Laurea Magistrale

- 2020-current Elisa Longhi - LM in "Molecular Biology of the Cell", Università degli studi di Milano (relatore interno Prof. S. Minucci)
- 2020-current Alessandro Vai - LM in "Bioinformatics for Computational Genomics" interateneo: Università degli Studi di Milano e Politecnico di Milano (relatore Interno Prof. G. Pavesi)
- 2019-2020 Fabio Bedin - LM in "Molecular Biotechnology and Bioinformatics", Università degli Studi di Milano (relatore interno Prof. G. Pavesi)
- 2018-2020 Angelo Pagliarulo - LM in "Molecular Biology of the Cell", Università degli Studi di Milano (relatore interno Prof. S. Minucci)
- 2017- 2018 Camilla Restellini - LM "Biologia Applicata alla Ricerca Biomedica", Università degli Studi di Milano (relatore interno Prof. S. Minucci)
- 2016-2017 Marica Ippolito - LM in Biologia, Università degli Studi di Milano-Bicocca (Relatore interno Prof. S. Campaner)
- 2016-2017 Enrico Massignani - LM in "Molecular Biotechnology and Bioinformatics", Università degli Studi di Milano (relatore interno: Prof. G. Pavesi)
- 2015-2016 Francesca Patuzzo - LM Biologia Applicata alle Ricerche Biomediche, Università degli Studi di Milano (relatore interno: Prof. S. Minucci)
- 2014-2015 Tommaso Mari - LM in "Molecular Biology of the Cell", Università degli Studi di Milano (relatore interno Prof. G. Pavesi)
- 2010-2011 Annamaria Agresta, LM "Biotecnologie Mediche, Veterinarie e Farmaceutiche", Università degli Studi di Parma (relatore interno: Prof. A. Mozzarelli)

MEMBRO DI COMMISSIONI DI ESAME PER TESI DI DOTTORATO

Presso la Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM)

- 20/01/2021 Federica Greco, tesi "The role of the m6A methyltransferase METTL3 in an in vitro model of antigen-selected germinal center B cells"

- 12/01/2018 Alessia Melacarne, tesi "Identification of neoantigens released from Salmonella-infected tumor cells for a novel approach to cancer immunotherapy"
- 26/11/2014 Eleonora Lusito, tesi "A Systems Biology approach to Breast Cancer Medicine"
- 15/05/2012 Gailite Lasma, tesi "High-throughput study of the enzymatic activity of trypsin adsorbed on cluster-assembled nanostructured titanium oxide films"
- 04/12/2009 Gabriel Dos Reis, tesi "Microfabrication and characterization of cell-on-chip platforms on poly (amidoamine) hydrogels"
- 22/01/2009 Filiz Civril, tesi "Biochemical and Structural Characterization of Rod-Zw10-Zwilch Complex and Zwint-1 and Connecting Two Distinct Zw10 Complexes"
- 01/07/2008 Elisabetta Argenzio, tesi "Proteomic profiling of EGF-induced ubiquitinated proteins"

Presso altri Atenei, italiani o stranieri

- 2019 Laura de Clerk, Faculty of Pharmaceutical Science, Gent University - Belgium
- 2019 Marco Lorenzoni, PHD program in Biomolecular Sciences, University of Trento
- 2018 Avinash Yadav Department of Chemistry, Scuola Normale Superiore - Pisa
- 2018 Julianne Weissner, Medical University of Vienna
- 2016 Kathryn Beck Sylvestersen, Faculty of Health and Medical Science, University of Copenhagen

ALTRI RUOLI IN COMMISSIONI DI VALUTAZIONE O COMITATI UNIVERSITARI E ACCADEMICI

Per l'Università degli Studi di Milano

- 2020-present Membro del *Comitato di Indirizzo* (CI) del corso di Laurea Magistrale "Molecular Biology of the Cell" del Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano
- 2014-present Membro del collegio docenti (personale non accademico) del dottorato in Systems Medicine (del 29 ciclo, in poi)
- 2009-2013 Membro del collegio docenti (personale non accademico) del dottorato in "Molecular Medicine" dell'Università degli Studi di Milano (24-28 ciclo)
- 2009- present Membro effettivo del corpo docenti della Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM)

Per altri Atenei o Società Scientifiche e Accademiche

- 2020 Weizmann Institute, Rehovot: valutazione della candidatura della Dott.ssa T. Geiger per promozione alla posizione di "Tenured Associate Professor"
- 2019- present Membro del Comitato Tecnico Scientifico (CTS) di AIRC per la valutazione delle borse di studio AIRC/FIRC/iCARE
- 2017 Istituto di Genetica Molecolare (IGM) of the CNR: membro commissione d'esame per concorso per posizione da ricercatore
- 2016 Biochemistry Department della Technical University (TU) di Monaco di Baviera: Valutazione della candidatura del Prof. H. Daub per la promozione alla posizione di "Adjunct Professor"
- 2016 Dipartimento di Veterinaria per l'Università di Milano: concorso per assegni post-doc tipo A
- 2016 Koc University (KU), Istanbul: Valutazione della candidatura del Dott. N. Ozlu for la promozione alla posizione di "Associate Professor"
- 2015-present Membro del Direttivo della Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM)

AFFILIAZIONE A SOCIETÀ SCIENTIFICHE

SIBBM - Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare; SIB - Società Italiana di Biochimica e Biologia Molecolare; FEBS - Federation of European Biochemical Societies; ItPA- Italian Proteomics Association; EuPA- European Proteomics Association; HUPO Human Proteome Organisation; EACR - European Association for Cancer Research

ATTIVITÀ EDITORIALE

Editorial Board Member

Journal of Integrated -OMICS, Frontiers in Bioscience, Molecular and Cellular Oncology; International Journal of Proteomics, Proteomes, Clinical Epigenetics

Ad hoc peer-reviewer

Nature Protocols, *Biochimica and Biophysica Acta*, *Analitica Chimica Acta*, Proteomics, Journal of Proteome

Research, Journal of Cell Science, Journal of Proteomics, Trends in Analytical Chemistry, Expert Reviews in Proteomics, Briefings in Functional Genomics, BMC Cancer, Trends in Biotechnology, Nature Communications, NAR, Journal of Molecular Cell Biology, Molecular and Cellular Proteomics, Oncogene, Scientific Reports, Epigenetic & Chromatin, Oncotarget, Plos One, Clinical Mass Spectrometry

Grant Reviewer

AICR/FIRC fellowship, FEBS, Research Foundation Flanders, CRUK, Wellcome Trust, Agence National Recherche (ANR), Cancer Research UK, ERC-stating and consolidator Grant (external expert reviewer), German-Israeli (DKFZ-MOST) cooperation in cancer research, AICR per borse AICR/FIRC/iCare

REALIZZAZIONE DI ATTIVITÀ PROGETTUALE

Progetti sponsorizzati tramite applicazioni a Call competitive, dal rientro in Italia come PI 2008 in poi

- **AIRC18-IG:** Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (01/01/2019-31/12/2023). Progetto “Dissecting the roles of methylase and demethylases via a systematic analysis of their substrate: the methyl-proteome”, Finanziamento = 962.000,00 EUR (Principal Investigator).
- **EC-H2020-EPIC-XS: European Commission;** (01/01/2019-31/12/2022). Progetto “European Proteomics Infrastructure Consortium providing Access (EPIC-XS) Finanziamento = 488.125,00 EUR. (Partner di consorzio)
- **RF16-IEO-GP-BONALDI: Ministero della Salute** (15/09/2018-14/09/2021). Progetto “Mechanistic investigation of LSD1 inhibitor effect in Glioblastoma”. Finanziamento = 103.680,00 EUR (Partner in progetto di rete)
- **CNR-EPIGEN2:** Consiglio Nazionale delle Ricerche (01/01/2016-31/12/2018). Progetto “ChroP come approccio per lo studio del proteoma delle regioni regolatorie dei geni coinvolti nell’infiammazione-continuazione” Finanziamento = 101.000,00 EUR (Partner di progetto di rete)
- **RF11-GR-BONALDI:** Ministero della Salute (01/11/2014-31/10/2018). Progetto “ChroP, a combined ChIP-MS proteomics approach, to dissect the composition and plasticity of the modifome and interactome of cis-regulatory regions of inflammatory genes” Finanziamento = 252.887,76EUR (Principal Investigator)
- **AIRC14-IG:** Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (01/01/2015-30/06/2018). Progetto “Chemo-proteomics and chromatinomics dissect LSD1-inhibitors activity for the epigenetic therapy of Acute Myeloid Leukemia”. Finanziamento = 367.000,00 EUR (Principal Investigator)
- **AIRC11-5X1000-PPDF-BONALDI:** Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (01/01/2011-31/12/2016). Progetto “Understanding how cancer stem cells drive breast cancer growth and how to exploit them as its Achille’s heel” Finanziamento = 506.000,00 (Partner di progetto di rete)
- **IncoNET CA EC-Joint Call Secretariat Twining Grant** (15/03/2016- 10/07/2016). Progetto “Histone post-translational modification profiling of cancer patient samples in Kazakhstan”. Finanziamento: 3.857,00 EUR (Coordinatore di progetto di rete)
- **CNR-EPIGEN:** Consiglio Nazionale delle Ricerche (01/09/2013-30/06/2016). Progetto “ChroP come approccio per lo studio del proteoma di regioni regolatori dei geni coinvolti nell’ infiammazione” Finanziamento = 202.344,00 EUR (Partner di progetto di rete)
- **RF09-GR-BONALDI:** Ministero della Salute (01/12/2011- 30/11/2015). Progetto “Quantitative proteomics to decipher the molecular code of protein methylation: the dynamic methylome dissected by MS and its role in cancer”. Finanziamento= 373.028,00EUR (Principal Investigator)
- **AIRC11-IG:** Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (01/01/2012-31/12/2014). Progetto “The code of methylation for epigenetic therapy: proteomics deciphers the methylome and its regulatory enzymes”. Finanziamento= 240.000,00 EUR (Principal Investigator)
- **ARMENISE 07:** The Giovanni Armenise Harvard Foundation (01/01/2008- 31/12/2013). Progetto “Quantitative proteomics for the analysis of the epigenetic regulation of gene expression”. Finanziamento= 723.129,90 EUR (Principal Investigator)
- **AICR-09/0281:** Association for International Cancer Research (01/04/2009-31/03/2012). Progetto “MicroRNA in Lymphomagenesis, a systems biology approach. Analysis of miRNA targets by Quantitative Proteomics” Finanziamento =125.761,83 EUR (Principal Investigator)
- **AIRC08-MFAG:** Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (01/01/2008-31/12/2011). Progetto “SILAC-based Quantitative Proteomics for functional analysis of miRNAs cancer-related targets” Finanziamento = 150.000,00 EUR (Principal Investigator).

Finanziamenti ricevuti attraverso collaborazioni scientifiche con Aziende

- **Italfarmaco S.p.a.:** Progetto “Studio del proteome di cellule C2C12 dopo trattamento con givinostat per 18h”. (24/04/2020-24/03/2023) Finanziamento = 13.104,00 EUR
- **Italfarmaco S.p.a.:** Progetto “Mass spectrometry studies”. (3/09/2018-31/03/2019) Finanziamento = 23.000,00 EUR
- **Celgene Quanticel Research Inc:** Progetto “Framework for collaborative study on PTMs on histone H3 by high-resolution MS analysis”. (8/06/2016-7/12/2016) Finanziamento = 16.600,00 EUR
- **Quanticel Pharmaceutical Inc:** Progetto “Post-translational modifications (PTMs) of Histone H3/H4 by high resolution MS analysis. (1/08/2015-31/03/2016) Finanziamento = 24.100,00 EUR
- **Quanticel Pharmaceutical Inc:** Progetto “Post-translational modifications (PTMs) of Histone H3/H4 by high resolution MS analysis. (1/10/2013-30/09/2014) Finanziamento = 12.033,00 EUR

Finanziamenti mediante borse di studio competitive vinte da membri del gruppo di ricerca

- **F. MARINI** (post-doc): FIEO annuale (27K/anno) da 01/08/2020 al 22/01/2021; borsa poi presa da FL BOFFO dal 01/02/2021 a 31/07/2021
- **C. HANACK** (post doc): FUV annuale (30K/anno) da 01/01/2020 a 31/03/2020
- **E. MASSIGNANI** (PhD student): FIRC-AIRC triennale, (25K/anno), da 01/01/2019 a 31/12/2021
- **R. NOBERINI** (post doc): FUV annuale, (27K/anno), da 01/04/2018 a 31/03/2019
- **L. NICOSIA** (PhD student): FIEO annuale (27K/anno), da 01/12/2018 a 30/11/2019
- **L. NICOSIA** (PhD student): FIEO annuale (27K/anno), da 01/12/2017 a 30/11/2018
- **D. MUSIANI** (post doc): FIEO annuale, (33K/anno), da 01/07/2017
- **D. MUSIANI** (post doc): FUV annuale, (27K/anno), da 01/04/2017, poi lasciata per vincita borsa FIEO
- **R. GIAMBRUNO** (post-doc): CRUI-PhD/TALENTS, contratto triennale da 10/04/2017 a 31/03/2020
- **V. SPADOTTO** (PhD student): FIRC-/AIRC triennale (20K/anno), da 01/01/2014 al 31/12/2016
- **M. MIHAJLOVIC** (post-doc): Marie Curie Actions International Mobility fellowships nel programma Structured International Post Doc program (SIPOD), (36K/anno), da 01/09/2009 a 31/08/2011
- **MIHAJLOVIC** (post-doc): FUV di 1 anno (27K/anno), da 01/01/2013 a 31/12/2013

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E COORDINAMENTO DI GRUPPI DI RICERCA NAZIONALI E INTERNAZIONALI O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

Partner dei Consorzi/Alleanze

- 2018-2022** Partner del consorzio europeo **EPIC-XS** (*European Proteomics Infrastructure Consortium providing access*)
- 2015- present** Attività in diversi working groups per il consorzio **EU-LIFE**, alleanza di istituti di ricerca europei indipendenti nel campo delle scienze della vita.
- 2020- present** Membro di **ACC** (*Alleanza Contro il Cancro*), nel progetto polmone
- 2015-2019** Attività nel Working Group del progetto Europeo **LIBRA** (*Unifying innovative efforts of European research centres to achieve gender equality in academia*), che ha riunito dieci istituti di ricerca afferenti al consorzio EU-LIFE per occuparsi di questioni di uguaglianza di genere nella ricerca scientifica
- 2013-2018** Attività come partner nel progetto bandiera **EPIGEN**

Collaborazioni correnti

- **D. Pasini** (Dipartimento di Oncologia Sperimentale/IEO): analisi proteomiche di alterazioni cromatiniche in cancro in relazioni ad alterazioni di modulatori epigenetici.
- **U. Cavallaro** (Dipartimento di Oncologia Sperimentale/IEO): analisi epi-proteomiche in tumore ovarico per identificazione di nuovi marcatori molecolari che discernano pazienti resistenti o sensibili a terapie neo-adiuvanti e pazienti lungo e corto-sopravviventi.
- **L. Spaggiari** (IEO): analisi multi-omica con integrazione di profili proteomici di siero con dati di metabolomica delle urine e di eNose per l'identificazione di un predittore efficace per diagnosi precoce non- invasiva nel tumore al polmone.
- **N. Mitro** (Università degli Studi di Milano): analisi metabolomiche per lo studio del rimodellamento del metabolismo lipidico associato a stress replicativo in modelli di tumore ovarico
- **F. Nicassio** (IIT, Center of Genomics Sciences, Milano): analisi interattomiche di miRNA-proteine per lo studio del meccanismo mirato di degradazione del miRNA e le sue implicazioni nel cancro al seno

- **M. Gariglio** (Università del Piemonte Orientale, Novara): analisi di interattomica di SIRT-1 e di acetil-proteomica per comprendere i meccanismi molecolari dell'evasione immunitaria dello Human Papillomavirus (HPV)
- **G. Pelicci** (IEO/Università del Piemonte Orientale, Novara): approcci epi-proteomici per comprendere i meccanismi molecolari alla base della resistenza di linee cellulari primarie di glioblastoma all'inibitore dell'LSI1
- **L. McDonnell** (Fondazione Pisana per la Scienza, Pisa): proteomica spaziale mediante MALDI-imaging per correlare eterogenità epigenetica e di espressione genica nel tumore al pancreas e al seno
- **P. Varga-Weisz** (University of Essex, UK): analisi della crotonilazione degli istoni e del suo impatto funzionale nella regolazione dell'espressione genica
- **E. Leucci** (KU Leuven, Belgium): deconvoluzione del meccanismo di azione di lncRNA over-espressi in melanoma attraverso la mappatura dei loro interattori
- **L. Magnani** (Imperial College, London, UK): integrazione di dati proteomici ed epigenomici per la comprensione dei meccanismi molecolari di "dormienza" nei tumori alla mammella trattati con terapia adiuvante endocrina
- **P. Scaffidi** (the Crick Institute, London, UK): analisi proteomica dell'espressione e modificazioni delle varianti dell'H1 linker in tumore al seno e loro ruolo in proliferazione e stemness
- **E. Guccione** (Icahn School of Medicine, Mount Sinai, NY-USA): dissezione molecolare dell'attività di enzimi PRMT nella regolazione del meccanismo di splicing per individuare nuove applicazioni terapeutiche di PRMT-inhibitors

Organizzazione di Conference Scientifiche/Gruppi di Lavoro

2021	EPIC-XS Workshop "Clinical Proteomics", Milano, 17 Giugno (Virtual event)
2017-2020	Coordinamento del programma "SIBBM Lectures" per la Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM)
2019	3 rd EMBO FEBS Lecture Course on Nuclear Proteomics, Crete, 22-26 Settembre
2019	17 th Giovanni Armenise Harvard Foundation (GAHF) Symposium: Quantifying Biology in Space and Time, Gubbio, 9-12 Giugno
2019	9 th ProteoNet Meeting, c/o UNITECH OMICs, Milano, 5 Aprile
2018	ABCD/SIBBM Joint PhD National Meeting, Salerno, 22-24 Marzo
2018	French-Italian Workshop "DNA repair in cancer and neurodegeneration", University of Bologna (<i>co-organizer come membro del direttivo SIBBM</i>), 22 Febbraio
2017	SIBBM Annual Meeting, Milano, 14-16 Giugno (<i>organizer and chair of session</i>)
2016	2 nd EMBO FEBS Lecture Course on Nuclear Proteomics, Heraklion, 3-8 Ottobre
2016	4 th and 5 th MS-proteomics Days (ProteoNet), Area Milanese
2016	SIBBM Annual Meeting, Napoli, 16-18 Giugno
2015	2 nd and 3 rd MS-Proteomics Days (ProteoNet), Area Milanese
2014	1 st MS-Proteomics Day, c/o IFOM-IEO Campus (ProteoNet), Milano
2014	EMBO- FEBS Lecture Course on Nuclear Proteomics, Kos Island, 17-22 Maggio
2014	EPIGEN-MiChroNetwork Chromatin Seminar, IEO
2011	Epigenetic Symposium, IEO, Milano
2009	Italian Proteomics Association (ItPA), 4 th National Conference, Milano-Bicocca University

TITOLARITÀ DI BREVETTI

Bianchi ME, Bonaldi T, Scaffidi P, Müller, S, Degryse B (2002) HMGB1 protein inhibitors and/or antagonists for the treatment of vascular diseases. *Publication number* WO 02/074337. Granted in Australia, Austria, Belgium, China, Denmark, France, Germany, Hong Kong, Japan, Ireland, Italy, Mexico, Netherlands, Portugal, Spain, Sweden, Switzerland, UK and USA.

ATTIVITÀ DI RELATRICE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

2021

- EMBO Workshop "Physiology and function of histone variants", Badalona, 22 - 24 Settembre
- 45th FEBS Virtual Congress, 3-8 Luglio (invited speaker)
- DCG Symposium "Proteomics in Cancer", University of Cardiff, 25 Febbraio, (invited speaker)

2020

- EPIC-XS Annual Meeting, Davos, 29-31 Gennaio

- Meeting dei soci SIB Sezione Lombarda, Università degli Studi di Milano, 13 Febbraio
- ACC Virtual Meeting, Milano, 28-31 Ottobre (premio miglior abstract presentato)
- ProteOviedo Virtual Meeting, Oviedo, 13 Novembre (keynote speaker)

2019

- BSPR Annual meeting, Southampton, 1-3 Luglio (keynote speaker)
- 5th TRR81 Symposium "Chromatin Changes in Differentiation and Malignancies", Bad Nauheim, 9-11 Settembre
- FEBS Workshop "Chromatin Proteomics", Heraklion 22-26 Settembre (*organizer & speaker*)
- EPIC-XS Kick off Meeting, Amsterdam, 22-27 Aprile, (*invited speaker*)

2018

- FASEB Meeting "Biological Methylation", Firenze, 18-22 Giugno (*invited speaker*)
- Italian Proteomic Association (ItPA), Como, 5-7 Settembre (*invited speaker*)
- SysEpi Meeting, Amsterdam, 27-29 Novembre (*invited speaker*)
- Italian Cancerology Society (SIC) Annual Meeting, Milano, 19-22 Settembre (*selected speaker*)
- "Proteomics and Disease Mechanism", Wellcome Genome Campus, Hinxton, 28 Febbraio-2 Marzo (*invited speaker*)
- EPIGEN final Meeting, Venezia, 28-29 Settembre (*invited speaker*)

2017

- Budapest Breast Think-Tank EACR Meeting, Budapest, 26-27 Marzo (*invited speaker*)
- Gordon Research Conference "Cancer Genetics & Epigenetics", Lucca, 23-27 Aprile (*invited speaker*)
- 5th ICAP Conference, Lisbona, 3-5 Luglio (*invited speaker*)
- EU-LIFE Scientific Workshop "Principles of Homeostasis", Berlin, 22-25 Maggio (*invited speaker*)
- HUPO 2017, Dublin, 19-21 Settembre (*invited speaker*)

2016

- Belgian Proteomics Association (BePac) Meeting, Ghent, 16-18 Novembre (*keynote speaker*)
- FEBS- Nuclear Proteomics Summer School, Heraklion, 4-8 Ottobre (*Invited speaker and chairman*)
- EMBL-WELLCOME GENOME CAMPUS CONFERENCE, Heidelberg, 15-17 Settembre (*Invited speaker and chairman*)
- Giovanni Armenise-Harvard 16th Symposium- Gubbio, 27-29 Giugno (*Invited speaker*)
- EPIGEN- National Meeting, Roma, 25-26 Maggio (*Invited speaker*)
- Game of Epigenomics -Dubrovnik 24-28 Aprile (*Invited speaker*)
- Proteomics in Cell Biology and Disease Mechanisms, Heidelberg, 15-17 Settembre (*invited speaker*)

2015

- International Conference "Proteomics & Bioinformatics", Valencia, 2-3 Settembre (*invited speaker & chairman*)
- Meeting "Hallmarks of Cancer: focus on RNA", Paris, 9-10 Ottobre (*selected speaker*)
- 15th GAHF Symposium "Challenges to Modern Medicine", Roma, 9 Novembre (*invited speaker*)

2014

- EPIGEN Annual Meeting, Roma, 17-20 Febbraio (*invited speaker*)
- 2nd Epigenetic Symposium, Oslo, 9-11 Aprile (*keynote speaker*)
- SIBBM Annual Meeting "Frontiers in Molecular Biology", Università di Trento, 11-13 Giugno (*invited speaker*)
- FISV 2014, Pisa, 24-26 Settembre (*invited speaker and chairman*)
- 4D Cell Symposium, Utrecht (*invited speaker*)
- EPIGEN-MichroNet Chromatin Seminar, Università di Pavia, 21 Gennaio (*invited speaker*)
- 10th Siena Meeting "From Genome to Proteome", Siena, 1-3 Settembre (*selected speaker*)

2013

- Proteomic Forum 2013, Berlin, 17-20 Marzo (*selected speaker*)
- Structural and Functional Proteomics: delving into molecular details, Università di Utrecht, 14-15 Gennaio (*selected speaker*)

2012

- SIBBM Annual Meeting "Frontiers in molecular biology", Palermo, 24-25 Maggio (*invited speaker*)
- 11th National Meeting of Medicinal Chemistry, Palermo, 19-20 Luglio (*invited speaker*)
- 9th Siena Meeting from Genome to Proteome, Siena, 29-30 Agosto
- FISV Conference, Roma, 25-27 Settembre (*chair*)

2010

- Marie-Curie Network INTEGER "Chromatin Proteomics" meeting, Munich, 23-25 Marzo (*invited speaker*)
- 5th ItPA Annual Conference, Firenze 9-12 Giugno

- 9th HUPO Annual World Conference 2010, Sydney, 19-23 Settembre (*lecturer and invited speaker*)

2009

- 11th International Congress on Amino Acids, Peptides and Proteins, Vienna, 3-7 Agosto (*invited speaker*)
- Open Symposium: “20 years of Electrospray MS for large molecules”, Munich, 8-11 Ottobre (*invited speaker*)

2008

- 3rd ItPA Annual Conference, Selva di Fasano- Brindisi, 11-14 Giugno (*invited speaker*)

RELATRICE PRESSO ATENEI E ISTITUTI DI RICERCA, ITALIANI E STRANIERI

- 2021 University of Salzburg (AUT), 16 Giugno
- 2019 CiBio Università' di Trento, TN, 10 Dicembre
- 2019 Oslo University (NOR), 18 Ottobre
- 2019 University of Utrecht (HOL), 23 Aprile
- 2019 Center for Genomic Regulation (CRG), Barcelona (SP), 11 Gennaio
- 2018 Università di Tuebingen (GER), 2 Luglio
- 2018 King's College London (UK),
- 2016 Babraham Institute, Cambridge (UK), 29 Febbraio
- 2016 CRUK-Beatson Institute, Glasgow (UK), 15-16 Febbraio
- 2015 University of Sussex, Brighton (UK), 21 Ottobre
- 2014 CIBIO- Università di Trento, 09 Maggio
- 2010 (A*STAR), Institute of Molecular and Cell Biology (IMCB), Singapore, 25 Settembre

RELATRICE AD EVENTI DI DIVULGAZIONE SCIENTIFICA E/O DEDICATI A TEMATICHE DI PARITÀ DI GENERE NELLA SCIENZA

- 2021 Relatrice al Webinar organizzato nell' ambito del Ciclo di Webinar “*TUMORE AL SENO*” organizzato dall'Università di Pavia, 26 Maggio
- 2019 Relatrice all'evento “*Giornata della Ricerca - IEO: insieme nelle prossime sfide*”, IEO- Milano, 19 Novembre
- 2019 Relatrice al Festival “*Donne al Lavoro*” Festival, Sala Alessandrini- Crema, 22 Ottobre
- 2017 Relatrice al seminario “*My Life in Science, Gender Balance & Role Models Program*” organizzato dal programma Europeo LIBRA, all'Istituto BRIC dell'Università di Copenaghen, 9 Maggio
- 2017 Relatrice al Simposio “*4 Women in Science Work/Life Balance on the way to the top*” Università di Regensburg, 7 Dicembre
- 2014 Relatrice per il programma Incontri con la Ricerca per AIRC “*I finanziamenti AIRC: una chance in più per studiare il Cancro con la Proteomica Funzionale*”, 27 Gennaio
- 2012 Relatrice per il programma Incontri con la Ricerca per AIRC “*I finanziamenti AIRC: una chance in più per studiare il Cancro con la Proteomica Funzionale*”, 8 Novembre

CONSEGUIMENTO DI PREMI E RICONOSCIMENTI NAZIONALI E INTERNAZIONALI PER ATTIVITÀ DI RICERCA

- 2020 Miglior abstract presentato alla conferenza nazionale -Alleanza Contro il Cancro (ACC),
- 2019 Nomina membro del comitato tecnico e scientifico (CTS) per AIRC, per valutazione borse di studio AIRC/FIRC/iCARE
- 2010 Speciale Premio Donna 2010, Inner Wheel Italia, per carriera scientifica
- 2007 Career development Award, The Giovanni Armenise Harvard Foundation (GAHF)
- 2003 EMBO Long-Term Post-Doctoral Fellowship, EMBO
- 2000 EMBO Short-Term Fellowship, EMBO

PRODUZIONE SCIENTIFICA

Autrice di 91 pubblicazioni, di cui 61 articoli originali, 15 *invited reviews*, 1 *highlight*, 3 *methods* e 11 capitoli di libro, *peer reviewed*

Articoli come primo o ultimo/corresponding autore: 51 (39 articoli e 12 capitoli di libro)

Impact factor totale sui research articles= 653,881; impact factor medio = 9.09.

Impact factor totale sui research articles come primo o ultimo autore = 211.684; impact factor medio= 6,41.

Numero totale delle citazioni = 6540 (fonte Web of Science); numero di articoli con citazioni = 77 (Fonte Web of Science); numero medio di citazioni per articolo = 75 (Fonte Web of Science).

h-index= 35 (Web of Science), 38 (Goolge Scholar)

Articoli originali, invited review, methodological articles

1. Maniaci M, Marini F, Massignani E, **Bonaldi T**. A Mass Spectrometry-Based Proteomics Approach for Global and High-Confidence Protein R-Methylation Analysis, *J. Vis. Exp.*, *accepted, in press* doi: 10.3791/62409,
2. Melixetian M, Bossi D, Mihailovich M, Punzi S, Barozzi I, Marocchi F, Cuomo A, **Bonaldi T**, Testa G, Marine JC, Leucci E, Minucci S, Pelicci PG, Lanfrancone L. Long non-coding RNA TINCR suppresses metastatic melanoma dissemination by preventing ATF4 translation. *EMBO Rep.* 2021 Mar 3;22(3):e50852. doi: 10.15252/embr.202050852.
3. Ferrari KJ, Amato S, Noberini R, Toscani C, Fernández-Pérez D, Rossi A, Conforti P, Zanotti M, **Bonaldi T**, Tamburri S, Pasini D. Intestinal differentiation involves cleavage of histone H3 N terminal tails by multiple proteases. *Nucleic Acids Res.* 2021 Jan 25;49(2):791-804. doi:10.1093/nar/gkaa1228.
4. Noberini R, Robusti G, **Bonaldi T**. Mass spectrometry-based characterization of histones in clinical samples: applications, progresses, and challenges. *FEBS J.* 2021 Jan 8. doi: 10.1111/febs.15707.
5. Noberini R, Morales Torres C, Savoia EO, Brandini S, Jodice MG, Bertalot G, Bonizzi G, Capra M, Diaferia G, Scaffidi P, **Bonaldi T**. Label-Free Mass Spectrometry-Based Quantification of Linker Histone H1 Variants in Clinical Samples. *Int J Mol Sci.* 2020 Oct 4;21(19):E7330. doi: 10.3390/ijms21197330.
6. Manfrini N, Mancino M, Miluzio A, Oliveto S, Balestra M, Calamita P, Alfieri R, Rossi RL, Sassoè-Pognetto M, Salio C, Cuomo A, **Bonaldi T**, Manfredi M, Marengo E, Ranzato E, Martinotti S, Cittaro D, Tonon G, Biffo S. FAM46C and FND3A are multiple myeloma tumor suppressors that act in concert to impair clearing of protein aggregates and autophagy. *Cancer Res.* 2020 Sep 22;canres.1357.2020. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-20-1357.
7. Giambruno R, **Bonaldi T**, Dual role of PRMT1-dependent arginine methylation in cellular responses to genotoxic stress. *Mol. Cell. Oncol.* 2020 Apr 7;7(4):1743808. doi: 10.1080/23723556.2020.1743808. eCollection 2020.PMID: 32944613
8. Gasparri R, Sedda G, Noberini R, **Bonaldi T**, Spaggiari L. Clinical Application of Mass Spectrometry-Based Proteomics in Lung Cancer Early Diagnosis. *Proteomics Clin Appl.* 2020 May 17:e1900138. doi: 10.1002/prca.201900138.
9. Musiani D, Massignani E, Cuomo A, Yadav A, **Bonaldi T**. Biochemical and Computational Approaches for the Large-Scale Analysis of Protein Arginine Methylation by Mass Spectrometry. *Curr Protein Pept Sci.* 2020 Apr 26. doi: 10.2174/1389203721666200426232531.
10. Ravasio R, Ceccacci E, Nicosia L, Hosseini A, Rossi PL, Barozzi I, Fornasari L, Zuffo RD, Valente S, Fioravanti R, Mercurio C, Varasi M, Mattevi A, Mai A, Pavesi G, **Bonaldi T**, Minucci S. Targeting the scaffolding role of LSD1 (KDM1A) poises acute myeloid leukemia cells for retinoic acid-induced differentiation. *Sci Adv.* 2020 Apr 8;6(15):eaax2746. doi: 10.1126/sciadv.aax2746.
11. Musiani D, Giambruno R, Massignani E, Ippolito MR, Maniaci M, Jammula S, Manganaro D, Cuomo A, Nicosia L, Pasini D, **Bonaldi T**. PRMT1 Is Recruited via DNA-PK to Chromatin Where It Sustains the Senescence-Associated Secretory Phenotype in Response to Cisplatin. *Cell Rep.* 2020 Jan 28;30(4):1208-1222.e9. doi: 10.1016/j.celrep.2019.12.061.
12. Spadotto V, Giambruno R, Massignani E, Mihailovich M, Maniaci M, Patuzzo F, Ghini F, Nicassio F, **Bonaldi T**. PRMT1-mediated methylation of the microprocessor-associated proteins regulates microRNA biogenesis. *Nucleic Acids Res.* 2020 Jan 10;48(1):96-115. doi: 10.1093/nar/gkz1051.
13. Noberini R and **Bonaldi T**. Epigenetic drug target deconvolution by mass spectrometry-based technologies. *Nat Struct Mol Biol.* 2019 Oct;26(10):854-857. doi: 10.1038/s41594-019-0279-x.
14. De Clerck L, Willems S, Noberini R, Restellini C, Van Puyvelde B, Daled S, **Bonaldi T**, Deforce D, Dhaenens M. hSWATH: Unlocking SWATH's Full Potential for an Untargeted Histone Perspective. *J Proteome Res.* 2019 Nov 1;18(11):3840-3849. doi: 10.1021/acs.jproteome.9b00214. Epub 2019 Aug 29. PMID: 31429292.

15. Noberini R, Restellini C, Oliva Savoia E, **Bonaldi T**. Enrichment of histones from patient samples for mass spectrometry-based analysis of post-translational modifications. *Methods*. 2019 Oct 9. pii: S1046-2023(19)30136-7. doi:10.1016/j.ymeth.2019.10.001.
16. Fong JY, Pignata L, Goy PA, Kawabata KC, Lee SC, Koh CM, Musiani D, Massignani E, Kotini AG, Penson A, Wun CM, Shen Y, Schwarz M, Low DH, Rialdi A, Ki M, Wollmann H, Mzoughi S, Gay F, Thompson C, Hart T, Barbash O, Luciani GM, Szewczyk MM, Wouters BJ, Delwel R, Papapetrou EP, Barsyte-Lovejoy D, Arrowsmith, CH, Minden MD, Jin J, Melnick A, **Bonaldi T**, Abdel-Wahab O, Guccione E. Therapeutic Targeting of RNA Splicing Catalysis through Inhibition of Protein Arginine Methylation. *Cancer Cell*. 2019 Aug 12;36(2):194-209.e9. doi: 10.1016/j.ccell.2019.07.003. PMID: 31408619; PMCID: PMC7194031.
17. Noberini R, Restellini C, Savoia EO, Raimondi F, Ghiani L, Jodice MG, Bertalot G, Bonizzi G, Capra M, Maffini FA, Tagliabue M, Ansarin M, Lupia M, Giordano M, Osti D, Pelicci G, Chiocca S, **Bonaldi T**. Profiling of Epigenetic Features in Clinical Samples Reveals Novel Widespread Changes in Cancer. *Cancers (Basel)*. 2019 May 24;11(5). pii: E723. doi: 10.3390/cancers11050723.
18. Scelfo A, Fernández-Pérez D, Tamburri S, Zanotti M, Lavarone E, Soldi M, **Bonaldi T**, Ferrari KJ, Pasini D. Functional Landscape of PCGF Proteins Reveals Both RING1A/B-Dependent-and RING1A/B-Independent-Specific Activities. *Mol Cell*. 2019 Jun 6;74(5):1037-1052.e7. doi: 10.1016/j.molcel.2019.04.002.
19. Musiani D, Bok J, Massignani E, Wu L, Tabaglio T, Ippolito MR, Cuomo A, Ozbek U, Zorgati H, Ghoshdastider U, Robinson RC, Guccione E, **Bonaldi T**. Proteomics profiling of arginine methylation defines PRMT5 substrate specificity. *Sci Signal*. 2019 Apr 2;12(575). pii: eaat8388. doi: 10.1126/scisignal.aat8388.
20. Massignani E, Cuomo A, Musiani D, Jammula S, Pavesi G, **Bonaldi T**. hmSEEKER: Identification of hmSILAC Doublets in MaxQuant Output Data. *Proteomics*. 2019 Mar;19(5):e1800300. doi: 10.1002/pmic.201800300.
21. Restellini C, Cuomo A, Lupia M, Giordano M, **Bonaldi T***, Noberini R*. Alternative digestion approaches improve histone modification mapping by mass spectrometry in clinical samples. *Proteomics Clin Appl*. 2019 Jan;13(1):e1700166. doi: 10.1002/prca.201700166. *co-corresponding authors
22. Giambruno R, Mihailovich M, **Bonaldi T**. Mass Spectrometry-Based Proteomics to Unveil the Non-coding RNA World. *Front Mol Biosci*. 2018 Nov 8;5:90. doi: 10.3389/fmolb.2018.00090. eCollection 2018. Review.
23. Anedchenko EA, Samel-Pommerencke A, Tran Nguyen TM, Shahnejat-Bushehri S, Pöpsel J, Lauster D, Herrmann A, Rappsilber J, Cuomo A, **Bonaldi T**, Ehrenhofer-Murray AE. The kinetochore module Okp1^{CENP-Q}/Ame1^{CENP-U} is a reader for N-terminal modifications on the centromeric histone Cse4^{CENP-A}. *EMBO J*. 2019 Jan 3;38(1):e98991. doi: 10.15252/emj.201898991. Epub 2018 Nov 2. PMID: 30389668; PMCID: PMC6315295.
24. Noberini R, Osti D, Miccolo C, Richichi C, Lupia M, Corleone G, Hong SP, Colombo P, Pollo B, Fornasari L, Pruneri G, Magnani L, Cavallaro U, Chiocca S, Minucci S, Pelicci G, **Bonaldi T**. Extensive and systematic rewiring of histone post-translational modifications in cancer model systems. *Nucleic Acids Res*. 2018 Mar 29. doi: 10.1093/nar/gky224.*published with the Breakthrough status
25. Audano M, Pedretti S, Cermenati G, Brioschi E, Diaferia GR, Ghisletti S, Cuomo A, **Bonaldi T**, Salerno F, Mora M, Grigore L, Garlaschelli K, Baragetti A, Bonacina F, Catapano AL, Norata GD, Crestani M, Caruso D, Saez E, De Fabiani E, Mitro N. Zc3h10 is a novel mitochondrial regulator. *EMBO Rep*. 2018 Mar 5. pii: e45531. doi: 10.15252/embr.201745531.
26. Caprara G, Prosperini E, Piccolo V, Sigismondo G, Melacarne A, Cuomo A, Boothby M, Rescigno M, **Bonaldi T**, Natoli G. PARP14 Controls the Nuclear Accumulation of a Subset of Type I IFN-Inducible Proteins. *J Immunol*. 2018 Apr 1;200(7):2439-2454. doi: 10.4049/jimmunol.1701117.
27. Fellows R, Denizot J, Stellato C, Cuomo A, Jain P, Stoyanova E, Balázs S, Hajnády Z, Liebert A, Kazakevych J, Blackburn H, Corrêa RO, Fachi JL, Sato FT, Ribeiro WR, Ferreira CM, Perée H, Spagnuolo M, Mattiuz R, Matolcsi C, Guedes J, Clark J, Veldhoen M, **Bonaldi T**, Vinolo MAR, Varga-Weisz P. Microbiota derived short chain fatty acids promote histone crotonylation in the colon through histone deacetylases. *Nat Commun*. 2018 Jan 9;9(1):105. DOI: 10.1038/s41467-017-02651-5.
28. Hoffmann G, Samel-Pommerencke A, Weber J, Cuomo A, **Bonaldi T**, Ehrenhofer-Murray AE. A role for CENP-A/Cse4 phosphorylation on serine 33 in deposition at the centromere. *FEMS Yeast Res*. 2017 Dec 20. doi: 10.1093/femsyr/fox094.
29. Soldi M, Mari T, Nicosia L, Musiani D, Sigismondo G, Cuomo A, Pavesi G, **Bonaldi T**. Chromatin proteomics reveals novel combinatorial histone modification signatures that mark distinct subpopulations of macrophage enhancers *Nucleic Acids Research*, 2017 Dec 1;45(21):12195-12213. DOI: 10.1093/nar/gkx821
30. Chen YK, **Bonaldi T**, Cuomo A, Del Rosario JR, Hosfield DJ, Kanouni T, Kao S, Lai C, Lobo NA, Matuszkiewicz j, McGeehan A, O'Connell SM, Shi L, Stafford JA, Stansfield RK, Veal JM, Weiss MS, Yuen

- NY, and Wallace MB. Design of KDM4 Inhibitors with Antiproliferative Effects in Cancer Models. *ACS Med. Chem. Lett.*, 2017, 8 (8), pp 869-874. DOI: 10.1021/acsmchemlett.7b00220.
31. Noberini R, Longuespée R, Richichi C, Pruneri G, Kriegsmann M, Pelicci G., **Bonaldi T**. PAT-H-MS coupled with laser microdissection to study histone post-translational modifications in selected cell populations from pathology samples. *Clin Epigenetics*. 2017 Jul 11;9:69. doi: 10.1186/s13148-017-0369-8. eCollection 2017. PubMed PMID: 28702092; PubMed Central PMCID: PMC5504751.
 32. Caldieri G, Barbieri E, Nappo G, Raimondi A, Bonora M, Conte A, Verhoef LGGC, Confalonieri S, Malabarba MG, Bianchi F, Cuomo A, **Bonaldi T**, Martini E, Mazza D, Pinton P, Tacchetti C, Polo S, Di Fiore PP, Sigismund S. Reticulon 3-dependent ER-PM contact sites control EGFR nonclathrin endocytosis. *Science*. 2017 May 12;356(6338):617-624. doi: 10.1126/science.aah6152. PubMed PMID: 28495747; PubMed Central PMCID: PMC5432029.
 33. Curina A, Termanini A, Barozzi I, Prosperini E, Simonatto M, Polletti S, Silvola A, Soldi M, Austenaa L, **Bonaldi T**, Ghisletti S, Natoli G. High constitutive activity of a broad panel of housekeeping and tissue-specific cis-regulatory elements depends on a subset of ETS proteins. *Genes Dev*. 2017 Feb 15;31(4):399-412. doi: 10.1101/gad.293134.116. Epub 2017 Mar 8. PubMed PMID: 28275002; PubMed Central PMCID: PMC5358759.
 34. Noberini R, Pruneri G, Minucci S, **Bonaldi T**. Mass-spectrometry analysis of histone post-translational modifications in pathology tissue using the PAT-H-MS approach. *Data Brief*. 2016 Feb 16;7:188-94. doi: 10.1016/j.dib.2016.02.028. eCollection 2016 Jun. PubMed PMID: 27408908; PubMed Central PMCID: PMC4927966.
 35. Soldi M, Cuomo A, **Bonaldi T**. Quantitative assessment of chemical artefacts produced by propionylation of histones prior to mass spectrometry analysis. *Proteomics*. 2016 Jul;16(14):1952-4. doi: 10.1002/pmic.201600173. PubMed PMID: 27373704
 36. **Bonaldi T**, Mihailovich M. Spatiotemporal plasticity of miRNAs functions: The miR-17-92 case. *Mol Cell Oncol*. 2016 Apr 15;3(3):e1156216. doi: 10.1080/23723556.2016.1156216. eCollection 2016 May. PubMed PMID: 27314099; PubMed Central PMCID: PMC4909434
 37. Pozzi C, Cuomo A, Spadoni I, Magni E, Silvola A, Conte A, Sigismund S, Ravenda PS, **Bonaldi T**, Zampino MG, Cancelliere C, Di Fiore PP, Bardelli A, Penna G, Rescigno M. The EGFR-specific antibody cetuximab combined with chemotherapy triggers immunogenic cell death. *Nat Med*. 2016 Jun;22(6):624-31. doi: 10.1038/nm.4078. Epub 2016 May 2. PubMed PMID: 27135741.
 38. Mihailovich M, **Bonaldi T**. MYC/miR-17-92 interplay maintains B-lymphoma cell homeostasis. *Cell Cycle*. 2016;15(8):1025-6. doi: 10.1080/15384101.2016.1157977. PubMed PMID: 27097369; PubMed Central PMCID: PMC4889254.
 39. Mihailovich M, **Bonaldi T**. MS-analysis of SILAC-labeled MYC-driven B lymphoma cells overexpressing miR-17-19b. *Data Brief*. 2016 Feb 24;7:349-53. doi: 10.1016/j.dib.2016.02.031. eCollection 2016 Jun. PubMed PMID: 26977435; PubMed Central PMCID: PMC4781929.
 40. **Bonaldi T**, Noberini R. Recent advances in mass spectrometry analysis of histone post-translational modifications: potential clinical impact of the PAT-H-MS approach. *Expert Rev Proteomics*. 2016;13(3):245-50. doi:10.1586/14789450.2016.1147960. Epub 2016 Feb 18. PMID: 26822344.
 41. Noberini R, Sigismondo G, **Bonaldi T**. The contribution of mass spectrometry-based proteomics to understanding epigenetics. *Epigenomics*. 2016 Mar;8(3):429-45. doi: 10.2217/epi.15.108. Epub 2015 Nov 25. PMID: 26606673.
 42. Mihailovich M, Bremang M, Spadotto V, Musiani D, Vitale E, Varano G, Zambelli F, Mancuso FM, Cairns DA, Pavesi G, Casola S, **Bonaldi T**. miR-17-92 fine-tunes MYC expression and function to ensure optimal B cell lymphoma growth. *Nat Commun*. 2015 Nov 10;6:8725. doi:10.1038/ncomms9725. PMID: 26555894; PMCID: PMC4667639.
 43. Noberini R, Uggetti A, Pruneri G, Minucci S, **Bonaldi T**. Pathology Tissue-quantitative Mass Spectrometry Analysis to Profile Histone Post-translational Modification Patterns in Patient Samples. *Mol Cell Proteomics*. 2016 Mar;15(3):866-77. doi: 10.1074/mcp.M115.054510. Epub 2015 Oct 13. PMID: 26463340; PMCID: PMC4813706.
 44. Setti M, Osti D, Richichi C, Ortensi B, Del Bene M, Fornasari L, Beznoussenko G, Mironov A, Rappa G, Cuomo A, Faretta M, **Bonaldi T**, Lorico A, Pelicci G. Extracellular vesicle-mediated transfer of CLIC1 protein is a novel mechanism for the regulation of glioblastoma growth. *Oncotarget*. 2015 Oct 13;6(31):31413-27. doi: 10.18632/oncotarget.5105. PMID: 26429879; PMCID: PMC4741615.
 45. Carissimi C, Laudadio I, Cipolletta E, Gioiosa S, Mihailovich M, **Bonaldi T**, Macino G, Fulci V. ARGONAUTE2 cooperates with SWI/SNF complex to determine nucleosome occupancy at human Transcription Start Sites. *Nucleic Acids Res*. 2015 Feb 18;43(3):1498-512. doi: 10.1093/nar/gku1387. Epub 2015 Jan 20. PubMed PMID: 25605800; PubMed Central PMCID: PMC4330357
 46. Marchesi S, Montani F, Deflorian G, D'Antuono R, Bologna S, Mazzocchi C, Cuomo A, **Bonaldi T**, Di Fiore PP and Nicassio F. DEPDC1B coordinates de-adhesion events and cell cycle progression at mitosis"

- Developmental Cell, Dev Cell.* 2014 Nov 24;31(4):420-33. doi:10.1016/j.devcel.2014.09.009. Epub 2014 Nov 24. PMID: 25458010; PMCID: PMC4250264.
47. Soldi M, Cuomo A, **Bonaldi T**. Improved bottom-up strategy to efficiently separate hyper-modified histone peptides through ultra HPLC separation on a benchtop Orbitrap instrument. *Proteomics*. 2014 Jul 29. doi: 10.1002/pmic.201400075. PubMed PMID: 25073962.
 48. Soldi M, **Bonaldi T**. The ChroP approach combines ChIP and mass spectrometry to dissect locus-specific proteomic landscapes of chromatin. *J Vis Exp*. 2014 Apr 11;(86). doi: 10.3791/51220. PubMed PMID: 24747196.
 49. Colzani M, Noberini R, Romanenghi M, Colella G, Pasi M, Fancelli D, Varasi M, Minucci S, **Bonaldi T**. Quantitative chemical proteomics identifies novel targets of the anti-cancer multi-kinase inhibitor E-3810. *Mol Cell Proteomics*. 2014 Jun;13(6):1495-509. doi: 10.1074/mcp.M113.034173. Epub 2014 Apr 2. PubMed PMID: 24696502; PubMed Central PMCID: PMC4047469.
 50. Soldi M, Bremang M, **Bonaldi T**. Biochemical systems approaches for the analysis of histone modification readout. *Biochim Biophys Acta*. 2014 Aug;1839(8):657-68. doi: 10.1016/j.bbagr.2014.03.008. Epub 2014 Mar 27. PubMed PMID: 24681439.
 51. Ferrari KJ, Scelfo A, Jammula S, Cuomo A, Barozzi I, Stützer A, Fischle W, **Bonaldi T**, Pasini D. Polycomb-dependent H3K27me1 and H3K27me2 regulate active transcription and enhancer fidelity. *Mol Cell*. 2014 Jan 9;53(1):49-62. doi: 10.1016/j.molcel.2013.10.030. Epub 2013 Nov 27. PubMed PMID: 24289921.
 52. Sigismund S, Algisi V, Nappo G, Conte A, Pascolutti R, Cuomo A, **Bonaldi T**, Argenzio E, Verhoef LG, Maspero E, Bianchi F, Capuani F, Ciliberto A, Polo S, Di Fiore PP. Threshold-controlled ubiquitination of the EGFR directs receptor fate. *EMBO J*. 2013 Jul 31;32(15):2140-57. doi: 10.1038/emboj.2013.149. Epub 2013 Jun 25. PubMed PMID: 23799367; PubMed Central PMCID: PMC3730230.
 53. Bremang M, Cuomo A, Agresta AM, Stugiewicz M, Spadotto V, **Bonaldi T**. Mass spectrometry-based identification and characterisation of lysine and arginine methylation in the human proteome. *Mol Biosyst*. 2013 Sep;9(9):2231-47. doi:10.1039/c3mb00009e. PubMed PMID: 23748837.
 54. Fragola G, Germain PL, Laise P, Cuomo A, Blasimme A, Gross F, Signaroldi E, Bucci G, Sommer C, Pruneri G, Mazzarol G, **Bonaldi T**, Mostoslavsky G, Casola S, Testa G. Cell reprogramming requires silencing of a core subset of polycomb targets. *PLoS Genet*. 2013;9(2):e1003292. doi: 10.1371/journal.pgen.1003292. Epub 2013 Feb 28. PubMed PMID: 23468641; PubMed Central PMCID: PMC3585017.
 55. Soldi M, Cuomo A, Bremang M, **Bonaldi T**. Mass spectrometry-based proteomics for the analysis of chromatin structure and dynamics. *Int J Mol Sci*. 2013 Mar 6;14(3):5402-31. doi: 10.3390/ijms14035402. PubMed PMID: 23466885; PubMed Central PMCID: PMC3634404.
 56. Greiner D, **Bonaldi T**, Eskeland R, Roemer E, Imhof A. Reply to "Chaetocin is a nonspecific inhibitor of histone lysine methyltransferases". *Nat Chem Biol*. 2013 Mar;9(3):137. doi: 10.1038/nchembio.1188. PubMed PMID: 23416388.
 57. Vella P, Scelfo A, Jammula S, Chiacchiera F, Williams K, Cuomo A, Roberto A, Christensen J, **Bonaldi T**, Helin K, Pasini D. Tet proteins connect the O-linked N-acetylglucosamine transferase Ogt to chromatin in embryonic stem cells. *Mol Cell*. 2013 Feb 21;49(4):645-56. doi: 10.1016/j.molcel.2012.12.019. Epub 2013 Jan 24. PubMed PMID: 23352454.
 58. Soldi M, **Bonaldi T**. The proteomic investigation of chromatin functional domains reveals novel synergisms among distinct heterochromatin components. *Mol Cell Proteomics*. 2013 Mar;12(3):764-80. doi: 10.1074/mcp.M112.024307. Epub 2013 Jan 14. PubMed PMID: 23319141; PubMed Central PMCID: PMC3591667.
 59. Samel A, Cuomo A, **Bonaldi T**, Ehrenhofer-Murray AE. Methylation of CenH3arginine 37 regulates kinetochore integrity and chromosome segregation. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012 Jun 5;109(23):9029-34. doi: 10.1073/pnas.1120968109. Epub 2012 May 21. PubMed PMID: 22615363; PubMed Central PMCID: PMC3384136.
 60. Vella P, Barozzi I, Cuomo A, **Bonaldi T**, Pasini D. Yin Yang 1 extends the Myc-related transcription factors network in embryonic stem cells. *Nucleic Acids Res*. 2012 Apr;40(8):3403-18. doi: 10.1093/nar/gkr1290. Epub 2011 Dec 30. PubMed PMID: 22210892; PubMed Central PMCID: PMC3333890.
 61. Celona B, Weiner A, Di Felice F, Mancuso FM, Cesarini E, Rossi RL, Gregory L, Baban D, Rossetti G, Grianti P, Pagani M, **Bonaldi T**, Ragoussis J, Friedman N, Camilloni G, Bianchi ME, Agresti A. Substantial histone reduction modulates genomewide nucleosomal occupancy and global transcriptional output. *PLoS Biol*. 2011 Jun;9(6):e1001086. doi: 10.1371/journal.pbio.1001086. Epub 2011 Jun 28. PubMed PMID: 21738444; PubMed Central PMCID: PMC3125158.
 62. Cuomo A, Moretti S, Minucci S, **Bonaldi T**. SILAC-based proteomic analysis to dissect the "histone modification signature" of human breast cancer cells. *Amino Acids*. 2011 Jul;41(2):387-99. doi: 10.1007/s00726-010-0668-2. Epub 2010 Jul 9. PubMed PMID: 20617350.

63. Loyola A, Tagami H, **Bonaldi T**, Roche D, Quivy JP, Imhof A, Nakatani Y, Dent SY, Almouzni G. The HP1alpha-CAF1-SetDB1-containing complex provides H3K9me1 for Suv39-mediated K9me3 in pericentric heterochromatin. *EMBO Rep.* 2009 Jul;10(7):769-75. doi: 10.1038/embor.2009.90. Epub 2009 Jun 5. PubMed PMID:19498464; PubMed Central PMCID: PMC2727428.
64. Hilger M, **Bonaldi T**, Gnad F, Mann M. Systems-wide analysis of a phosphatase knock-down by quantitative proteomics and phosphoproteomics. *Mol Cell Proteomics.* 2009 Aug;8(8):1908-20. doi: 10.1074/mcp.M800559-MCP200. Epub 2009 May 9. PubMed PMID: 19429919; PubMed Central PMCID: PMC2722773.
65. **Bonaldi T**, Straub T, Cox J, Kumar C, Becker PB, Mann M. Combined use of RNAi and quantitative proteomics to study gene function in Drosophila. *Mol Cell.* 2008 Sep 5;31(5):762-72. doi: 10.1016/j.molcel.2008.07.018. PubMed PMID: 18775334.
66. Bachi A, **Bonaldi T**. Quantitative proteomics as a new piece of the systems biology puzzle. *J Proteomics.* 2008 Aug 21;71(3):357-67. doi: 10.1016/j.jprot.2008.07.001. Epub 2008 Jul 9. Review. PubMed PMID: 18640294.
67. Nielsen ML, Vermeulen M, **Bonaldi T**, Cox J, Moroder L, Mann M. Iodoacetamide-induced artifact mimics ubiquitination in mass spectrometry. *Nat Methods.* 2008 Jun;5(6):459-60. doi: 10.1038/nmeth0608-459. PubMed PMID: 18511913.
68. Ferreira R, Eberharter A, **Bonaldi T**, Chioda M, Imhof A, Becker PB. Site-specific acetylation of ISWI by GCN5. *BMC Mol Biol.* 2007 Aug 30;8:73. PubMed PMID: 17760996; PubMed Central PMCID: PMC2045673.
69. Loyola A*, **Bonaldi T***, Roche D, Imhof A, Almouzni G. PTMs on H3 variants before chromatin assembly potentiate their final epigenetic state. *Mol Cell.* 2006 Oct 20;24(2):309-16. PubMed PMID: 17052464. *contributed equally (co-first authors).
70. Imhof A, **Bonaldi T**. "Chromatomics" the analysis of the chromatome. *Mol Biosyst.* 2005 Jul;1(2):112-6. Epub 2005 Jun 17. Review. PubMed PMID: 16880972.
71. Greiner D, **Bonaldi T**, Eskeland R, Roemer E, Imhof A. Identification of a specific inhibitor of the histone methyltransferase SU(VAR)3-9. *Nat Chem Biol.* 2005 Aug;1(3):143-5. Epub 2005 Jul 17. PubMed PMID: 16408017.
72. Fraga MF, Ballestar E, Villar-Garea A, Boix-Chornet M, Espada J, Schotta G, **Bonaldi T**, Haydon C, Ropero S, Petrie K, Iyer NG, Pérez-Rosado A, Calvo E, Lopez JA, Cano A, Calasanz MJ, Colomer D, Piris MA, Ahn N, Imhof A, Caldas C, Jenuwein T, Esteller M. Loss of acetylation at Lys16 and trimethylation at Lys20 of histone H4 is a common hallmark of human cancer. *Nat Genet.* 2005 Apr;37(4):391-400. Epub 2005 Mar 13. PubMed PMID: 15765097.
73. Knapp S, Müller S, Digilio G, **Bonaldi T**, Bianchi ME, Musco G. The long acidic tail of high mobility group box 1 (HMGB1) protein forms an extended and flexible structure that interacts with specific residues within and between the HMG boxes. *Biochemistry.* 2004 Sep 28;43(38):11992-7. PubMed PMID: 15379539.
74. **Bonaldi T**, Imhof A, Regula JT. A combination of different mass spectroscopic techniques for the analysis of dynamic changes of histone modifications. *Proteomics.* 2004 May;4(5):1382-96. PubMed PMID: 15188406.
75. Eskeland R, Czermin B, Boeke J, **Bonaldi T**, Regula JT, Imhof A. The N-terminus of Drosophila SU(VAR)3-9 mediates dimerization and regulates its methyltransferase activity. *Biochemistry.* 2004 Mar 30;43(12):3740-9. PubMed PMID: 15035645.
76. **Bonaldi T**, Talamo F, Scaffidi P, Ferrera D, Porto A, Bachi A, Rubartelli A, Agresti A, Bianchi ME. Monocytic cells hyperacetylate chromatin protein HMGB1 to redirect it towards secretion. *EMBO J.* 2003 Oct 15;22(20):5551-60. PubMed PMID: 14532127; PubMed Central PMCID: PMC213771.
77. **Bonaldi T**, Längst G, Strohner R, Becker PB, Bianchi ME. The DNA chaperone HMGB1 facilitates ACF/CHRAC-dependent nucleosome sliding. *EMBO J.* 2002 Dec 16;21(24):6865-73. PubMed PMID: 12486007; PubMed Central PMCID: PMC139112
78. Müller S, Scaffidi P, Degryse B, **Bonaldi T**, Ronfani L, Agresti A, Beltrame M, Bianchi ME. New EMBO members' review: the double life of HMGB1 chromatin protein: architectural factor and extracellular signal. *EMBO J.* 2001 Aug 15;20(16):4337-40. Review. PubMed PMID: 11500360; PubMed Central PMCID: PMC125571.
79. Degryse B, **Bonaldi T**, Scaffidi P, Müller S, Resnati M, Sanvito F, Arrigoni G, Bianchi ME. The high mobility group (HMG) boxes of the nuclear protein HMG1 induce chemotaxis and cytoskeleton reorganization in rat smooth muscle cells. *J Cell Biol.* 2001 Mar 19;152(6):1197-206. PubMed PMID: 11257120; PubMed Central PMCID: PMC2199202.
80. Aidinis V, **Bonaldi T**, Beltrame M, Santagata S, Bianchi ME, Spanopoulou E. The RAG1 homeodomain recruits HMG1 and HMG2 to facilitate recombination signal sequence binding and to enhance the intrinsic DNA-bending activity of RAG1 RAG2. *Mol Cell Biol.* 1999 Oct;19(10):6532-42. PubMed PMID: 10490593; PubMed Central PMCID: PMC84623.

Capitoli in Libri di Testo

1. Nicosia L, **Bonaldi T**. Native Chromatin Proteomics (N-ChroP) to characterize histone post- translational modification (PTM) combinatorics at distinct genomic regions. Book: Enhancers and Promoters, Springer Nature, *in press*
2. Marini F, Yadav A, Cuomo A, **Bonaldi T**. Software Options for the Analysis of MS-Proteomic Data Book: Proteomics Data Analysis. Methods in Molecular Biology, Springer Nature, *in press*
3. Noberini R, Longhi E, **Bonaldi T**. Heavy methyl SILAC metabolic labelling of human cell lines for high-confidence identification of R/K-methylated peptides by high-resolution Mass Spectrometry Book: SILAC. Methods in Molecular Biology - Springer Nature, *in press*
4. Massignani E, Maniaci M, **Bonaldi T**, Heavy methyl SILAC metabolic labelling of human cell lines for high-confidence identification of R/K-methylated peptides by high-resolution Mass Spectrometry, Book: SILAC. Methods in Molecular Biology - Springer Nature, *in press*
5. Nicosia L, Noberini R, Soldi M, Cuomo A, Musiani D, Spadotto V, **Bonaldi T** (2017) Mass Spectrometry and Epigenetics. In: Patel V., Preedy V. (eds) *Handbook of Nutrition, Diet, and Epigenetics*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-31143-2_115-1
6. Cuomo A, Soldi M, **Bonaldi T**. SILAC-Based Quantitative Strategies for Accurate Histone Posttranslational Modification Profiling Across Multiple Biological Samples. *Methods Mol Biol.* 2017; 1528:97-119. doi: 10.1007/978-1-4939-6630-1_7. PMID: 27854018.
7. Noberini R., **Bonaldi, T.** (2017) A Super-SILAC Strategy for the Accurate and Multiplexed Profiling of Histone Posttranslational Modifications. *Methods Enzymol.* 586:311-332.
8. Noberini R., Cuomo A., **Bonaldi T.** (2016) Mass spectrometry for the identification of post-translational modifications in histones and its application in clinical epigenetics. *Epigenetic Biomarkers and Diagnostics*, 195-214.
9. Cuomo A, Sanfilippo R, Vaccari T, **Bonaldi T**. Proteomics Meets Genetics: SILAC Labeling of Drosophila melanogaster Larvae and Cells for In Vivo Functional Studies. *Methods Mol Biol.* 2014;1188:293-311. doi: 10.1007/978-1-4939-1142-4_21. PubMed PMID: 25059620
10. Cuomo and **Bonaldi T** “Systems biology “on-the-fly”: Quantitative Proteomics of Functional States in D. melanogaster cell lines”. *System Biology in Drug Discovery and Development: methods and protocol*. Chapter 3. (2010) Springer Protocols; Humana Press
11. **Bonaldi T**, J. Regula, A. Imhof “The use of mass spectrometry for the analysis of histone modifications”. *Methods in Enzymology* (2004) 377: 111-3

Data

03/06/2021

Luogo

Milano