

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Selezione pubblica per n. 1 posto/i di Ricercatore a tempo determinato in tenure track (RTT)
per il gruppo scientifico-disciplinare 05/BIOS-14 - Genetica, settore scientifico-disciplinare BIOS-14/A -
Genetica, presso il Dipartimento di Bioscienze, (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 99 del
13/12/2024) Codice concorso 5672.

Andrea Bernardini

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME **BERNARDINI**
NOME **ANDREA**
DATA DI NASCITA **01/10/1990**
ORCID ID **0000-0001-5082-5295**
SCOPUS ID **57204355081**

TITOLI

TITOLI DI STUDIO

2012-2014 - Laurea Magistrale in Biologia Molecolare della Cellula (LM-6)

Università degli Studi di Milano
Voto finale: **110/110 con lode**
Data di conseguimento: 25/07/2014
Tesi sperimentale intitolata: "*Mutational analysis of NF-YA phosphorylation sites*"
Relatore: Prof. Roberto Mantovani

2009-2012 - Laurea in Scienze Biologiche (L-13)

Università degli Studi di Siena
Voto finale: **110/110 con lode**
Data di conseguimento: 10/10/2012
Tesi sperimentale intitolata: "*Espressione, purificazione e saggi di interazione di diverse isoforme della proteina AEBP2 con il fattore trascrizionale c-MYC*"
Relatore: Prof. Salvatore Oliviero

TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA

01/11/2014-18/05/2018 - Dottorato di Ricerca in Biologia Molecolare e Cellulare (XXX ciclo)

Laboratorio di Genetica Umana Molecolare (Prof. Roberto Mantovani)
Dipartimento di Bioscienze
Università degli Studi di Milano
Data di conseguimento: 18/05/2018
Tesi di Dottorato intitolata: "*Modulation of DNA-binding in Transcription Factors: the case of NF-Y and USF1*"
Supervisor: Prof. Nerina Gnesutta
SSD: Genetica (BIO/18); Biochimica (BIO/10)

CONTRATTI DI RICERCA, ASSEGNI DI RICERCA O EQUIVALENTI

01/04/2024-Oggi - **Assegno di Ricerca** (tipo B) della durata di **18 mesi** (in corso)

Sottoscritto con l'Università degli Studi di Milano

Presso: Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano

Finanziamento: Progetti di Ricerca di Rilevante Interesse Nazionale (PRIN 2022) nell'ambito PNRR (Missione 4, Componente 2, Investimento 1.1), coordinato dal Prof. Roberto Mantovani

Titolo Progetto: "*Structural and functional characterization of the E2F3-MYCN-KAT2A connection*"

Supervisor: Prof. Roberto Mantovani

01/03/2024-31/03/2024 - **Contratto di Ricerca** della durata di **1 mese** (estensione del contratto precedente)

Sottoscritto con CERBM-G.I.E. (*Centre Européen de Recherche en Biologie et en Médecine*)

Presso: Dynamics of Chromatin Structure and Transcription Regulation Laboratory, Department of Developmental Biology and Stem Cells, IGBMC (*Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology*), Illkirch (FR)

Supervisor: Dr. Laszlo Tora

01/03/2022-28/02/2024 - **Contratto di Ricerca** a tempo determinato della durata di **2 anni**

Sottoscritto con *Université de Strasbourg* (FR)

Presso: Dynamics of Chromatin Structure and Transcription Regulation Laboratory, Department of Developmental Biology and Stem Cells, IGBMC (*Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology*), Illkirch (FR)

Posizione finanziata da bando competitivo (fellowship) vinto dal candidato: *POSTDOCTORAT RETOUR DE L'ÉTRANGER 2021*

Finanziamento: Fondazione ARC (*Fondation ARC pour la recherche sur le cancer*)

Titolo progetto: "*Exploring the imbalance of Co-activator Complexes isoforms in the Transcriptional Rewiring of cancer cells*"

Supervisor: Dr. Laszlo Tora

01/01/2021-28/02/2022 - **Contratto di Ricerca** a tempo determinato della durata di **13 mesi**

Sottoscritto con CERBM-G.I.E. (*Centre Européen de Recherche en Biologie et en Médecine*)

Presso: Dynamics of Chromatin Structure and Transcription Regulation Laboratory, Department of Developmental Biology and Stem Cells, IGBMC (*Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology*), Illkirch (FR)

Finanziamento: ANR (*Agence Nationale de la Recherche*)

Titolo Progetto: "*Studying the dynamics of transcription complexes assembly in living cells*"

Supervisor: Dr. Laszlo Tora

01/11/2017-31/12/2020 - **Assegno di Ricerca** (tipo B) della durata di **3 anni** (con estensione di 2 mesi)

Sottoscritto con l'Università degli Studi di Milano

Presso: Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze, Università degli

Studi di Milano

Finanziamento: AIRC (ASS_NAZ17RMANT_01, ASS_NAZ19RMANT_01), coordinato dal Prof. Roberto Mantovani

Titolo Progetto: *“Genomic and structural interactions of oncogenic Transcription Factors with NF-Y”*

Supervisor: Prof.ssa Nerina Gnesutta, Prof. Roberto Mantovani

01/11/2014-31/10/2017 - **Borsa di Dottorato** della durata di **3 anni**

Sottoscritta con l'Università degli Studi di Milano

Presso: Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano

Finanziamento: Ministero dell'Università e della Ricerca

Titolo Progetto: *“Modulation of DNA-binding in Transcription Factors: the case of NF-Y and USF1”*

Supervisor: Prof.ssa Nerina Gnesutta, Prof. Roberto Mantovani

ATTIVITÀ DIDATTICA A LIVELLO UNIVERSITARIO IN ITALIA O ALL'ESTERO

ATTIVITÀ DIDATTICA INTEGRATIVA E TUTORAGGIO

A.A. 2024/2025: **Tutoraggio** nell'ambito del corso *“Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari”*

Percorso: *“Biologia cellulare e genetica molecolare del cancro”*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 32 (2 CFU)

Responsabile del corso: Prof.ssa Simona Masiero

Titolare del corso: Prof. Paolo Gandellini

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

A.A. 2020/2021: **Tutoraggio** nell'ambito del corso *“Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari”*

Percorso: *“Biologia cellulare e genetica molecolare del cancro”*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 40 (2.5 CFU)

Responsabile del corso: Prof. Paolo Pesaresi

Titolare del corso: Prof. Paolo Gandellini

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

A.A. 2019/2020: Tutoraggio nell'ambito del corso *"Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari"*

Percorso: *"Biologia cellulare e genetica molecolare del cancro"*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 32 (2 CFU)

Responsabile del corso: Prof. Paolo Pesaresi

Titolare del corso: Prof. Paolo Gandellini

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

A.A. 2017/2018: Tutoraggio nell'ambito del corso *"Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari"*

Percorso: *"Fattori di Trascrizione: struttura, funzione e attività"*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 32 (2 CFU)

Responsabile del corso: Prof. Paolo Pesaresi

Titolare del corso: Prof.ssa Nerina Gnesutta

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

A.A. 2016/2017: Tutoraggio nell'ambito del corso *"Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari"*

Percorso: *"Enzimi reporter e proteine di membrana: approcci biochimici, molecolari e bioinformatici"*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 32 (2 CFU)

Responsabile del corso: Prof. Paolo Pesaresi

Titolare del corso: Prof.ssa Nerina Gnesutta

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

A.A. 2015/2016: Tutoraggio nell'ambito del corso *"Tirocinio Interno presso Laboratori Universitari"*

Percorso: *"Enzimi reporter e proteine di membrana: approcci biochimici, molecolari e bioinformatici"*

Presso Università degli Studi di Milano

Ore svolte: 32 (2 CFU)

Responsabile del corso: Prof. Paolo Pesaresi

Titolare del corso: Prof.ssa Nerina Gnesutta

Corso di studi: Scienze Biologiche (L-13)

Attività di assistenza alle lezioni, preparazione delle attività didattiche di laboratorio e tutoraggio di gruppi di studenti durante attività sperimentali e analisi di dati di laboratorio.

SUPERVISIONE DI STUDENTI DI TESI DI LAUREA MAGISTRALE E TIROCINI SPERIMENTALI

◦ A.A. 2024/2025: Attività di tutoraggio come correlatore di tesi sperimentale (in corso) per la studentessa magistrale C. Caputo nell'ambito del corso di laurea magistrale *Biologia Applicata alla Ricerca Biomedica* (Università degli studi di Milano).

◦ A.A. 2023/2024: Attività di tutoraggio di tirocinio sperimentale della durata di 2 mesi per la studentessa E. Caramelo nell'ambito del corso di laurea *Bachelor Universitaire de Technologie* (Université de Strasbourg).

Titolo dell'elaborato sperimentale: "*Study of the transcriptional complex TFIID and TAF8 subunit isoforms*"

◦ A.A. 2021/2022: Attività di tutoraggio di tirocinio sperimentale della durata di 4 mesi per lo studente T. Naas nell'ambito del corso di laurea magistrale *Biologie et génétique moléculaire* (Université de Strasbourg).

Titolo dell'elaborato sperimentale: "*Confocal imaging of the General Transcription Factors: assembly and dynamics*"

◦ A.A. 2019/2020: Attività di tutoraggio come correlatore di tesi sperimentale della durata di 9 mesi per la studentessa magistrale M. Milanese nell'ambito del corso di laurea magistrale *Molecular Biology of the Cell* (Università degli studi di Milano).

Titolo della tesi: "*USF1 transcription factor: a biochemical study*"

◦ A.A. 2017/2018: Attività di tutoraggio come correlatore di tesi sperimentale della durata di 10 mesi per lo studente magistrale M. Balestra nell'ambito del corso di laurea magistrale *Biologia Applicata alla Ricerca Biomedica* (Università degli studi di Milano).

Titolo della tesi: "*Analisi di sequenza specificità del fattore NF-Y di Arabidopsis thaliana in vitro*"

◦ A.A. 2017/2018: Attività di tutoraggio (10 ore) per lo studente F. Lazzarini vincitore del concorso "*Una Settimana da Ricercatore*" (CusMiBio)

◦ A.A. 2015/2016: Attività di tutoraggio di tirocinio sperimentale della durata di 5 mesi per la studentessa C. Andr s nell'ambito del corso di laurea in *Biochemistry* (Universidade do Porto).

Titolo della tesi: "*The bHLH-LZ Transcription Factor USF1: biochemical and functional characterization of NF-Y interactions*"

◦ A.A. 2015/2016: Attività di tutoraggio di tirocinio sperimentale per collaborazione studentesca (150 ore) delle studentesse L. Torella e M. Zucchelli nell'ambito del corso di laurea in Scienze Biologiche (Università degli studi di Milano).

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

PROFILO PROFESSIONALE e INTERESSI SCIENTIFICI

Fin dall'inizio della mia carriera accademica, il mio principale interesse scientifico è stato lo studio della regolazione genica a livello trascrizionale. L'obiettivo della mia ricerca è comprendere i meccanismi che sottendono la funzione delle sequenze regolatorie del DNA (come promotori ed enhancer) e dei relativi effettori proteici, ossia i fattori di trascrizione, che governano le prime fasi dell'espressione genica.

Nel corso della mia esperienza in progetti di ricerca di rilevanza nazionale e internazionale, ho avuto l'opportunità di investigare a più livelli tre componenti chiave della regolazione trascrizionale: i motivi di DNA e le regioni regolatorie associate, i fattori di trascrizione sequenza-specifici e i complessi multiproteici che agiscono come co-attivatori trascrizionali o componenti del complesso di pre-inizio della trascrizione. Gli approcci metodologici impiegati per esplorare questi aspetti includono tecniche

di genetica molecolare, genomica, biochimica e biologia evoluzionistica.

Le linee di ricerca future si concentreranno sull'indagine di una classe eterogenea di motivi di DNA e dei rispettivi effettori proteici, con particolare attenzione alla loro funzione nella regolazione del posizionamento dei siti di inizio di trascrizione nel genoma umano e alle loro interazioni funzionali con il macchinario basale della trascrizione. Inoltre, un secondo ramo di indagine contribuirà allo studio dei meccanismi molecolari alla base della patogenicità di mutazioni nei geni *TAF* (*TBP-associated factors*), componenti dell'apparato trascrizionale basale e coinvolti in disordini dello sviluppo recentemente rinominati "*TAFopathies*".

ATTIVITÀ DI RICERCA

01/04/2024-Oggi: Attività di ricerca a tempo pieno come **Assegnista di Ricerca** nel Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano), sotto la supervisione del Prof. **Roberto Mantovani**. Linee di ricerca attuali:

► **Studio dell'architettura delle sequenze di DNA preposte alla regolazione dell'inizio di trascrizione mediata dalla RNA-polimerasi II e dei corrispondenti Fattori di Trascrizione in cellule umane.** In particolare, l'indagine utilizza approcci di biologia e genetica molecolare volti a testare ipotesi innovative dei meccanismi di azione di una classe di motivi di DNA (*ruler motifs*) capaci di influenzare la *posizione* dei siti di inizio di trascrizione all'interno di promotori e regioni enhancer.

Pubblicazioni associate: [Bernardini and Mantovani, TiGS 2024](#).

► **Analisi della filogenesi e conservazione genica di Fattori di Trascrizione eucariotici e dei relativi domini di attivazione trascrizionale.** La funzione dei domini di attivazione dei Fattori di Trascrizione è particolarmente complessa da studiare dato che la natura di tali domini mette in discussione il paradigma 'struttura-conservazione-funzione'. Sfruttando la disponibilità sempre maggiore di genomi appartenenti a diversi gruppi di organismi, abbiamo avviato ricerche volte a definire nel dettaglio la storia evolutiva dei domini di attivazione dei Fattori di Trascrizione nei metazoa, isolarne le regioni funzionali, e validarle per via sperimentale.

Pubblicazioni associate: [Gallo et al., Genomics 2023](#); [Bernardini et al., Genomics 2022](#); [Gallo, Bernardini et al.](#), manoscritto in revisione.

► **Variabilità genica ed evolutiva del gene *TAF8* nell'ambito dell'apparato basale di trascrizione.** Ideazione e realizzazione di un progetto di ricerca per studiare la storia evolutiva, l'espressione e la funzione di una nuova isoforma di TAF8 (subunità strutturale di TFIID) specifica del genere *Homo*. Il progetto iniziato in IGBMC è attualmente portato avanti nel Dipartimento di Bioscienze (UNIMI). Manoscritto in preparazione.

01/01/2021-31/03/2024: Attività di ricerca a tempo pieno come **Ricercatore post-doc (~3 anni)** nel laboratorio di *Dynamics of Chromatin Structure and Transcription Regulation* (Department of Developmental Biology and Stem Cells), presso IGBMC (Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology, <https://www.igbmc.fr/en/>), Illkirch (FR), sotto la supervisione del Dr. **Laszlo Tora**. Durante la permanenza in IGBMC ho coltivato linee di ricerca originali afferenti allo studio di diversi complessi multiproteici coinvolti nella regolazione della trascrizione e accessibilità della cromatina in cellule di mammifero. Nello specifico, ho implementato le seguenti linee di ricerca:

► **Il doppio ruolo dell'mRNA come veicolo dell'informazione genica e sito di assemblaggio co-traduzionale di complessi multiproteici.** Nello specifico, ho guidato e collaborato all'esplorazione sistematica e alla dissezione dei meccanismi di assemblaggio co-traduzionale di tre grandi complessi coinvolti nella regolazione trascrizionale: TFIID (fattore generale di trascrizione), SAGA e ATAC (co-attivatori trascrizionali multifunzione). Le ricerche hanno rivelato come le molecole di mRNA non siano solo i veicoli del codice genetico, ma frequentemente siano anche i siti di assemblaggio co-traduzionale di subunità o di interi complessi multiproteici, contribuendo così ad un ulteriore livello di regolazione genica post-trascrizionale. **Pubblicazioni associate:** [Bernardini and Tora, JMB 2024](#); [Bernardini et al., NSMB 2023](#); [Yayli et al., Cell Rep 2023](#); [Scheer et al., JBC 2021](#).

► **Studio della funzione del fattore generale di trascrizione TFIID e dei *core promoter motifs* nella regolazione dell'attività dei promotori e inizio della trascrizione.** Ho contribuito allo studio della funzione del complesso TFIID (costituito da TBP e 13 diversi TAF) come piattaforma di

riconoscimento del *core promoter*. Sono stati impiegati approcci di reverse genetics (knockout genico inducibile) seguiti da analisi del trascrittoma nascente, dell'interattoma e da analisi fenotipiche. Inoltre, ho contribuito ad un'ipotesi per razionalizzare la posizione dei siti di inizio di trascrizione (TSS) alla luce dei recenti modelli strutturali del complesso di pre-inizio di trascrizione.

Pubblicazioni associate: [Hisler et al., Cell Rep 2024](#); [Bernardini et al., TiBS 2023](#).

► **Analisi predittive di varianti missenso del gene *TAF1* associate a disabilità intellettiva.** Ho realizzato analisi di sequenza e strutturali per la predizione di patogenicità di un largo insieme di varianti missenso della sequenza codificante del gene X-linked *TAF1* (componente centrale del complesso TFIID) associate a forme di disabilità intellettiva. Il progetto attualmente in corso è in collaborazione con il gruppo di A. Piton e J. Mandel (IGBMC). Manoscritto in preparazione.

► **Dissezione dei meccanismi patogenetici di mutazioni frame-shift nel gene *TAF8* associate a disabilità intellettiva.** Ho contribuito a una linea di ricerca volta alla comprensione delle cause molecolari del malfunzionamento della subunità TAF8 di TFIID in presenza di specifiche mutazioni frame-shift rilevate in pazienti soggetti a forme di disabilità intellettiva. Manoscritto in preparazione.

01/06/2018-31/12/2020: Attività di ricerca a tempo pieno come **Assegnista di Ricerca (~2,5 anni)** nel Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano), sotto la supervisione del Prof. **Roberto Mantovani** e Prof.ssa **Nerina Gnesutta**.

► **Interazioni genomiche, strutturali e meccanismi cooperativi tra Fattori di Trascrizione.** Studio di co-associazioni genomiche tra Fattori di Trascrizione in cellule umane e bias posizionali dei rispettivi motivi sul DNA. Le ricerche hanno definito i meccanismi molecolari alla base di fenomeni di co-associazione genomica e cooperazione tra i fattori NF-Y e USF1 in cellule umane e murine.

Pubblicazioni associate: [Ronzio, Bernardini et al., Genomics 2024](#); [Bernardini et al., Int J Biol Macromol 2021](#); [Ronzio, Bernardini et al., PLOS Comp Biol 2020](#).

► **Biologia del Fattore di Trascrizione *histone-like* NF-Y.** Ho contribuito a progetti di ricerca collaborativi volti a indagare diversi aspetti della biologia, genetica, regolazione, dinamica e struttura del fattore trascrizionale NF-Y in diversi sistemi modello (umani, murini, vegetali).

Pubblicazioni associate: [Priest, Bernardini et al., Sci Rep 2021](#); [Bezzecchi, Bernardini et al., Cancers 2021](#); [Chaves-Sanjuan et al., Plant J 2021](#); [Nardone et al., Cells 2020](#); [Libetti, Bernardini et al., Cells 2020](#); [Gnesutta et al., Plants 2020](#); [Libetti, Bernardini et al., BBA Mol Cell Res 2019](#).

01/11/2014-18/05/2018: Attività di ricerca e formazione a tempo pieno come **PhD Student (~3,5 anni)** nel Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano), sotto la supervisione della Prof.ssa **Nerina Gnesutta** e Prof. **Roberto Mantovani**.

► **Modulazione delle interazioni tra Fattori di Trascrizione e genoma tramite fenomeni di cooperazione molecolare e modificazioni post-traduzionali.** Durante il PhD mi sono occupato (i) di determinare i meccanismi molecolari alla base di fenomeni di sinergia e interazione cooperativa tra coppie di Fattori di Trascrizione dipendenti dalla distanza dei rispettivi motivi sul DNA; (ii) di definire il ruolo di specifici siti di fosforilazione implicati nella regolazione dell'attività trascrizionale di NF-Y durante la progressione del ciclo cellulare. **Pubblicazioni associate:** [Bernardini et al., Int J Biol Macromol 2021](#); [Bernardini et al., FASEB J 2019](#).

A.A. 2013/2014: Attività di formazione e ricerca come **Studente di Tesi magistrale (~9 mesi)** nel Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano), sotto la supervisione della Prof.ssa **Nerina Gnesutta** e Prof. **Roberto Mantovani**.

A.A. 2011/2012: Attività di formazione come **Studente di Tesi triennale (~6 mesi)** nel Dipartimento di Biotecnologie (Università degli Studi di Siena), sotto la supervisione del Prof. **Salvatore Oliviero**.

CORSI

1, 8, 15, 22, 29 Marzo 2022: ImageJ Macro Programming Course
organizzato da QuEST IBiSA platform, IGBMC, Illkirch (FR)

26-27 Novembre 2021: Introduction to bio-image processing and analysis with Fiji/ImageJ
organizzato da QuEST IBiSA platform, IGBMC, Illkirch (FR)

11-13 October 2021: Introduction to Machine Learning from Biology to Health
organizzato da INSERM (corso online)

25-28 Maggio 2021: High Throughput Screening and Image Analysis for Biosciences
organizzato da i3S Instituto de Investigação e Inovação em Saúde (corso online)

REALIZZAZIONE DI ATTIVITÀ PROGETTUALE

Project leader del progetto “*Exploring the imbalance of Co-activator Complexes isoforms in the Transcriptional Rewiring of cancer cells*” (codice progetto: ARCPOST-DOC2021080004113) associato alla fellowship della durata di **2 anni** vinta dal candidato e finanziata dal bando competitivo *POSTDOCTORAT RETOUR DE L'ÉTRANGER 2021* della fondazione ARC (*Fondation ARC pour la recherche sur le cancer*). Finanziamento: 119 598 €.

Responsabile progetto: Dr. **Andrea Bernardini**

Obiettivo del progetto: studiare l'espressione, la regolazione e i meccanismi di azione di nuove isoforme di specifiche subunità costituenti coattivatori trascrizionali e il loro ruolo in cellule tumorali.

Membro di unità di ricerca afferente al progetto “*Structural and functional characterization of the E2F3-MYCN-KAT2A connection*” (codice progetto: 2022KWFA7C), finanziamento PRIN-PNRR 2022.

Responsabile progetto: Prof. Roberto Mantovani.

Obiettivo del progetto: analizzare differenze molecolari e funzionali di due diverse isoforme del fattore trascrizionale E2F3 e il loro interplay con MYCN nella patogenesi tumorale.

Membro di unità di ricerca afferente al progetto “*Epigenetic complex assembly in space and time*” (codice progetto: EpiCAST-19-CE12-0029-01), finanziamento ANR PRCI Program 2019.

Responsabile progetto: Dr. Laszlo Tora.

Obiettivo del progetto: studio dei meccanismi e della regolazione della biogenesi di grandi complessi multiproteici coinvolti nella trascrizione e nel controllo epigenomico dell'espressione genica.

Membro di unità di ricerca afferente al progetto “*Synergy of NF-Y with a core set of transcription factors involved in cancer signatures genes*” (codice progetto: IG 19050) finanziato da AIRC.

Responsabile progetto: Prof. Roberto Mantovani.

Obiettivo del progetto: Studio dei meccanismi di cooperazione molecolare e sinergia funzionale di NF-Y con fattori di trascrizione coassociati a livello genomico nella regolazione di geni coinvolti nella proliferazione e metabolismo cellulare.

PARTECIPAZIONE A GRUPPI DI RICERCA

01/04/2024-Oggi: **Assegnista di Ricerca** nel gruppo di ricerca del Prof. Roberto Mantovani, Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano). Arruolato su fondi del progetto “Structural and functional characterization of the E2F3-MYCN-KAT2A connection” (PRIN-PNRR).

01/01/2021-31/03/2024: **Ricercatore post-doc (~3 anni)** nel gruppo del Dr. Laszlo Tora, Laboratorio di *Dynamics of Chromatin Structure and Transcription Regulation (Department of Developmental Biology and Stem Cells)*, IGBMC (Institute of Genetics and Molecular and Cellular Biology), Illkirch (FR). Arruolato su fondi dei progetti “Exploring the imbalance of Co-activator Complexes isoforms in the Transcriptional Rewiring of cancer cells” (ARC) e “Epigenetic complex assembly in space and time” (ANR PRCI Program).

01/06/2018-31/12/2020: **Assegnista di Ricerca (~2,5 anni)** nel gruppo di ricerca del Prof. Roberto Mantovani, Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano). Arruolato su fondi del progetto “Synergy of NF-Y with a core set of transcription factors involved in cancer signatures genes” (AIRC).

01/11/2014-18/05/2018: **Dottorando di Ricerca (~3,5 anni)** in Biologia Molecolare e Cellulare nel gruppo di ricerca della Prof.ssa Nerina Gnesutta e del Prof. Roberto Mantovani, Laboratorio di Genetica Umana Molecolare, Dipartimento di Bioscienze (Università degli Studi di Milano).

COLLABORAZIONI SCIENTIFICHE

- Collaborazione col gruppo di Laszlo Tora e Stéphane Vincent, IGBMC (Francia), stabilita durante il periodo di ricerca in Francia inerente allo studio della variabilità dell'apparato trascrizionale di base.
- Collaborazione con il Prof. Marc Timmers, Medical Center-University of Freiburg (Germania), nell'ambito del progetto EpiCAST per lo studio di meccanismi di assemblaggio e regolazione di complessi con funzione di coattivatori trascrizionali.
- Collaborazione con il gruppo della Dr.ssa Amelie Piton e Prof. Jean-Louis Mandel, IGBMC (Francia) nell'ambito del progetto sulla predizione di patogenicità di varianti missenso del gene X-linked *TAF1* associate a disabilità intellettive.
- Collaborazione con il Prof. Ferenc Mueller, University of Birmingham (UK), durante la stesura di due pubblicazioni inerenti alla funzione trascrizionale del complesso TFIID durante il periodo di permanenza nel gruppo di L. Tora.
- Collaborazione con il gruppo della Prof.ssa Elizabeth Hinde, University of Melbourne (Australia), per lo sviluppo di un sistema di live-cell imaging per lo studio della dinamica nucleare di Fattori di Trascrizione.
- Collaborazione con il gruppo del Prof. Marco Nardini, Università degli Studi di Milano, nell'ambito degli studi strutturali di complessi di Fattori di Trascrizione e DNA ricostituiti *in vitro*.

ATTIVITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

13-14 Maggio 2024 - Conferenza: **Genome Regulation & Cellular Fates in Homeostasis & Disease** organizzata da University of Cambridge, Caixa Forum, Madrid (ES).

Presentazione poster: “Roles of a recently evolved human *TAF8* isoform in TFIID complex assembly and variability of the basal transcription machinery”

21-22 Novembre 2022 - Meeting: *Young researchers in oncology meeting 2022*

Organizzato da *Fondation ARC pour la recherche sur le cancer*, Parigi (FR).

28 Settembre-2 Ottobre 2022 - Conferenza: **Transcriptional Regulation: Chromatin and RNA Polymerase II** organizzato da American Society for Biochemistry and Molecular Biology (ASBMB), Snowbird (USA).

Presentazione poster: *"TAF1-dependent co-translational assembly of the basal transcription factor TFIID"*

1-3 Maggio 2022 - Conferenza: **Protein Folding on the Ribosome**

organizzato da Johns Hopkins University, Baltimore (US)

Presentazione orale (online): *"A co-translational model for the assembly of the general transcription factor TFIID"*

24 Settembre 2021 - Meeting: **Second Annual Meeting on Advances on Nuclear Topology and 3D Chromatin Architecture in Cancer** (online meeting)

organizzato da New York University Langone

23-26 September 2019 - Workshop: **Intrinsically disordered proteins (IDPs) - From physical chemistry to pathogenic mechanisms**

organizzato da Lake Como Schools of Advanced Studies, Como (IT)

Presentazione orale (short talk): *"Transcription Factors: let's cooperate with disorder"*

9-15 Giugno 2019 - Workshop: **Functional Imaging of Nuclear Organization and Signalling** organizzato da FEBS, van Leeuwenhoek Centre of Advanced Microscopy, Amsterdam (NL)

Presentazione orale: *"Transcription factors at play: study of NF-Y biology"*

15-17 April 2018 - Meeting: **Young Biochemists in Lombardy Meeting**

organizzato da Società Italiana di Biochimica e Biologia Molecolare, Gargnano (IT)

Presentazione orale: *"Modulation of DNA-binding in Transcription Factors: the case study of NF-YA phosphorylation sites"*

27-30 Agosto 2016 - Conferenza: **Transcription and Chromatin**

organizzato da EMBL (European Molecular Biology Laboratory), Heidelberg (DE)

Presentazione poster: *"The role of NF-YA phosphorylation in CCAAT-dependent transcription"*

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

- ▶ Best Poster Award: Student & Postdoc Board Meeting - IGBMC (2021)
Titolo: *"TAF1 works as a co-translational hub for TFIID assembly"*
- ▶ Best Poster Award: 5th PhD Workshop - Molecular and Cellular Biology PhD course - Università degli Studi di Milano (2016)
Titolo: *"The role of NF-YA phosphorylation in CCAAT-dependent transcription"*
- ▶ Premio di merito di studio *"Migliori laureati dei comuni della Valtiberina Toscana"* - Rotary (2014)
- ▶ Premio di merito di studio *"Alla memoria di Daniela Purita"* - Università degli Studi di Siena (D.R. 1745/08-09, 2010)

ALTRI TITOLI

ATTIVITÀ DI PEER-REVIEWER per RIVISTE SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI

- *Science Advances* (Dec 2023, assisted in peer review activity)
- *Developmental Cell* (Dec 2023, assisted in peer review activity)
- *EMBO Journal* (Sep 2023, assisted in peer review activity)
- *Nature Communications* (Jan 2023, assisted in peer review activity)
- *Biology Direct* (Sep 2022, reviewer)
- *Biomolecules* (Mar 2021, reviewer)
- *International Journal of Molecular Sciences* (Jul 2021, reviewer)
- *Genes* (Aug 2020, reviewer)

ATTIVITÀ DI COMUNICAZIONE e TERZA MISSIONE

- Attività di divulgazione scientifica e orientamento nel programma Declics (Dialogue entre Chercheurs et Lycéens) presso la scuola superiore Collège Lycée St Etienne (Strasburgo, 08/12/2023)
- Attività di divulgazione scientifica ai visitatori di Palazzo Feltrinelli e presentazione del poster intitolato “*Cosa controlla i nostri geni?*” in occasione del Young Biochemists in Lombardy Meeting, organizzato dalla Società Italiana di Biochimica e Biologia Molecolare (Gargnano, 16/04/2018).

COMPETENZE TECNICHE

Biologia e genetica molecolare: estrazione e manipolazione di DNA e RNA, metodi di clonaggio molecolare, mutagenesi sito-specifica, PCR e PCR quantitativa, chromatin immunoprecipitation (ChIP), RNA immunoprecipitation (RIP), electromobility shift assay (EMSA), design di costrutti di DNA ricombinante e oligonucleotidi, approcci di editing genomico su linee cellulari (CRISPR) e genotipizzazione.

Biologia cellulare: tecniche di coltura e manipolazione di linee cellulari di mammifero, trasfezione, luciferase reporter assays, produzione di lentivirus ricombinanti e trasduzione, selezione di cloni cellulari, preparazione e analisi di campioni tramite citofluorimetria, silenziamento genico tramite RNAi, preparazione di campioni cellulari per microscopia a fluorescenza, immunofluorescenza, single-molecule RNA FISH (smFISH), microscopia confocale line-scanning e spinning-disk, processing e analisi delle immagini.

Biochimica: preparazione di estratti cellulari e frazionamento subcellulare, co-immunoprecipitazione per analisi di spettrometria di massa. SDS-PAGE, western-blot, purificazione di anticorpi, espressione di proteine ricombinanti in *E. coli*, tecniche cromatografiche (per affinità, IEX, SEC), sistemi automatici FPLC. Saggi di crosslinking delle proteine, taglio proteolitico, saggi pull-down. Preparazione e strategie di isolamento di complessi multiproteici sul DNA per analisi *in vitro*.

Bioinformatica: recupero di dati molecolari dalle principali banche dati biologiche (es. NCBI, Ensembl, UCSC Genome Browser, UniProt, DisProt, PDB, Prosite, Biogrid, Gene Expression Atlas, GTEx, TCGA, OMIM), analisi di sequenza e utilizzo di software di clonaggio molecolare (SerialCloner, EnzymeX, SnapGene, Benchling), motif discovery (MEME Suit), enrichment analysis, allineamenti di sequenza e conservazione (es. Jalview), costruzione di alberi filogenetici (PhyML). Visualizzazione, predizione e analisi di strutture proteiche (AlphaFold, UCSF-ChimeraX, VMD). Analisi e quantificazione delle immagini di microscopia (ImageJ, CellProfiler), analisi statistiche, analisi dei dati e rappresentazione grafica (R, GraphPad Prism).

CONOSCENZE LINGUISTICHE

Italiano: Madrelingua

Inglese: Ottimo

Francese: Base

PRODUZIONE SCIENTIFICA

Pubblicazioni in riviste *peer-reviewed*: 20

Pubblicazioni come primo autore: 8

Pubblicazioni come *corresponding author*: 3

Citazioni (SCOPUS): 137

h-index (SCOPUS): 7

Citazioni (Google Scholar): 181

h-index (Google Scholar): 8

Impact Factor medio: 6.05

Impact Factor totale: 121

ELENCO PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Pubblicazioni in riviste internazionali *peer-reviewed*

1) **Bernardini, A.***, and Mantovani, R*. (2024). Q-rich activation domains: flexible 'rulers' for transcription start site selection? *Trends in Genetics*, S0168-9525(24)00272-5.

<https://doi.org/10.1016/j.tig.2024.11.008> *co-corresponding authors

2023 IF: 13.7 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

2) Hisler, V., Bardot, P., Dettelleux, D., **Bernardini, A.**, Stierle, M., Sanchez, E. G., Richard, C., Arab, L. H., Ehrhard, C., Morlet, B., Hadzhiev, Y., Jung, M., Le Gras, S., Négroni, L., Müller, F., Tora, L., and Vincent, S. D. (2024). RNA polymerase II transcription initiation in holo-TFIID-depleted mouse embryonic stem cells. *Cell reports*, 43(10), 114791. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2024.114791>

2023 IF: 7.5 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

3) Ronzio, M., **Bernardini, A.**, Taglietti, V., Ceribelli, M., Donati, G., Gallo, A., Pavesi, G., Dellabona, P., Casorati, G., Messina, G., Mantovani, R., and Dolfini, D. (2024). Genomic binding of NF-Y in mouse and human cells. *Genomics*, 116(5), 110895. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2024.110895>

2023 IF: 3.4 - SJR: Q2 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

4) **Bernardini, A.***, and Tora, L*. (2024). Co-translational Assembly Pathways of Nuclear Multiprotein Complexes Involved in the Regulation of Gene Transcription. *Journal of molecular biology*, 436(4), 168382. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2023.168382> *co-corresponding authors

2023 IF: 4.7 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q2

5) Yayli, G., **Bernardini, A.**, Mendoza Sanchez, P. K., Scheer, E., Damilot, M., Essabri, K., Morlet, B., Négroni, L., Vincent, S. D., Timmers, H. T. M., and Tora, L. (2023). ATAC and SAGA co-activator complexes utilize co-translational assembly, but their cellular localization properties and functions are distinct. *Cell reports*, 42(9), 113099. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.113099>

2022 IF: 8.8/2023 IF: 7.5 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

6) Gallo, A., Dolfini, D., **Bernardini, A.**, Gnesutta, N., and Mantovani, R. (2023). NF-YA isoforms with alternative splicing of exon-5 in Aves. *Genomics*, 115(5), 110694. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2023.110694>

2022 IF: 4.4/2023 IF: 3.4 - SJR: Q2 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

7) **Bernardini, A.**, Hollinger, C., Willgenss, D., Müller, F., Devys, D., and Tora, L. (2023). Transcription factor IID parks and drives preinitiation complexes at sharp or broad promoters. *Trends in biochemical sciences*, 48(10), 839-848. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2023.07.009>

2022 IF: 13.8/2023 IF: 11.7 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

8) **Bernardini, A.**, Mukherjee, P., Scheer, E., Kamenova, I., Antonova, S., Mendoza Sanchez, P. K., Yayli, G., Morlet, B., Timmers, H. T. M., and Tora, L. (2023). Hierarchical TAF1-dependent co-translational assembly of the basal transcription factor TFIID. *Nature structural & molecular biology*, 30(8), 1141-1152. <https://doi.org/10.1038/s41594-023-01026-3>

2022 IF: 16.8/2023 IF: 12.5 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

9) **Bernardini, A.***, Gallo, A., Gnesutta, N., Dolfini, D., and Mantovani, R*. (2022). Phylogeny of NF-YA trans-activation splicing isoforms in vertebrate evolution. *Genomics*, 114(4), 110390. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2022.110390> *co-corresponding authors

2021 IF: 4.3/2023 IF: 3.4 - SJR: Q2 - Scopus CiteScore rank: Q2 - JCI rank: Q1

10) **Bernardini, A.**, Lorenzo, M., Chaves-Sanjuan, A., Swuec, P., Pigni, M., Saad, D., Konarev, P. V., Graewert, M. A., Valentini, E., Svergun, D. I., Nardini, M., Mantovani, R., and Gnesutta, N. (2021). The USR domain of USF1 mediates NF-Y interactions and cooperative DNA binding. *International journal of biological macromolecules*, 193(Pt A), 401-413. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.10.056>

2020 IF: 7/2023 IF: 7.7 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

11) Scheer, E., Luo, J., **Bernardini, A.**, Ruffenach, F., Garnier, J. M., Kolb-Cheynel, I., Gupta, K., Berger, I., Ranish, J., and Tora, L. (2021). TAF8 regions important for TFIID lobe B assembly or for TAF2 interactions are required for embryonic stem cell survival. *Journal of biological chemistry*, 297(5), 101288. <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2021.101288>

2020 IF: 5.2/2023 IF: 4 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q2

12) **Bernardini, A.***, Priest, D. G.*, Lou, J., Mantovani, R., and Hinde, E. (2021). Live cell dynamics of the NF-Y transcription factor. *Scientific reports*, 11(1), 10992. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-90081-1> *equally contributing authors

2020 IF: 4.4/2023 IF: 3.8 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

13) Bezzecchi, E., **Bernardini, A.**, Ronzio, M., Miccolo, C., Chiocca, S., Dolfini, D., and Mantovani, R. (2021). NF-Y Subunits Overexpression in HNSCC. *Cancers*, 13(12), 3019. <https://doi.org/10.3390/cancers13123019>

2020 IF: 6.6/2023 IF: 4.5 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q2 - JCI rank: Q2

14) Chaves-Sanjuan, A., Gnesutta, N., Gobbini, A., Martignago, D., **Bernardini, A.**, Fornara, F., Mantovani, R., and Nardini, M. (2021). Structural determinants for NF-Y subunit organization and NF-Y/DNA association in plants. *The Plant journal*, 105(1), 49-61. <https://dx.doi.org/10.1111/tpj.15038>

2020 IF: 6.5/2023 IF: 6.2 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

15) Ronzio, M., **Bernardini, A.**, Pavesi, G., Mantovani, R., and Dolfini, D. (2020). On the NF-Y regulome as in ENCODE (2019). *PLoS computational biology*, 16(12), e1008488. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008488>

2019 IF: 4.7/2023 IF: 3.8 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

16) Nardone, V., Chaves-Sanjuan, A., Lapi, M., Airolidi, C., Saponaro, A., Pasqualato, S., Dolfini, D., Camilloni, C., **Bernardini, A.**, Gnesutta, N., Mantovani, R., and Nardini, M. (2020). Structural Basis of Inhibition of the Pioneer Transcription Factor NF-Y by Suramin. *Cells*, 9(11), 2370. <https://doi.org/10.3390/cells9112370>

2019 IF: 4.4/2023 IF: 5.1 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q3

17) Libetti, D., **Bernardini, A.**, Sertic, S., Messina, G., Dolfini, D., and Mantovani, R. (2020). The Switch from NF-YA1 to NF-YAs Isoform Impairs Myotubes Formation. *Cells*, 9(3), 789. <https://doi.org/10.3390/cells9030789>

2019 IF: 4.4/2023 IF: 5.1 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q3

18) Gnesutta, N., Chiara, M., **Bernardini, A.**, Balestra, M., Horner, D. S., and Mantovani, R. (2019). The Plant NF-Y DNA Matrix In Vitro and In Vivo. *Plants* (Basel, Switzerland), 8(10), 406. <https://doi.org/10.3390/plants8100406>

2019 IF: 2.8/2023 IF: 4.0 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

19) **Bernardini, A.**, Lorenzo, M., Nardini, M., Mantovani, R., and Gnesutta, N. (2019). The phosphorylatable

Ser320 of NF-YA is involved in DNA binding of the NF-Y trimer. *FASEB journal*, 33(4), 4790-4801. <https://dx.doi.org/10.1096/fj.201801989R>

2019 IF: 4.9/2023 IF: 4.4 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q1

20) Libetti, D., **Bernardini, A.**, Chiaramonte, M. L., Minuzzo, M., Gnesutta, N., Messina, G., Dolfini, D., & Mantovani, R. (2019). NF-YA enters cells through cell penetrating peptides. *Biochimica et biophysica acta Molecular cell research*, 1866(3), 430-440. <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2018.10.004>

2019 IF: 4.1/2023 IF: 4.6 - SJR: Q1 - Scopus CiteScore rank: Q1 - JCI rank: Q2

Tesi di Dottorato

Bernardini, A. (2018). Modulation of DNA-binding in Transcription Factors: the case of NF-Y and USF1. PhD thesis (Università degli Studi di Milano). <https://hdl.handle.net/20.500.14242/112632>

07/01/2025,
Milano