

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 03/A2 - Modelli e Metodologie per le Scienze Chimiche , settore scientifico-disciplinare CHIM/02 - Chimica Fisica presso il Dipartimento di BIOTECNOLOGIE MEDICHE E MEDICINA TRASLAZIONALE, (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 32 del 21/04/2020), Codice concorso 4344.

Luca Mollica

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	MOLLICA
NOME	LUCA
DATA DI NASCITA	10.10.1977

ESPERIENZE LAVORATIVE E PROFESSIONALI

10/2018 - presente

Professore a contratto di Chimica Generale e Inorganica

Ente: Corso di laurea triennale in Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Milano, Italia

04/2018 - presente

Assegnista di ricerca (B)

Ente: Università degli Studi di Milano, Milano, Italia

Sede: Integrative Biology Unit, Istituto Nazionale Genetica Molecolare (INGM), Milano, Italia

Direttore scientifico: Prof. Massimiliano Pagani

01/2014 - 01/2018

Collaboratore scientifico a contratto

Ente: Istituto Italiano di Tecnologia (IIT)

Sede: Compunet, Istituto Italiano di Tecnologia, Genova, Italia

Direttore scientifico: Prof. Andrea Cavalli

05/2015 - 01/2018

Collaboratore scientifico / consulente

Ente: BiKi Technologies s.r.l.

Sede: Istituto Italiano di Tecnologia, Genova, Italia

Direttore scientifico responsabile: Prof. Andrea Cavalli

03/2010 - 01/2014

Postdoc (Ingenieur de Recherche, CEA/Chercheur, CNRS)

Ente: Institut de Biologie Structurale (IBS) (Unité Mixte de Recherche 5075)
Sede: Protein Dynamics and Flexibility by NMR Group, IBS, Grenoble, Francia
Direttore scientifico: Dr. Martin Blackledge

05/2003 - 02/2010

Collaboratore scientifico a contratto
Ente: Fondazione Telethon / Dulbecco Telethon Institute (DTI)
Sede: Laboratorio di NMR Biomolecolare, DIBIT/Ospedale San Raffaele, Milano, Italia
Direttrice scientifica: Dr.ssa Giovanna Musco

09/2005 - 01/2006

Collaboratore scientifico in visita
Ente: International Business Machine (IBM)
Sede: Zurich Research Laboratory, Rueschlikon, Svizzera
Direttrice scientifica: Prof. Wanda Andreoni

05/2005 - 11/2008

Studente di Dottorato di Ricerca in Biologia Cellulare e Molecolare
Università Vita-Salute S.Raffaele / Open University International PhD Program
Sede ospitante: DIBIT (Ospedale San Raffaele, Milano, Italia), Laboratorio di NMR Biomolecolare
Direttore scientifico e supervisore: Dott.ssa Giovanna Musco
Co-supervisori: Prof. Marco Bianchi, Prof. Mike Williamson

07/2002 - 05/2003

Collaboratore scientifico volontario (servizio civile)
Ente: Istituto di ricerche Farmacologiche "Mario Negri" (IRFMN)
Sede: Laboratorio di Biochimica e Chimica delle Proteine, IRFMN, Milano, Italia
Direttore scientifico: Dr. Mario Salmons

ESPERIENZE ED ATTIVITÀ DIDATTICHE

2019-2020

Docente del corso elettivo "Data handling in biomedical sciences" per il corso di laurea magistrale in Medical Biotechnology and Molecular Medicine, Università degli Studi di Milano.

2018-2019/2019-2020

Docente ospite del corso "Chimica e Chimica computazionale" (Prof. Massimo Mella) per il corso di laurea magistrale in Chimica e Chimica Industriale, Università degli Studi dell'Insubria (sede di Como).

2018-2019/2019-2020

Professore a contratto di Chimica Generale e Inorganica per il corso di laurea triennale in Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Milano.

2018-2019/2019-2020

Tutor per il laboratorio del corso "Molecular biology applied to biotechnology" (Prof. Massimiliano Pagani) per il corso di laurea magistrale in Medical Biotechnology and Molecular Medicine, Università degli Studi di Milano.

2018-2019/2019-2020

Supporto alla gestione logistica del Master in Bioinformatics and Functional Genomics, Università degli Studi di Milano / INGM (Coordinatore: Prof. Massimiliano Pagani).

2018-2019

Docente del modulo “Structural Biology” del Master in Bioinformatics and Functional Genomics, Università degli Studi di Milano / INGM (Coordinatore: Prof. Massimiliano Pagani).

2017-2018

Tutor del corso “Cells molecules and genes”, International Medical School (IMS), Università degli Studi di Milano.

2010

Docente del Corso specialistico della Scuola Nazionale di NMR, 09.2010, Torino, Italia.

ISTRUZIONE E FORMAZIONE**11/2008**

Dottorato di Ricerca in Biologia Cellulare e Molecolare

Università Vita-Salute S.Raffaele / Open University International PhD Program

Sede ospitante: DIBIT (Ospedale San Raffaele, Milano, Italia), Laboratorio di NMR Biomolecolare

Direttore scientifico e supervisore: Dott.ssa Giovanna Musco

Co-supervisori: Prof. Marco Bianchi, Prof. Mike Williamson

03/2002

Laurea in Chimica

Università degli Studi di Milano, Italia

Sede ospitante: Dipartimento di Chimica Fisica ed Elettrochimica.

Relatore: Dott. Marco Scavini

Votazione: 106/110

07/1996

Diploma di Maturità Scientifica

Liceo Scientifico “G.B.Grassi”, Saronno, Italia

Votazione: 60/60

COMPETENZE PROFESSIONALI***Chimica fisica computazionale***

Dinamica molecolare classica, docking molecolare, simulazioni di sistemi molecolari con metodi Montecarlo classici, simulazioni di sistemi molecolari con metodi basati sulla teoria del funzionale di densità (density functional theory, DFT).

Chimica fisica biologica sperimentale/Biofisica

Spettroscopia NMR multidimensionale per proteine, dicroismo circolare, spettroscopia di fluorescenza.

Biologia Computazionale/Bioinformatica

Analisi di dati di trascrittomica massiva tramite metodi diretti (“de novo” RNA sequencing), analisi di dati di trascrittomica a singola cellula (single cell RNA sequencing). Applicazione di metodi di inferenza statistica (network inference, NI) a dati “omici” di trascrittomica.

Chimica-fisica dello stato solido

Diffrazione a raggi X per polveri, sintesi allo stato solido, analisi termogravimetrica (TGA, DSC), microscopia ottica ed elettronica a scansione, conduttimetria.

COMPETENZE INFORMATICHE

Competenze informatiche generali

Conoscenza approfondita della gestione avanzata dei sistemi operativi Linux e Microsoft Windows e dei loro più comuni applicativi; conoscenza degli strumenti di amministrazione e personalizzazione d'uso dei sistemi operativi Linux per singolo utente e per gruppi di utenti attraverso reti locali. Conoscenza approfondita dello scripting e della programmazione/gestione dei dati e dei sistemi operativi nei più comuni linguaggi e ambienti principalmente per sistemi operativi Linux: Awk, Bash Native Language, Perl (conoscenza avanzata); C, Fortran 77 e Python (conoscenza di base). Buona conoscenza dell'hardware dei calcolatori.

Competenze informatiche specifiche

Chimica computazionale: GROMACS, BiKi, NAMD (dinamica molecolare); SimRNA, CAMPARI (simulazioni molecolari Montecarlo); SwissModel, MODELLER, ROSETTA (modellizzazione per omologia di strutture di proteine); HADDOCK, ZDOCK, AutoDock(docking molecolare); Dalton, CPMD (calcoli quantomeccanici "ab initio").

Spettroscopia NMR: Topspin, VnmrJ (acquisizione di dati); CCPNMR, NMRDraw/NMRPipe, NMRView, Sparky (processazione, visualizzazione e assegnamento di spettri); TENSOR2, MODULE, PALES, SPARTA+, SHIFTS, SHIFTX (analisi ed interpretazione molecolare di spettri).

Visualizzazione molecolare: VMD, Avogadro, Pymol.

Analisi di dati di trascrittoma massiva: Trinity ("de novo" RNAseq).

Analisi statistica di dati di trascrittoma a singola cellula: CellRanger, pySCENIC (network inference).

Analisi, elaborazione e visualizzazione di dati numerici: Gnuplot, Xmgrace, Scilab, Octave, Excel.

CONOSCENZE LINGUISTICHE

Italiano: lingua madre.

Inglese: ottima conoscenza della lingua scritta e parlata.

Francese: buona conoscenza della lingua scritta, ottima conoscenza della lingua parlata.

ULTERIORI INFORMAZIONI

Abilitazioni scientifiche nazionali

Abilitazione Scientifica Nazionale 2017-2026 a professore di II fascia nel settore disciplinare 03/A2 (Modelli e Metodologie per le Scienze Chimiche).

Abilitazione Scientifica Nazionale 2018-2027 a professore di II fascia nel settore disciplinare 05/E1, (Biochimica Generale).

Abilitazione Scientifica Nazionale 2018-2027 a professore di II fascia nel settore disciplinare 02/D1 (Fisica Applicata, Didattica e Storia della Fisica).

Attività editoriali

Topic Editor ("Protein dynamics and molecular recognition at the crossroad between experiments and theory") per la rivista internazionale "Frontiers in Molecular Biosciences".

Revisore per riviste scientifiche internazionali (Current Computer-Aided Drug Design, PLOS One, Scientific Reports).

Pubblicazioni scientifiche

38 (pubblicazioni degli ultimi 10 anni: 29; pubblicazioni come primo autore: 9; pubblicazioni come "corresponding author": 4; H index: 19; H index decennale: 26; numero totale di citazioni: 1750; citazioni degli ultimi 5 anni: 941; fonte Google Scholar).

Premi e riconoscimenti

Marie Curie Fellowship, 2011-2013.

Bruker fellowship, XI Chianti Workshop on Magnetic Resonance, 2007, Vallombrosa, Italy.

EMBO fellowship, NMR Practical Course, 2005, Basilea, CH.

Partecipazioni a congressi scientifici

05.09.2016 - 07.09.2016

15th National Congress on Magnetic Resonance (GIDRM), Modena, Italia.

"Protein dynamics and NMR observables: new approaches from enhanced sampling methods" (relatore invitato, presentazione orale).

16.10.2015

GIDRM - NMR Day on drug discovery and delivery: new approaches, Genova, Italia (organizzatore).

22.09.2015 - 25.09.2015

CECAM Workshop: Computational Advances in Drug Discovery, Losanna, CH.

"Kinetics of protein-ligand unbinding via smoothed potential molecular dynamics simulations" (poster).

10.06.2014 - 12.06.2014

CECAM Workshop: Binding free energy and kinetics: computation meets experiments, Genova, Italia.

"In Silico Prediction of Protein Unbinding Kinetics Using Smoothed Potentials" (relatore invitato, presentazione orale).

21.11.2013

Natta's Seeds Grow, Milano, Italia.

"Atomic-Resolution Structural Dynamics in Crystalline Proteins from NMR and Molecular Simulation" (poster)

24.09.2012 - 26.09.2012

CECAM Workshop: Exploring Protein Interactions through Theory and Experiment, Losanna, CH.

"Multi-timescale dynamics of crystalline proteins investigated using molecular dynamics simulations and high resolution solid state NMR spectroscopy" (relatore invitato, presentazione orale)

17.06.2012 - 22.06.2012

12th Chianti.INSTRUCT Workshop on BioNMR, Electron and Nuclear Relaxation for - Structural Biology Montecatini Terme, Italia.

"Atomic-Resolution Structural Dynamics in Crystalline Proteins from NMR and Molecular Simulation" (poster)

14.12.2008 - 18.12.2008

NMR to lay the bricks for molecular systems biology, Montecatini Terme, Italia.

"The anti-inflammatory effect of Glycyrrhizin and its interactions with extracellular HMGB1 revealed by NMR and MD" (poster).

03.06.2007 - 08.06.2007

11th Chianti Workshop on Magnetic Resonance, Vallombrosa, Italia.

"Glycyrrhizin Binds to High Mobility Group Box 1 Protein (HMGB1) and Inhibits its Cytokine Activities" (poster).

Competenze organizzative e gestionali

Co-supervisore di 1 tesi di dottorato in Scienze biotecnologiche e farmaceutiche (Università degli Studi di Bologna, 30° ciclo, 2014-2018).

Correlatore di 1 tesi di laurea magistrale in Biotecnologie Molecolari e Industriali (Università degli Studi dell'Insubria, 2014/2015) e di 1 tesi di laurea magistrale in Biotecnologie Mediche e Industriali (Università degli Studi di Milano - Bicocca, 2006/2007).

Tutor di 2 studenti in tirocinio di tesi (in Fisica e in Biotecnologie Mediche e Industriali, Università degli Studi di Milano - Bicocca) durante il periodo lavorativo 2003-2010.

Amministratore di sistema (Linux) di macchine calcolatrici per uso scientifico (2003 - presente).

Supporto tecnico per la raccolta, la gestione e l'analisi dei dati da spettroscopia NMR (2003 - 2010).

APPENDICE 1

LISTA CRONOLOGICA DEI PROGETTI SVOLTI E DELLE COLLABORAZIONI AVUTE IN CARRIERA

Marzo 2018 - presente (Istituto Nazionale di Genetica Molecolare (INGM), Milano, Italia / Dipartimento di Biotecnologie Mediche e Medicina Traslazionale, Università degli Studi di Milano, Italia)

1. Sviluppo e applicazione di metodologie computazionali per la predizione e la caratterizzazione della formazione di triple eliche di acidi nucleici nell'ambito dello studio di RNA non codificanti e del loro ruolo nella regolazione genica.
2. Applicazione dell'analisi di dati di trascrittomica a singola cellula (single cell RNA sequencing) tramite metodi di inferenza statistica (network inference, NI) allo studio della risposta immune nei tumori umani e autoimmune.
3. Sviluppo e applicazione di metodologie computazionali strutturali per la predizione e l'analisi dei complessi formati da recettori delle cellule T, antigeni e complesso maggiore di immunoistocompatibilità (MHC) per la determinazione dei determinanti molecolari della modulazione della risposta immunitaria.
4. Studio della plasticità strutturale di proteine prioniche umane in funzione di mutazioni patologiche e meccanismo di riconoscimento da parte di "nanobody" di interesse diagnostico/terapeutico.

Febbraio 2014 - gennaio 2018 (Istituto Italiano di Tecnologia, Genova, Italia)

1. Sviluppo di metodologie computazionali per lo studio e la predizione della cinetica di dissociazione dei complessi farmaco-proteina.
2. Studio computazionale della interazione VAC acilasi con una famiglia di cefalosporine e della corrispondente cinetica di associazione e dissociazione.
3. Studio computazionale della dimerizzazione della D-amminoacido ossidasi umana (hDAAO) e della sua interazione con molecole di interesse farmacologico per la cura della schizofrenia e del dolore cronico.
4. Caratterizzazione computazionale della cinetica e della termodinamica di interconversione tra strutture transienti in soluzione della proteina nucleare intrinsecamente disordinata N-TAIL del virus Sendai.
5. Studio cristallografico e computazionale dell'interazione tra la fosfodiesterasi umana e una famiglia di suoi inibitori.

Aprile 2010 - gennaio 2014 (Institut de Biologie Structurale, Grenoble, Francia)

1. Sviluppo di metodi numerici per l'interpretazione quantitativa di misure NMR relative a proteine strutturate (SH2, SH3, ubiquitina) allo stato liquido e solido.
2. Simulazioni di proprietà magnetiche di catene polipeptidiche modello tramite simulazioni quantomeccaniche (DFT).
3. Studi spettroscopici (NMR) e computazionali di proteine intrinsecamente disordinate (IDP) coinvolte nella interazione ospite-patogeno e nell'infezione virale.
4. Studi computazionali di potenziale di forza media nell'ambito della caratterizzazione "in silico" di polimeri di interesse farmaceutico e ambientale.

Maggio 2003 - febbraio 2010 (DIBIT-Ospedale S.Raffaele, Milano, Italia)

1. Studi strutturali sperimentali e computazionali di HMGB1 e dei suoi complessi con molecole di origine naturale con azione antinfiammatoria (glicirrizina, carbenoxolone).
2. Studi strutturali sperimentali dei domini PHD finger di AIRE e dei complessi da essi formati nell'ambito della sindrome poliendocrina autoimmune di tipo 1 (APECED).
3. Studi "in silico" della interazione tra domini discoidei di interesse patologico (retinoschisia, trombosi) e la superficie del doppio strato lipidico.
4. Modellistica molecolare dell'eterodimero apolipoproteina AI (Milano) - AII e delle sue interazioni con il doppio strato lipidico (dischi lipidici).

5. Modelli computazionali di “unfolding” in urea della β -lattoglobulina umana.
6. Analisi delle caratteristiche strutturali di riconoscimento anticorpale CD4-gp120 nell’ambito della resistenza naturale all’HIV.

Luglio 2002 - maggio 2003 (Istituto di Ricerche Farmacologiche “Mario Negri”, Milano, Italia)

1. Studi strutturali di aggregazione di peptidi di sintesi corrispondenti a frammenti della proteina prionica umana.
2. Aspetti strutturali della regolazione ossidoriduttiva della ciclofillina A per effetto della glutathionilazione.

APPENDICE 2

LISTA CRONOLOGICA COMPLETA DI PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE SU RIVISTE “PEER REVIEWED”

(*: “corresponding author”)

1. M.Mella, A.Tagliabue, L.Mollica, L.Izzo. **Monte Carlo study of the effects of macroion charge distribution on the ionization and adsorption of weak polyelectrolytes and concurrent counterion release**, J. of Coll. and Interf. Sci., 560, 667-680, 2020.
2. M.Bernetti, E.Rosini, L.Mollica*, M.Masetti, L.Pollegioni, M.Recanatini and A.Cavalli, **Binding residence time through scaled molecular dynamics: a prospective application to hDAAO inhibitors** J. Chem. Inf. Model., 58 (11), 2255-2265, 2018.
3. F.Arrigoni, T.Prosdocimi, L.Mollica, G. Zampella, L.De Gioia and L.Bertini, **Copper reduction and dioxygen activation in Cu-Amyloid Beta peptide complexes. Insight from molecular modelling**, accepted for publication on Metallomics, 10, 1618-1630, 2018.
4. T.Prosdocimi, L.Mollica, S.Donini, M.S.Semrau, A.P.Lucarelli, E.Aiolfi, A.Cavalli, P.Storici, S.Alfei, C.Brullo, O.Bruno, and E.Parisini, **Molecular bases of PDE4D inhibition by GEBR-library compounds for cognitive amelioration in Alzheimer’s disease**, Biochemistry, 57 (19), 2876-2888, 2018.
5. M.Bernetti, M.Masetti, F.Pietrucci, M.Blackledge, M.Ringkjobing Jensen, M.Recanatini, L.Mollica* and A.Cavalli, **Structural and kinetic characterization of the intrinsically disordered protein SeV NTAIL through enhanced sampling simulations**, J.Phys.Chem.B, 121, 9572-9582, 2017.
6. M.Bernetti, A.Cavalli, L.Mollica*, **Protein-ligand (un)binding kinetics as a new paradigm for drug discovery at the crossroad between experiments and modelling**, MedChemComm, 8, 534-550, 2017.
7. L.Mollica, L.M.Bessa, X.Hanoulle, M.Ringkjøbing Jensen, M.Blackledge, R.Schneider, **Binding mechanisms of intrinsically disordered proteins: theory, simulation, and experiment**, Frontiers of Molecular Biosciences, 3, 2016.
8. L.Mollica, I.Theret, M.Antoine, F.Perron-Sierra, Y.Charton J.M.Fourquez, M.Wierzbicki, J.A.Boutin, G.Ferry, S.Decherchi, G.Bottegoni, P.Ducrot and A.Cavalli, **Molecular Dynamics Simulations and Kinetic Measurements to Estimate and Predict Protein-Ligand Residence Times**, J. Med. Chem., 59 (15), 7167-7176, 2016.
9. L.Mollica*, G.Conti, L.Pollegioni, A.Cavalli, E.Rosini, **Unveiling the Atomic-Level Determinants of Acylase-Ligand Complexes: An Experimental and Computational Study**, J. Chem. Inf. Model. 55(10):2227-41, 2015.
10. L.Mollica, S.Decherchi, S.R.Zia, R.Gaspari, A.Cavalli and W.Rocchia, **Kinetics of protein-ligand unbinding via smoothed potential molecular dynamics simulations**, Sci. Rep., 5, 2015.
11. L.Izzo, M.Mella, L.Mollica, **Influence of charged intramolecular hydrogen bonds in weak polyelectrolytes: A Monte Carlo study of flexible and extendible polymeric chains in solution and near charged spheres**, J. Pol. Sci. Part B: Polymer Physics, 53 (9), 650, 2015.
12. F.Pietrucci, L.Mollica, M.Blackledge, **Mapping the native conformational ensemble of proteins from a combination of simulations and experiments: new insight in the src-SH3 domain**, J.Phys.Chem.Lett., 4, 1943, 2013.

13. P.Guerry, L.Mollica, M.Blackledge, **Mapping Protein Conformational Energy Landscapes using NMR and Molecular Simulation**, Phys. Chem.Chem.Phys., 14, 3046, 2013.
14. P.Guerry and L.Salmon, L.Mollica, J.L. Ortega Roldan, P.Markwick, N.A.J. van Nuland, J.A.McCammon and M. Blackledge, **Mapping the Population of Protein Conformational Energy Sub-states from NMR Dipolar Couplings**, Angew. Chem. Int. Ed. Engl., 52(11), 3181-3185, 2013.
15. L.Mollica, M.Baias, J.R.Lewandowski, B.J.Wylie, L.J.Sperling, C.M.Rienstra, L.Emsley, and M.Blackledge, **Atomic-Resolution Structural Dynamics in Crystalline Proteins from NMR and Molecular Simulation**, J.Phys.Chem.Lett., 3(23), 3657-3662, 2012.
16. M.Gaetani and V.Matafora, M.Saare, D.Spiliotopoulos, L.Mollica, G.Quilici, F.Chignola, V.Mannella, C.Zucchelli, P.Peterson, A.Bachi and G.Musco, **AIRE-PHD fingers are structural hubs to maintain the integrity of chromatin-associated interactome**, Nuc.Ac.Res., 40(22), 11756-68, 2012.
17. L.Salmon, L.Pierce, A.Grimm, J.L.Ortega Roldan, L.Mollica, M.R.Jensen, N.van Nuland, P.R.Markwick, J.A.McCammon, M.Blackledge, **Multi-timescale conformational dynamics of the SH3 domain of CD2-associated protein using NMR spectroscopy and accelerated molecular dynamics**, Angew. Chem. Int. Ed. Engl., 51(25):6103-62012, 2012.
18. A.Naldoni, L.Mollica and V.Dal Santo, **Nanoparticle-Protein Conjugates for Nanomedicine Applications: Design and Engineering at the Nano-Bio Interface**, Recent Patents in Nanomedicine, 17-33, 2012.
19. R.Schneider, J.Huang, M.Yao, G.Communie, V.Ozenne, L.Mollica, L.Salmon, M.R.Jensen and M.Blackledge, **Towards a robust description of intrinsic protein disorder using nuclear magnetic resonance spectroscopy**, Mol. BioSyst., 8, 58-68, 2012.
20. T.Tosi, N.N.Nickerson, L.Mollica, M.R.Jensen, M.Blackledge, B.Baron, P.England, A.P.Pugsley, A.Dessen, **Pilotin-secretin recognition in the type II secretion system of Klebsiella oxytoca**, Mol. Microbiol., 82(6), 1422-32, 2011.
21. M.R.Jensen, G.Communie G, E.A.Ribeiro, N.Martinez, A.Desfosses, L.Salmon, L.Mollica, F.Gabel, M.Jamin, S.Longhi, R.W.Ruigrok, M.Blackledge, **Intrinsic disorder in measles virus nucleocapsids**, Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A. 108(24) (2011), 9839-44.
22. L.Mollica, G.Morra, G.Colombo, G.Musco, **HMGB1-carbenoxolone interactions: dynamics insights from combined nuclear magnetic resonance and molecular dynamics**, Chem. Asian J., 6(5) (2011), 1171-80.
23. D.Breda, L.Mollica, E.Luison and S.E.Burastero, **HIV and the Sharpen Edge Between Protective and Pathogenic Immune Responses to the CD4 Self Antigen**, The Open Autoimmunity Journal, 2, 96-103, 2010.
24. C.Wodarczyk, G.Distefano, I.Rowe, M.Gaetani, B.Bricoli, M.Muorah, A.Spitaleri, V.Mannella, P.Ricchiuto, M.Pema, M.Castelli, A.E.Casanova, L.Mollica, M.Banzi, M.Boca, C.Antignac, S.Saunier, G.Musco, A.Boletta, **Nephrocystin-1 forms a complex with polycystin-1 via a polyproline motif/SH3 domain interaction and regulates the apoptotic response in mammals**, PLoS One, 5(9) (2010), e12719.
25. S.Trifari, S.Scaramuzza, M.Catucci, M.Ponzoni, L.Mollica, R.Chiesa, F.Cattaneo, F.Marangoni, M.Bosticardo, C.Doglionni, A.Aiuti, A.Villa, M.G. Roncarolo and L.Dupré, **Molecular Analysis of a mutant Wiskott-Aldrich syndrome protein in T cells and lymphoid tissues of a revertant Wiskott-Aldrich syndrome patient**, The Journal of Allergy and Clinical Immunology, 125(2), 439-

448, 2010.

26. M.Scavini, M.Coduri, M.Allieta, L.Mollica, M.Brunelli, L.Malavasi, A.Lascialfari, C.Ferrero, **Effect Of Local Disorder On The Transport Properties Of Al-Doped $\text{SmBa}_2\text{Cu}_3\text{O}_{6+x}$ Superconductors**, Journal Of Physical Chemistry. C, 114(45),19509-19520, 2010.

27. S.E.Burastero, M.Figini, B.Frigerio, P.Lusso, L.Mollica and L.Lopalco, **Protective versus pathogenic anti-CD4 immunity: insights from the study of natural resistance to HIV infection**, J Transl Med. 7 (2009), 101.

28. F.Chignola, M.Gaetani, A.Rebane, T.Org, L.Mollica, C.Zucchelli, A.Spitaleri, V.Mannella, P.Peterson, G.Musco, **The solution structure of the first PHD finger of autoimmune regulator in complex with non-modified histone H3 tail reveals the antagonistic role of H3R2 methylation**, Nucleic Acids Res., 37(9) (2009), 2951-61.

29. L.Mollica, A.Curioni, W.Andreoni, M.E.Bianchi and G.Musco, **The binding domain of the Carbenoxolone inhibitor of HMGB1: theory and experiment**, Chem.Phys.Lett., 456 (2008), 236-242.

30. T.Org, F. Chignola, C. Hetaenyi, M.Gaetani, A.Rebane, I.Liiv, U. Maran, L.Mollica, M.J. Bottomley, G.Musco and P.Peterson, **The Autoimmune Regulator PHD finger binds non-methylated Histone H3K4 to activate gene expression**, EMBO R., 9 (2008), 370-376.

31. A.Guerini Rocco, L.Mollica, P.Ricchiuto, A.M.Baptista, E.Gianazza and I.Eberini, **Characterization of the protein unfolding processes induced by urea and temperature**, Biophysical Journal, 94 (2007), 2241-2251.

32. L.Mollica, F.De Marchis, C.Dallacosta, D.Pennacchini, M.Zamai, A.Agresti, L.Trisciuglio, M.E.Bianchi and G.Musco, **Glycyrrhizin binds to high mobility group box 1 protein (HMGB1) and inhibits its cytokine activities**, Chemistry and Biology, 14 (4) (2007) 431-441.

33. A.Guerini Rocco, L.Mollica, E.Gianazza, L.Calabresi, G.Franceschini, C.R.Sirtori and I.Eberini, **A model structure for the heterodimer apoA-I Milano / apoAII supports its peculiar susceptibility to proteolysis**, Biophysical Journal, 91(8) (2006) 3043-9.

34. L.Mollica, F.Fraternali and G.Musco, **Interactions of the C2 domain of human factor V with a model membrane**, Proteins 64(2) (2006), 363-75.

35. P.Ghezzi, S.Casagrande, T.Massignan, E.Bellacchio, I.Eberini, E. Gianazza, L.Mollica, M.Fratelli, M.Salmona, B.Sherry, V.Bonetto, **Redox regulation of cyclophilin A by glutathionylation**, Proteomics, 6(3) (2005) 817-825.

36. L.Malavasi, L.Mollica and M.Scavini, **Transport properties of Al doped $\text{SmBa}_2\text{Cu}_3\text{O}_{6+x}$ superconductor. Part I: oxygen non-stoichiometry and diffusion**, Sol. State. Science, 6 (2004) 1187-1194.

37. M.Salmona, M.Morbin, T.Massignan, L.Colombo, G.Mazzoleni, R. Capobianco, F.Thaler, L.Mollica, G.Musco, J.J.Kourie, O.Bugiani, D. Sharma, H.Inouye, D.A.Kirschner, G.Forloni, and F.Tagliavini, **Structural properties of Gerstmann-Sträussler-Scheinker disease amyloid protein**, Journal of Biological Chemistry, 278(48) (2003), 48146-53.

38. M.Scavini, L.Mollica, R.Bianchi, G.A.Costa, M.Ferretti, P.Mele, A. Ubaldini, P.Ghigna, L.Malavasi and P.Mustarelli, **Characterisation of Al defects in $\text{SmBa}_2\text{Cu}_3\text{-xAl}_x\text{O}_{6+x}$ superconductor**, Journal of Modern Physics B, 17(2003), 936-941.

Data

Luogo