

PROF. MARCELLA ATTIMONELLI

Professore Associato in Biologia Molecolare svolge attività didattica dal 1990 nella Facoltà di Scienze MM.FF.NN dell'Università di Bari prevalentemente incentrata sulla Bioinformatica. Svolge il ruolo di coordinatore di uno dei due gruppi di ricerca in Bioinformatica attivi nel Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare "E.Quagliariello" orientando le sue ricerche prevalentemente allo studio della variabilità del DNA Umano sia mitocondriale che nucleare e allo sviluppo di risorse genomiche integrate. Autrice di 42 pubblicazioni su riviste internazionali di cui **37 inerenti la Bioinformatica**. Co-autrice con il prof. G.Pesole, la prof. C.Saccone e il prof. E.Quagliariello del libro "**Principi di Bioinformatica**", ed. Gnocchi (1996) e con i colleghi Giorgio Valle, Manuela H.Citterich e Graziano Pesole del testo edito dalla Zanichelli intitolato "**Introduzione alla Bioinformatica**" (2003) adottato in diverse Università Italiane; di tale libro è attualmente in fase di redazione la seconda edizione. Le sue ricerche :

- In collaborazione con M.Gouy (Università di Lione, FR) ha sviluppato il sistema **ACNUC**
- In collaborazione con il laboratorio Europeo di Bioinformatica (EBI) ha sviluppato il database **KEYnet**.
- In collaborazione con i colleghi Bioinformatici di Bari ha partecipato allo sviluppo di **numerosi algoritmi** per lo studio funzionale delle Biosequenze quali **CleanUP**, **WordUP**, **IBackTranslation** e **CodonTree**.
- In collaborazione con il JRC (Ispra), il "Robert Koch-Institut, Zentrum Gentechnologie (Germany)" e la IBM Semea SUD di Bari ha coordinato negli anni 2000-2002 lo sviluppo di un pacchetto integrato per l'archiviazione, in un **registro Molecolare**, di dati relativi agli Organismi Geneticamente Modificati (**OGM**) rilasciati nell'ambito della comunità Europea.
- Dal 1990 studi sulla variabilità del DNA mitocondriale umano nel mitocondrio e nel nucleo in collaborazione con M.Tommaseo Ponzetta e prof.Marzuki di Jakarta, gruppo G.Romeo di Bologna, A.Torroni di Pavia, IBM Italia. Tali ricerche hanno prodotto studi di antropologia molecolare basati su campioni indonesiani (Am. J. Of Phys. Anthropology), la risorsa genomica HmtDB (BMC Bioinformatics), la compilation RHNumtS (BMC Genomics), il metodo per la predizione degli aplogruppi (Human Mutation). Sempre nell'ambito degli studi sul Mitocondrio collabora con la prof. Mila Tommaseo-Ponzetta a studi sulla variabilità molecolare mitocondriale di popolazioni Indonesiane Irian Jaya (Nuova Guinea), Birds Head, Molucche.
- In collaborazione con la prof Carla De Giorgi, è stato sviluppato e pubblicato , il database delle sequenze dell'RNA cistronico di nematodi fito-parassiti, PPNMEA, integrato ad un sistema per il retrieval dei dati organizzati in gruppi di sequenze omogenee e multi allineate; inoltre tale sistema consente anche la caratterizzazione funzionale o di specie di una nuova sequenza del cistrone di nematodi fito parassiti. L'algoritmo che consente la caratterizzazione di una nuova sequenza si basa sulla codifica del multi allineamento in una espressione regolare. RegExpBlasting è appunto il nome dell'algoritmo sottostante per la pubblicazione a BMC Bioinformatics.
- Ancora la prof. Attimonelli, con il supporto della dottoranda dr. Roberta Piredda, sta collaborando con il gruppo del prof. B.Schirone di Viterbo per lo studio del Barcode nelle piante forestali Italiane.
- Infine in collaborazione con colleghi del CNR di Bari, Santamaria, Tullo e Vicario e con mitocondristi umani italiani , quali Torroni, Tiranti, Franceschi, Romeo e Passarino si sta realizzando il sequenziamento di genomi mitocondriali umani sulla 454 con l'obiettivo di stimare la sensibilità e accuratezza della tecnica del pirosequenziamento nel rilievo di basse percentuali di eteroplasmia in un campione di DNA mitocondriale umano.