

# CURRICULUM VITAE

## INFORMAZIONI PERSONALI

|                                    |                                 |
|------------------------------------|---------------------------------|
| Cognome Nome                       | <b>Salladini Edoardo</b>        |
| Telefono (lavoro)                  | 011 2686 270                    |
| E-mail                             | edoardo.salladini@izsplv.it     |
| Codice ORCID                       | 0000-0002-5152-5953             |
| Codice ResearcherID                | AAV-2476-2021                   |
| Codice Scopus Author Identifier    | 57193718199                     |
| Struttura Semplice di assegnazione | S.S. Accettazione Centralizzata |
| Struttura Complessa                | Staff alla Direzione Sanitaria  |

## ESPERIENZE LAVORATIVE

|                                                                                                                         |                                                                                                                                                                                                                    |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Periodo</li><li>• Datore di lavoro</li></ul>                                    | 15/07/2026 – TUTT'ORA<br>ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE DEL PIEMONTE LIGURIA E VALLE D'AOSTA<br>VIA BOLOGNA 148 - 10154 TORINO - ITALY                                                                      |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Settore / Struttura</li><li>• Tipologia di contratto e Profilo</li></ul>        | S.S. ACCETTAZIONE<br>CONTRATTO A T.D. - COLLABORATORE PROFESSIONALE DI RICERCA SANITARIA<br>(Legge n. 205 del 27 dicembre 2017)                                                                                    |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Principali attività e responsabilità</li></ul>                                  | Addetto alle attività tecniche di gestione progettuale in sanità animale e sicurezza alimentare                                                                                                                    |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Periodo</li><li>• Datore di lavoro</li></ul>                                    | 09/2024 – 06/2026<br>MINISTERO DELL'ISTRUZIONE E DEL MERITO<br>ISTITUTO SCOLASTICO DI SECONDO GRADO - TORINO - ITALY                                                                                               |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Tipologia di contratto</li><li>• Principali attività e responsabilità</li></ul> | Docente a T.D.<br>Insegnamento di discipline scientifiche (chimica, fisica, biologia) nella scuola secondaria di secondo grado. Organizzazione e gestione delle attività didattiche e sperimentali di laboratorio. |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Periodo</li><li>• Datore di lavoro</li><li>• Settore</li></ul>                  | 02/2023 – 06/2024<br>UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI TORINO – DIPARTIMENTO DI SCIENZE E TECNOLOGIA DEL FARMACO<br>Biochimica                                                                                             |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Tipologia di contratto</li><li>• Principali attività e responsabilità</li></ul> | Assegno di Ricerca<br>Studi struttura-attività di composti a potenziale azione antitumorale.                                                                                                                       |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Periodo</li><li>• Datore di lavoro</li><li>• Settore</li></ul>                  | 06/2022 – 07/2023<br>UNIVERSITÀ DI PADOVA – DIPARTIMENTO DI SCIENZE BIOMEDICHE<br>Bioinformatica e Biochimica Strutturale                                                                                          |
| <ul style="list-style-type: none"><li>• Tipologia di contratto</li><li>• Principali attività e responsabilità</li></ul> | Assegno di Ricerca<br>Implementazione di processi e linee guida per il salvataggio e l'estrazione dei metadati da esperimenti riguardanti l'identificazione di regioni proteiche intrinsecamente disordinate.      |

- Periodo 06/2019 – 05/2021
- Datore di lavoro UNIVERSITÀ DI COPENAGHEN
- Settore Biologia Strutturale
- Tipologia di contratto Post-doctoral fellowship
- Principali attività e responsabilità Caratterizzazione biochimica, biofisica e saggi di interazione molecolare di domini hub proteici.
- Periodo 04/2019 – 05/2019
- Datore di lavoro ARCHITECTURE ET FONCTION DES MACROMOLÉCULES BIOLOGIQUES (AFMB), CNRS / UNIVERSITÀ DI AIX-MARSEILLE
- Settore Biologia Strutturale
- Tipologia di contratto Post-doctoral fellowship
- Principali attività e responsabilità Espressione e purificazione di proteine virali. Studi biofisici di transizioni di fase.

## TITOLI DI STUDIO

### TRAINING PROFESSIONALE

- Periodo 2026
- Ateneo Università degli Studi di Torino
- Titolo Abilitazione all'insegnamento – classe di concorso A050
- Periodo 2015 - 2018
- Ateneo Università di Aix-Marseille
- Tesi "Henipavirus V proteins: characterization, interaction with DDB1 and phase transitions"
- Titolo Dottorato di ricerca in Biologia
- Periodo 2012-2015
- Ateneo Università degli Studi di Bologna
- Tesi "Studi strutturali su Jaburetox, un insetticida naturale derivante dall'ureasi"
- Votazione finale: 110/110
- Titolo Laurea Magistrale in Biotecnologie Industriali
- Classificazione nazionale (codice) LM-8
- Periodo 2009 - 2012
- Ateneo Università degli Studi di Bologna
- Tesi "Identificazione di mutanti dell'apparato radicale in orzo (*Hordeum vulgare*) mediante TILLING"
- Votazione finale: 108/110
- Titolo Laurea Triennale in Biotecnologie
- Classificazione nazionale (codice) L-2

### LINGUE STRANIERE

#### INGLESE

Ascolto: C1, Lettura: C1, Interazione: C1, Produzione orale: C1, Scritto: C1

#### FRANCESE

Ascolto: A2, Lettura: A2, Interazione: A1, Produzione orale: A1, Scritto: A1

## PUBBLICAZIONI

Nugnes MV, Bouhraoua KEA, Zoubiri M, Pancsa R, Fichói E, Monzon AM, Melo AM, Salladini E, Leonardi E, Quaglia F, Nasiribavil D, Ghafouri H, Julien G, Pasche E, Ruch P, Rijen PV, Dobson L, Schiavina M, Cordero T, Kálmán ZE, Castro X, Iglesias V, Reményi I, Mehdiabadi M, Erdős G, Dosztányi Z, Tompa P, Piovesan D, Tosatto SCE, Aspromonte MC

“DisProt in 2026: enhancing intrinsically disordered proteins accessibility, deposition, and annotation”

Nucleic Acids Res., 2026, DOI: 10.1093/nar/gkaf1175

Fissore A\*, Di Napoli G\*, De Sciscio ML, Santoro V, Salladini E, Marengo M, Oliaro-Bosso S, Vanzetti G, Caratti A, Dal Piaz F, Piazza F, Manzoli M, Genova G, Barbiroli A, Iametti S, Fraternali F, Adinolfi A

“Unravelling a new enzymatic activity of non-specific lipid transfer protein Cor a 8: A novel lipase from hazelnuts”

Int J Biol Macromol, 2025, DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2025.146537

Di Napoli G\*, Fissore A\*, Salladini E, Raccuia E, Oliaro-Bosso S, Ruggiero A, Berisio R, Medina M, Velazquez Campoy A, Adinolfi S, and Marengo M

“Mycobacterium tuberculosis sulfurtransferase SseA is activated by its neighboring gene product Rv3284”

FEBS Letters, 2025, DOI: 10.1002/1873-3468.70117

Pippione AC, Vigato C, Tucciarello C, Hussain S, Salladini E, Troung HH, Henriksen NM, Vanzetti G, Giodano G, Zonari D, Mirza OA, Frydenvang K, Pignochino Y, Oliaro-Bosso S, Boschi D, and Lolli ML

“AI Based Discovery of a New AKR1C3 Inhibitor for Anticancer Application”

ACS Med. Chem. Lett., 2024, DOI: 10.1021/acsmmedchemlett.4c00150

Pippione AC, Kovachka S, Bertaini L, Vigato C, Mannella I, Sainas S, Rolando B, Denasio E, Piercy-Mycock H, Romalho L, Salladini E, Adinolfi S, Zonari D, Peraldo-Neia, Chiorino G, Passoni A, Mirza O, Frydenvang K, Pors K, Lolli ML, Spyraakis F, Oliaro-Bosso S, and Boschi D

“Structure-guided optimization of 3-hydroxybenzoisoxazole derivatives as inhibitors of Aldo-Keto Reductase 1C3 (AKR1C3) to target prostate cancer”

Eur. J. Med. Chem., 2024, DOI: 10.1016/j.ejmech.2024.116193

Ghafouri H\*, Lazar T\*, Del Conte A, Tenorio Ku LG, Aspromonte MC, Bernadó P, Cheves-Arquero B, Chemes LB, Clementel D, Cordeiro TN, Elena-Real CA, Feig M, Felli IC, Ferrari C, Forman-Kay JD, Gomes T, Goudelaud F, Gradinaru CC, Ha-Duong T, Head-Gordon T, Heidarsson PO, Janson G, Jeschke G, Leonardi E, Liu ZH, Longhi S, Lund XL, Marcias MJ, Martin-Malpartida P, Mercadante D, Mouhand A, Nagy G, Nugnes MV, Pérez-Cañadillas JM, Pesce G, Pierattelli R, Piovesan D, Quaglia F, Ricard-Blum S, Robustelli P, Sagar A, Salladini E, Sénicourt L, Sibille N, Teixeira JC, Tsangaris TE, Varadi M, Tompa P, Tosatto SCE, and Monzon AM

“PED in 2024: improving the community deposition of structural ensembles for intrinsically disordered proteins”

Nucleic Acid Res, 2024, DOI: 10.1093/nar/gkad947

Aspromonte MC\*, Nugnes MV\*, Quaglia F, Bouharoua A, Sagris V, Promponas VJ, Chasapi A, Fichói E, Balatti GE, Parisi G, Buitrón MG, Erdos G, Pajkos M, Dosztányi Z, Dobson L, Del Conte A, Clementel D, Salladini E, Leonardi E, Kordevani F, Ghafouri H, Tenorio Ku LG, Monzon AM, Ferrari C, Kálmán Z, Nilsson JF, Santos J, Pintado-Grima C, Ventura S, Ács V, Pancsa R, Kulik MG, Andrade-Navarro MA, Pereira PJB, Longhi S, Le Mercier P, Bergier J, Tompa P, Lazar T, Tosatto SCE, and Piovesan D

“DisProt in 2024: improving function annotation of intrinsically disordered proteins”

Nucleic Acid Res, 2024, DOI: 10.1093/nar/gkad928

Mészáros B, Hatos A\*, Palopoli N\*, Quaglia F\*, Salladini E\*, Roey KV, Arthanari H, Dosztányi Z, Felli IC, Fischer PD, Hoch JC, Jeffries CM, Longhi S, Maiani E, Orchard S, Pancsa R, Papaleo E, Pierattelli R, Piovesan D, Pritisanac I, Viennet T, Tompa P, Vranken W, Tosatto SCE, Davey NE

“Minimum information guidelines for experiments structurally characterizing intrinsically disordered protein regions”

Nat. Methods, 2023, DOI: 10.1038/s41592-023-01915-x

Varadi M\*, Nair S\*, Sillitoe I\*, Tauriello G\*, Anyango S, Bienert S, Borges C, Deshpande M, Green T, Hassabis D, Hatos A, Hegedus T, Hekkelman ML, Joosten R, Jumper J, Laydon A, Molodenskiy D, Piovesan D, Salladini E, Salzberg SL, Sommer MJ, Steinegger M, Suhajda E, Svergun D, Tenorio-Ku L, Tosatto S, Tunyasuvunakool K, Waterhouse AM, Židek A, Schwede T, Orengo C, Velankar S

“3D-Beacons: Decreasing the gap between protein sequences and structures through a federated network of protein structure data resources.”

GigaScience, 2022, DOI: 10.1093/gigascience/giac118

Quaglia F, Hatos A, Salladini E, Piovesan D, Tosatto SCE

“Exploring manually curated annotations of intrinsically disordered proteins with DisProt”

Curr Protoc, 2022, DOI: 10.1002/cpz1.484

Theisen FF\*, Salladini E\*, Davidsen R, Rasmussen CR, Staby L, Kragelund BB, Skriver K

“ $\alpha$ -hub coregulator structure and flexibility determine transcription factor binding and selection in regulatory interactomes”

J Biol Chem., 2022, DOI: 10.1016/j.jbc.2022.101963

Quaglia F\*, Salladini E\*, Carraro M, Minervini G, Tosatto SCE, Le Mercier P

“SARS-CoV-2 variants preferentially emerge at intrinsically disordered protein sites helping immune evasion.”

FEBS Journal, 2022, DOI: 10.1111/febs.16379

Quaglia F, Mészáros B, Salladini E, Hatos A, Pancsa R, Chemes LB, Pajkos M, Lazar T, Peña-Díaz S, Santos J, Ács V, Farahi N, Fichó E, Aspromonte MC, Bassot C, Chasapi A, Davey NE, Davidović R, Dobson L, Elofsson A, Erdős G, Gaudet P, Giglio M, Glavina J, Iserle J, Iglesias V, Kálmán Z, Lambrugh M, Leonardi E, Longhi S, Macedo Ribeiro S, Maiani E, Marchetti J, Marino-Buslje C, Mészáros A, Monzon AM, Minervini G, Nadendla S, Nilsson JF, Novotný M, Ouzounis CA, Palopoli N, Papaleo E, Pereira PJB, Pozzati G, Promponas VJ, Pujols J, Sanchez Rocha AC, Salas M, Rodriguez Sawicki L, Schad E, Shenoy A, Szaniszló T, Tsigos KD, Veljkovic N, Parisi G, Ventura G, Dosztányi Z, Tompa P, Tosatto SCE, Piovesan D

“DisProt in 2022: improved quality and accessibility of protein intrinsic disorder annotation”

Nucleic Acid Res, 2022, DOI: 10.1093/nar/gkab1082

Salladini E, Gondelaud F, Nilsson JF, Pesce G, Bignon C, Murrall MG, Fabre R, Pierattelli R, Kajava AV, Horvat B, Gerlier D, Mathieu C and Longhi S

“Identification of a Region in the Common Amino-Terminal Domain of Hendra Virus P, V, and W Proteins Responsible for Phase Transition and Amyloid Formation”

Biomolecules, 2021, DOI: 10.3390/biom11091324

Staby L, Katrine B, Falbe-Hansen RG, Salladini E, Skriver K, and Kragelund BB

“Connecting the  $\alpha$ -hubs: same fold, disordered ligands, new functions”

Cell Commun Signal, 2021, DOI: 10.1186/s12964-020-00686-8

Lazar T, Martínez-Pérez E, Quaglia F, Hatos A, Chemes L, Iserle J, Mendez N, Garrone N, Saldano T, Marchetti J, Rueda A, Bernado P, Blackledge M, Cordeiro T, Fagerberg E, Forman-Kay J, Silvina, M, Gibson T, Gomes G, Gradinaru C, Head-Gordon T, Jensen M, Lemke E, Longhi S, Marino-Buslje C, Minervini G, Mittag T, Monzon A, Pappu R, Parisi G, Ricard-Blum S, Ruff K, Salladini E, Skepo M, Svergun D, Vallet S, Varadi M, Tompa P, Tosatto S, Piovesan D

“PED in 2021: a major update of the Protein Ensemble Database for intrinsically disordered proteins”

Nucleic Acid Research, 2021, DOI: [org/10.1093/nar/gkaa1021](https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1021)

Katrine B, Staby L, Salladini E, Falbe-Hansen RG, Kragelund BB, and Skriver K

“ $\alpha$ -hub domains and intrinsically disordered proteins – a decisive combo”

J Biol Chem, 2021, DOI: [10.1074/jbc.REV120.012928](https://doi.org/10.1074/jbc.REV120.012928)

Salladini E\*, Jørgensen MLM\*, Theisen FF, Skriver K.

“Intrinsic Disorder in Plant Transcription Factor Systems: Functional Implications”

Int J Mol, 2020, DOI: [10.3390/ijms21249755](https://doi.org/10.3390/ijms21249755)

Kodera N\*, Noshiro D\*, Dora SK\*, Mori T, Habchi J, Bloquel D, Gruet A, Dosnon M, Salladini E, Bignon C, Fujioka Y, Oda T, Noda N, Sato M, Lotti M, Mizuguchi M, Longhi S and Ando T

“Structural and dynamics analysis of intrinsically disordered proteins by high-speed atomic force microscopy”

Nat Nanotechnol, 2020, DOI: [10.1038/s41565-020-00798-9](https://doi.org/10.1038/s41565-020-00798-9)

Schiavina M.\*, Salladini E\*, Murrall MG\*, Tria G., Felli I, Pierattelli R, and Longhi S

“Ensemble description of the intrinsically disordered N-terminal domain of the Nipah virus P/V protein from combined NMR and SAXS.”

Sci Rep, 2020, DOI: [10.1038/s41598-020-76522-3](https://doi.org/10.1038/s41598-020-76522-3)

Tedeschi G, Salladini E, Santambrogio C, Grandori R, Longhi S, Brocca S

“Conformational response to charge clustering in synthetic intrinsically disordered proteins”

Biochim Biophys Acta Gen Subj, 2018, DOI: [10.1016/j.bbagen.2018.07.011](https://doi.org/10.1016/j.bbagen.2018.07.011)

Hamdi K, Salladini E, O’Brien DP, Brier S, Chenal A, Yacoubi I, Longhi S

“Structural disorder and induced folding within two cereal, ABA stress and ripening (ASR) proteins”

Sci Rep, 2017, DOI: [10.1038/s41598-017-15299-4](https://doi.org/10.1038/s41598-017-15299-4)

Salladini E, Delauzun V, Longhi S

“The Henipavirus V protein is a prevalently unfolded protein with a zinc-finger domain involved in binding to DDB1”

Mol BioSyst, 2017, DOI: [10.1039/C7MB00488E](https://doi.org/10.1039/C7MB00488E)

Broll V, Martinelli AHS, Lopes FC, Fruttero LL, Zambelli B, Salladini E, Dobrovolska O, Ciurli S, Carlini CR

“Structural analysis of the interaction between Jaburetox, an intrinsically disordered protein, and membrane models”

Colloids Surf B Biointerfaces, 2017, DOI: [10.1016/j.colsurfb.2017.08.053](https://doi.org/10.1016/j.colsurfb.2017.08.053)

Piovesan D\*, Tabaro F\*, Mičetić I, Necci M, Quaglia F, Oldfield CJ, Aspromonte MC, Davey NE, Davidović R, Dosztányi Z, Elofsson A, Gasparini A, Hatos A, Kajava AV, Kalmar L, Leonardi E, Lazar T, Macedo-Ribeiro S, Macossay-Castillo M, Meszaros A, Minervini G, Murvai N, Pujols J, Roche DB, Salladini E, Schad E, Schramm A, Szabo B, Tantos A, Tonello F, Tsirigos KD, Veljković N, Ventura S, Vranken W, Warholm P,

Uversky VN, Dunker AK, Longhi S, Tompa P, Tosatto SC  
“DisProt 7.0: a major update of the database of disordered proteins”  
Nucleic Acids Res, 2016, DOI: 10.1093/nar/gkw1056

## **ULTERIORI INFORMAZIONI**

Incarichi scientifici:

- HUPO Proteomics Standards Initiative (PSI): Leadership Member con il ruolo di Minimal Reporting Requirements Coordinator (2021).
- Componente del gruppo di Assicurazione Qualità del Dipartimento di Farmacia e Biotecnologia - FaBiT (Università di Bologna, 2013-2015).

Finanziamenti e Borse di studio:

- MOSBRI Trans National Access Grant (2023).
- Instruct Integrating Biology Fellowship (2017).
- "Direction Générale de l'Armement - Ministère des Armées" (2015) – PhD scholarship.

Attività di Revisione Scientifica:

- Referee per *International Journal of Molecular Sciences*, *Life*.

Attività di Supervisione e Tutor Didattico:

- Correlatore e Tutor di tesi di Laurea Magistrale presso l'Università degli Studi di Torino (a.a. 2022-2023), Università degli Studi di Padova (a.a. 2021-2022) e Università di Copenhagen (a.a. 2019-2020).

**Data 22/07/2026**

*autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel CV  
ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 “Codice in materia di protezione dei dati personali”  
e dell’art. 13 del GDPR (Regolamento UE 2016/679)*