



## Informazioni Personali

*Nome Cognome* **Emanuela Giombini**

*Indirizzo di lavoro* Via Portuense, 292 - 00149 - Roma (RM) Italia  
*Telefono del luogo di lavoro* +39-06/55170668

*E-mail*

*Nazionalità* Italiana

*Indirizzo di resididenza*

*Città di residenza, cap, stato*

*Luogo e data di nascita*

*Sesso* F

*Patente* B

**Campo di occupazione** Ricercatrice

**Competenze**

**Competenze linguistiche**

*Lingua madre* Italiano

*Altre lingue* Inglese

*Livello* B1

## Esperienze Lavorative

<i>Data</i>	<b>Dal 1-02-2018 ad oggi</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Collaborazione coordinata e continuativa, a tempo pieno
<i>Principale attività</i>	Attività di ricerca nell'ambito del progetto Filas-RU-2014-1154
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via Portuense, 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Studio di patogeni con l'ideazione, sviluppo e applicazione di pipeline per l'analisi bioinformatica di sequenze nucleotidiche ed amminoacidiche.
<i>Data</i>	<b>Dal 1-08-2017 al 31-01-2018</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Collaborazione coordinata e continuativa, a tempo pieno
<i>Principale attività</i>	“Analisi della quasispecie virale di HBV in relazione alla compartimentalizzazione e ai siti di integrazione nel tessuto tumorale”
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via Portuense, 292 – Roma

<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Studio di patogeni presenti in campioni clinici e la loro caratterizzazione. In particolare: identificazione e caratterizzazione molecolare di virus ed altri patogeni collegati, anche mediante sequenziamento massivo (NGS), con l'applicazione di tecniche bioinformatiche all'avanguardia. Ideazione, sviluppo e applicazione di pipeline per l'analisi bioinformatica di sequenze virali.
<i>Data</i>	<b>Dal 16-07-2016 al 31-7-2017</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Collaborazione coordinata e continuativa, a tempo pieno
<i>Principale attività</i>	“Caratterizzazione molecolare di quasispecie virali in soggetti con infezioni acute e croniche da virus epatitici, coinfezioni e fattori predittivi della risposta alla terapia antivirale”
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via <i>Portuense</i> , 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Servizi di elaborazione dati complessi. Gestione ed analisi di sequenze fornite da sistemi convenzionali e di next generation sequencing (NGS). Sviluppo di programmi per la manipolazione di sequenze virali prodotte in NGS, comprendenti algoritmi di correzione, di clustering, di traduzione di frame di lettura multipli, identificazione di mutazioni tramite comparazione con consensus. Utilizzo di strumenti di analisi supervisionati e non-supervisionati (Statistica, data mining) per descrivere l'evoluzione virale in vari contesti clinico-biologici.

<i>Data</i>	<b>Dal 01-12-2015 al 15-07-2016</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Collaborazione coordinata e continuativa, a tempo pieno
<i>Principale attività</i>	“Diagnosi rapida per le emergenze influenzali: una filiera industriale dal sequenziamento genomico dei virus al microarray diagnostico (DIREI).”
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via <i>Portuense</i> , 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Elaborazione ed analisi dei dati forniti da next generation sequencing (NGS). Manipolazione di sequenze virali, per mezzo di algoritmi complessi disponibili in rete e sviluppati in house. Applicazione di programmi statistici e computer da alta complessità per l'identificazione e la descrizione di mutazioni virali in vari contesti clinico-biologici.

<i>Data</i>	<b>Dal 01-07-2012 al 30-11-2015</b>
-------------	-------------------------------------

<i>Tipologia di contratto</i>	Contratto collaborazione Post-Doc
<i>Principale attività</i>	“Preparedness, Prediction and Prevention of emerging Zoonotic Viruses with Pandemic Potential using Multidisciplinary Approches (PREDEMICS)”.
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via <i>Portuense</i> , 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Creazione di programmi per la manipolazione di sequenze virali prodotte in NGS, comprendenti algoritmi di correzione, di clustering, di traduzione di frame di lettura multipli, identificazione di mutazioni tramite comparazione con consensus. Utilizzo di strumenti di analisi supervisionati e non-supervisionati (Statistica, data maining) per descrivere l'evoluzione virale in vari contesti clinico-biologici. Gestione, elaborazione ed analisi dei dati forniti da sistemi convenzionali e di next generation sequencing (NGS), connessione con il sistema centralizzato del progetto, in relazione alla collezione di dati di sequenze.

<b><i>Data</i></b>	<b>Dal 01-04-2011 al 31-06-2012</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Contratto di collaborazione Post-Doc
<i>Principale attività</i>	“Dinamica delle quasispecie virali: sequenziamento quantitativo profondo per rilevare la provenienza delle popolazioni virali in genomi di archiviazione e in genomi in replicazione”.
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via <i>Portuense</i> , 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Analisi, gestione ed elaborazione dei dati forniti dal sequenziatore genomico GSFLX. Sviluppo di programmi per la manipolazione di sequenze virali in alta numerosità comprendenti algoritmi di correzione e di aggregazione. Utilizzo di strumenti di analisi complessi per la descrizione e la visualizzazione dell'evoluzione virale in vari contesti.

<b><i>Data</i></b>	<b>Dal 01-01-2011 al 31-03-2011</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Contratto a prestazione
<i>Principale attività</i>	“Analisi dei dati del gsflx su genomi virali, usando software di analisi e strumenti filogenetici.”
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Dipartimento di Virologia, Istituto Nazionale di Malattie Infettive "L. Spallanzani", Via <i>Portuense</i> , 292 – Roma
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Maria Rosaria Capobianchi
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo/Bioinformatico

<i>Mansione</i>	Gestione ed analisi di sequenze fornite dal sequenziatore genomico GSFLX. Sviluppo di programmi per la manipolazione di sequenze virali in alta numerosità comprendenti algoritmi di correzione e di aggregazione. Utilizzo di strumenti di analisi supervisionati e non-supervisionati (Statistica, data mining) per descrivere l'evoluzione virale in vari contesti clinico-biologici.
-----------------	--

<i>Data</i>	<b>Dal 01-01-2010 al 31-12-2010</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Borsa post-Doc
<i>Principale attività</i>	Analisi della struttura delle proteine e la loro interazione
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	“Sapienza” Università di Roma, Dipartimento di scienze Biochimiche, “A. Rossi Fanelli”, Biocomputing Group, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma, Italia
<i>Leader del gruppo</i>	Prof.ssa Anna Tramotano
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Ricostruzione in silico della struttura tridimensionale delle proteine di interazione. Studio dei peptidi possibili per sviluppo di vaccini. Predizione in silico dell'interazione tra peptidi e target per mezzo di tecniche di docking molecolare.

<i>Data</i>	<b>Dal 01-11-2006 al 31-10-2009</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Borsa di studio sovvenzionata dalla fondazione Cenci Bolognetti nell'ambito del dottorato in “Scienze Pasteuriane”
<i>Principale attività</i>	Analisi Bioinformatica delle proteine coinvolte nell'interazione ospite patogeno, in Batteri e Plasmodio falciparum.
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	“Sapienza” Università di Roma, Dipartimento di scienze Biochimiche, “A. Rossi Fanelli”, Biocomputing Group, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma, Italia
<i>Leader del gruppo</i>	Prof.ssa Anna Tramontano.
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Bioinformatico
<i>Mansione</i>	Sviluppo di uno strumento Bioinformatico (SLEP) per l'identificazione di proteine di superficie coinvolte nell'interazione tra ospite e patogeno, dalla sequenza genomica o proteica dell'organismo patogeno.

<i>Data</i>	<b>Dal 01-03-2006 al 31-10-2006</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Borsa di studio
<i>Principale attività</i>	Analisi bioinformatica di interazione di proteine.
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	“Sapienza” Università di Roma, Dipartimento di scienze Biochimiche, “A. Rossi Fanelli”, Biocomputing Group, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma, Italia
<i>Leader del gruppo</i>	Prof.ssa Anna Tramontano.
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Bioinformatico

<i>Mansione</i>	Identificazione delle proteine di interazione ospite-patogeno. Ricostruzione in silico della struttura tridimensionale delle proteine per mezzo dei più avanzati programmi di modeling disponibili al momento. Identificazione dei programmi di predizione della funzione e della posizione delle proteine in batteri gram positivi e gram negativi.
-----------------	--

<i>Data</i>	<b>Dal 01/01/2004 a 01/09/2005</b>
<i>Tipologia di contratto</i>	Borsa di studio
<i>Principale attività</i>	Analisi dell'espressione delle isoforme di p73 in Leucemie Mieloidi Acute.
<i>Nome e indirizzo del luogo di lavoro</i>	Istituto per i tumori "Regina Elena" (IRE), CRS – Laboratorio di oncogenesi molecolare, Roma Via delle Messi D'Oro 156, 00158, Italia
<i>Leader del gruppo</i>	Dott.ssa Ada Sacchi.
<i>Tipo di settore</i>	Ricerca
<i>Qualifica</i>	Biologo
<i>Mansione</i>	Rilevazione molecolare della presenza di mutazioni del gene p73 in pazienti con leucemia mieloide acuta. Sviluppo di metodi e protocolli per l'identificazioni delle varianti di p73. Costruzione di plasmidi. Estrazione purificazione e processamento di DNA da cellule di sangue periferico, PCR, Elettroforesi su gel di agarosio. Utilizzo di colture cellulari in fase solida e liquida e tecniche di indagine biomolecolari per lo studio delle varianti del gene p73. Ricerche bibliografiche. Formazione di tesisti.

<b>Titoli accademici</b>	
<i>Data</i>	<b>06-07-2016</b>
<i>Tipo di occupazione</i>	<b>Specializzazione</b> in "Microbiologia e Virologia"
<i>Titolo della tesi</i>	"Analisi next generation sequencing delle varianti HCV associate a resistenze ai DAA."
<i>Nome ed indirizzo dell'Università</i>	Università Campus Bio-Medico di Roma, Via Álvaro del Portillo, 21, Roma.
<i>Luogo di svolgimento della tesi</i>	Laboratorio di Virologia dell'Istituto Nazionale Malattie infettive "L. Spallanzani" - Via Portuense, 292 - 00149 - Roma, Italia
<i>Votazione</i>	50/50 e laude

<i>Data</i>	<b>12-03-2010</b>
<i>Tipo di occupazione</i>	<b>Dottorato</b> in "Scienze Pasteuriane" con borsa sovvenzionata dalla fondazione Cenci Bolognetti
<i>Titolo della tesi</i>	"Computational analysis of proteins involved in the host-pathogen interaction."
<i>Nome ed indirizzo dell'Università</i>	"Sapienza" Università di Roma, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma.
<i>Luogo di svolgimento della tesi</i>	Biocomputing Group, Dipartimento di scienze Biochimiche, "A. Rossi Fanelli", "Sapienza" Università di Roma, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma, Italia

<i>Votazione</i>	Esito positivo
<i>Data</i>	<b>18/11/2005</b>
<i>Titolo del corso</i>	<b>Master</b> di secondo Livello in “Bioinformantica: Applicazioni Biomediche e Farmaceutiche”
<i>Titolo della tesina</i>	“A computational analysis of protein interfaces in multimeric proteins of Mesophil organisms.”
<i>Nome ed indirizzo dell’Università</i>	“Sapienza” università di Roma. Piazzale Aldo Moro 5, 00185 Roma, Italia
<i>Luogo di svolgimento della tesi</i>	Dipartimento di scienze Biochimiche, “A. Rossi Fanelli”, “Sapienza” Università di Roma, P.le Aldo Moro 5, 00185 Roma,
<i>Votazione</i>	110/110 e lode

<i>Data</i>	<b>18/12/2003</b>
<i>Titolo del corso</i>	<b>Laurea</b> in Scienze Biologiche
<i>Titolo della tesi</i>	"Analisi del profilo di espressione delle isoforme al COOH-terminale e all'NH <sub>2</sub> -terminale della proteina p73 in Leucemia Mieloide Acuta"
<i>Nome ed indirizzo dell’Università</i>	Università “Roma Tre”. Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e naturali, Viale Marconi, 446 - 00146 Roma
<i>Luogo di svolgimento della tesi</i>	Laboratorio Oncogenesi Molecolare, Istituto Regina Elena per lo studio e la cura dei tumori, C.R.S. Via delle Messi d'Oro 156, 00158 Roma
<i>Votazione</i>	105/110

## Publicazioni

Totale pubblicazioni: 29  
 Di cui indicizzate: 25  
 Per un totale di: 284 citazioni

[H index 9 (Scopus), Impact Factor totale= 118,99].

### Publicazioni come 1°, 2° o ultimo autore

8) “Enterovirus D68-Associated Acute Flaccid Myelitis in Immunocompromised Woman, Italy.” **Giombini E.**, Rueca M., Barberi W., Iori A.P., Castilletti C., Scognamiglio P., Vairo F., Ippolito G., Capobianchi M.R. and Valli M.B. Emerg Infect Dis. 2017, 23(10):1690-1693 (IF:8.22)

7) “Characterization of naturally occurring NS5A and NS5B polymorphisms in patients infected with HCV genotype 3a treated with direct-acting antiviral agents”. Bartolini B., **Giombini E.**, Taibi C., Lionetti R., Montalbano M., Visco-Comandini U, D’Offizi G, Capobianchi M.R., McPhee F. and Garbuglia A.R. Viruses . 2017, 9: 212. (IF:3.46)

- 6) "Ultra-Deep Sequencing Characterization of HCV Samples with Equivocal Typing Results Determined with a Commercial Assay". Minosse, C., **Giombini E.**, Bartolini B., Capobianchi, M. R., Garbuglia, A. R. *Int. J. Mol. Sci.* 2016, 17. E1679. (IF: 3.26)
- 5) "Near full length hepatitis C virus genome reconstruction by next generation sequencing based on genotype-independent amplification". Bartolini B, **Giombini E.**, Abbate I, Selleri M, Rozera G, Biagini T, Visco-Comandini U, Taibi C, Capobianchi MR. *Dig Liver Dis.* 2015; 47(7):608-12. (IF: 2.96)
- 4) "Detection of HIV-1 matrix protein p17 quasispecies variants in plasma of chronic HIV-1-infected patients by ultra-deep pyrosequencing". **Giombini E.**, Dolcetti R, Selleri M, Rozera G, Abbate I, Bartolini B, Martorelli D, Caccuri F, Faè DA, Capobianchi MR, C3aruso A, Fiorentini S, Giagulli C. *J. Acquir. Immune. Defic. Syndr.* 2014; 66(3):332-9.(IF: 4.55)
- 3) "Slow response to entecavir treatment in treatment-naive HBV patients is conditioned by immune response rather than by the presence or selection of refractory variants". Solmone M, **Giombini E.**, Vincenti D, Rozera G, Testa A, Moscetti A, Catalano M, Abbate I, Capobianchi MR, Menzo S. *Antivir Ther.* 2014; 19(2):201-9. (IF: 3.02)
- 2) "Extent of HCV NS3 protease variability and resistance-associated mutations assessed by next generation sequencing in HCV monoinfected and HIV/HCV coinfecting patients." Bartolini B, **Giombini E.**, Zaccaro P, Selleri M, Rozera G, Abbate I, Comandini UV, Ippolito G, Solmone M, Capobianchi MR. *Virus Res.* 2013; 177(2):205-8. (IF:2.83)
- 1) "Next-generation sequencing technology in clinical virology." Capobianchi MR, **Giombini E.**, Rozera G. *Clin Microbiol Infect.* 2013; 19(1):15-22. (IF: 5.20)

### **Altre pubblicazioni**

- 17) "A fatal outbreak in a Tonkean macaque caused by possibly novel orthopoxvirus, Italy, January 2015". Cardeti G, Gruber CEM, Eleni C, Carletti F, Castilletti C, Manna G, Rosone F, **Giombini E.**, Selleri M, Lapa D, Puro V, Di Caro A, Lorenzetti R, Scicluna MT, Grifoni G, Rizzoli A, Tagliapietra V, De Marco L, Capobianchi MR and Autorino GL. *Emerg Infect Dis.* 2017, *Emerg Infect Dis.* 2017; 23(12):1941-1949. (IF:8.22)
- 16) "In deep analysis of compartmentalization of HIV-1 matrix protein P17 quasispecies in PBMC and plasma". Selleri M, Dolcetti R, Caccuri F, Giombini E, Rozera G, Abbate I, Mammone A, Zanussi S, Martorelli D, Fiorentini S, Caruso A and Capobianchi MR. *New Microbiologica, New Microbiol.* 2017; Jan 9;40(1). (IF:1.629)
- 15) "In-depth analysis of HA and NS1 genes in A(H1N1)pdm09 infected patients". Caglioti C., Selleri M., Rozera G., **Giombini E.**, Zaccaro P., Valli M.B. and Capobianchi M.R.. *PLoS One.* 2016;11(5):e0155661. doi: 10.1371/journal.pone.0155661. (IF: 3.23)
- 14) "Follow-Up of the Multicenter Collaborative Study on HIV-1 Drug Resistance and Tropism Testing Using 454 Ultra Deep Pyrosequencing". St. John EP, Simen BB, Turenchalk GS, Braverman MS, Abbate I, Aerssens J, Bouchez O, Gabriel C, Izopet J,

Meixenberger K, Di Giallonardo F, Schlapbach R, Paredes R, Sakwa J, Schmitz-Agheguian GG, Thielen A, Victor M, Metzner KJ, Däumer MP, Danzer M, Stabentheiner S, Pröll J, Hofer K, Aerssens J, Mostmans W, Thys K, Van Marck H, Izopet J, Dubois M, Nicot F, Milan D, Thiele B, Kuecherer C, Nitsche A, Radonic A, Dabrowski PW, Lengauer T, Capobianchi MR, Bruselles A, **Giombini E**, Rozera G, Bartolini B, Codoñer FM, Pou C, Günthard HF, Yang W-L, Aquino C, Bruggmann R, Künzli-Gontarczyk M, Stephens D, Makgamathe M, Khan G, Gordon M, Moreno E A *PLoS One* 11, e0146687 (2016). (IF: 3.23)

13) "Role of HIV-1 matrix protein p17 variants in Lymphoma Pathogenesis". Dolcetti R, Cinzia Giagulli, He W, Selleri M, Caccuri F, Eyzaguirre LM, Mazzuca P, Corbellini S, Campilongo F, Marsico S, **Giombini E**, Muraro E, Rozera G, De Paoli P, Carbone A, Capobianchi MR, Ippolito G, Fiorentini S, Blattner W, Lu W, Gallo RC and Caruso A. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2015; 112(46):14331-6. (IF: 9.42)

12) "HCV NS3 quasispecies in liver and plasma and dynamics of telaprevir-resistant variants in breakthrough patients assessed by UDPS: A case study." Bartolini B, Selleri M, Garbuglia AR, **Giombini E**, Taibi C, Lionetti R, D'Offizi G, Capobianchi MR. *J Clin Virol*. 2015; 72:60-65. (IF: 3.02)

11) "Dynamics of HCV genotype 4 resistance-associated variants during virologic escape with pIFN/RBV+daclatasvir: a case study using ultra deep pyrosequencing." Bartolini B, Lionetti R, **Giombini E**, Sias C, Taibi C, Montalbano M, Gianpiero D, McPhee F, Hughes EA, Zhou N, Ippolito G, Garbuglia AR, Capobianchi MR. *J Clin Virol*. 2015; 66:38-43. (IF: 3.02)

10) "Evolution of HIV-1 tropism at quasispecies level after 5 years of combination antiretroviral therapy in patients always suppressed or experiencing episodes of virological failure." Rozera G, Abbate I, **Giombini E**, Castagna A, De Luca A, Ceccherini-Silberstein F, Cozzi Lepri A, Cassola G, Torti C, d'Arminio Monforte A, Ippolito G, Capobianchi MR; ICONA Foundation Group. *J Antimicrob Chemother*. 2014; 69(11):3085-94. (IF: 5.31)

9) "Quasispecies tropism and compartmentalization in gut and peripheral blood during early and chronic phases of HIV-1 infection: possible correlation with immune activation markers". Rozera G, Abbate I, Vlassi C, **Giombini E**, Lionetti R, Selleri M, Zaccaro P, Bartolini B, Corpolongo A, D'Offizi G, Baiocchini A, Del Nonno F, Ippolito G, Capobianchi MR. *Clin Microbiol Infect*. 2014; 20(3):O157-66.(IF: 5.77)

8) "Detection of haemagglutinin D222 polymorphisms in influenza A(H1N1)pdm09-infected patients by ultra-deep pyrosequencing." Selleri M, Piralla A, Rozera G, **Giombini E**, Bartolini B, Abbate I, Campanini G, Rovida F, Dossena L, Capobianchi MR, Baldanti F. *Clin Microbiol Infect*. 2013; 19(7):668-73. (IF:5.20)

7) "Structural dynamics of V3 loop with different electrostatics: implications on co-receptor recognition: a molecular dynamics study of HIV gp120." Chandramouli B, Chillemi G, **Giombini E**, Capobianchi MR, Rozera G, Desideri A. *J Biomol Struct Dyn*. 2013; 31(4):403-13. (IF: 2.98)

6) "Ultra-deep sequencing reveals hidden HIV-1 minority lineages and shifts of viral population between the main cellular reservoirs of the infection after therapy interruption." Rozera G, Abbate I, Ciccozzi M, Lo Presti A, Bruselles A, Vlassi C, D'Offizi G, Narciso P, **Giombini E**, Bartolini B, Ippolito G, Capobianchi MR. *J Med Virol*. 2012; 84(6):839-44. (IF: 2.37)

5) "Deep sequencing of plasma and proviral HIV-1 to establish coreceptor usage: what is the clinical impact of the quasispecies distribution?" Abbate I, Rozera G, **Giombini E**



**E, D'Offizi G, Nicastrì E, Narciso P, Ippolito G, Capobianchi MR.** J Infect Dis. 2011; 204:971-3. (IF: 6.41)

4) "Effects of Natural Selection and Gene Conversion on the Evolution of Human Glycophorins Coding for MNS Blood Polymorphisms in Malaria-Endemic African Populations". Ko WY., Kaercher KA, **Giombini E**, Marcatili P, Froment A, Ibrahim M, Lema G., Nyambo TB., Omar SA, Wambebe C, Ranciaro A., Hirbo JB, and Tishkoff SA. Am. J. Hum. Genet. 2011; 88(6):741-54. (IF: 10.60)

3) "Detection of quasispecies variants predicted to use CXCR4 by ultra-deep pyrosequencing during early HIV infection". Abbate I, Vlassi C, Rozera G, Bruselles A, Bartolini B, **Giombini E**, Corpolongo A, D'offizi G, Narciso P, Desideri A, Ippolito G, Capobianchi MR. AIDS 2011; 25:611-7. (IF: 6.24)

2) "An automatic method for identifying surface proteins in Bacteria: SLEP". **Giombini E**, Orsini M, Carrabino D and Tramontano A. BMC Bioinformatics. 2010; 11(1):39. (IF: 3.03)

1) "Analysis of p73 expression pattern in acute myeloid leukemias: lack of Delta N-p73 expression is a frequent feature of acute promyelocytic leukemia". Rizzo MG, **Giombini E**, Diverio D, Vignetti M, Testa U, Sacchi A, Lo Coco F and Blandino G. Leukemia, 2004, 18:1804-9. (IF: 5.81)

#### **Publicazioni non indicizzate**

4) "Comparison of two NGS platforms for metagenomic analysis of clinical samples". Biagini T, Bartolini B, **Giombini E**, Ferrè F, Selleri M, Rozera G, Capobianchi MR, Chillemi G and Desideri A. J Biochem Tech, 2016, 7: 1093-1101.

3) "Performances of Bioinformatics Pipelines for the Identification of Pathogens in Clinical Samples with the De Novo Assembly Approaches: Focus on 2009 Pandemic Influenza A (H1N1)". Biagini T, Bartolini B, **Giombini E**, Capobianchi MR, Ferrè F, Chillemi G, and Desideri A. The Open Bioinformatics Journal. 2014; 8:1-5.

2) "Metagenomic approach for discovering new pathogens in infection disease outbreaks." **Giombini E**, Bartolini B, Rozera G, Selleri M, Zaccaro P, Capobianchi MR and Abbate I. Microbiologia Medica. 2011; 26:153-155.

1) "The complexity of p73 isoforms in human neoplasia" **Giombini E.**, Blandino G, Sacchi A, Lo-Coco F and Rizzo MG Gene Ther Mol Biol 2005; 9:377-392. Review

#### **Publicazioni di partecipazione a congressi su riviste nazionali ed internazionali**

7) Minosse C, Baiocchini A, Selleri M, **Giombini E**, Coen S, Zaccaro P, Rozera G, Vincenti D, Del Nonno F, Visco Comandini U, Lionetti R, Montalbano M, D'Offizi G, Vivarelli M, Capobianchi MR, Menzo S. "Hbv genetic compartmentalization, variability and molecular correlates of histologic and immunohistochemical aspects in liver tissue: implications for the clinical management of patients with chronic hepatitis B", Digestive and Liver Disease 2015, 47 (Suppl 1): e62-63;

6) Bartolini B, **Giombini E**, Zaccaro P, Selleri M, Rozera G, Abbate I, Visco-Comandini U, Testa A, Solmone M, Capobianchi MR. "Extent of HCV NS3 protease variability and resistance-associated mutations in DAA-naïve patients with/without HIV coinfection assessed by next generation sequencing" New Microbiologica 2013, 36 (Suppl.1):114-115;

5) Rozera G, Abbate I, **Giombini E**, Vlassi C, D'Offizi G, Corpolongo A, Lionetti R, Selleri M, Bartolini B, Baiocchini A, Del Nonno F, Capobianchi MR. Quasispecies tropism and compartmentalization in gut and peripheral blood during early and chronic phases of HIV infection: possible correlation with immune activation markers. *New Microbiologica*. vol. 36 (suppl. 1): 48-9, 2013;

4) Rozera G, Abbate I, **Giombini E**, Vlassi C, D'Offizi G, Corpolongo A, Lionetti R, Selleri M, Bartolini B, Baiocchini A, Del Nonno F, Capobianchi MR. "Quasispecies tropism and compartmentalization in gut and peripheral blood during early and chronic phases of HIV infection: possible correlation with immune activation markers" *New Microbiologica* 2013, 36 (Suppl.1):49-50;

3) Bartolini B, **Giombini E**, Abbate I, Visco-Comandini U, D'Offizi G, Rozera G, Selleri M, Ippolito G, Capobianchi MR. "HCV full-length genome reconstruction with sequence independent amplification combined with next generation sequencing" *Retrovirology* 2012, 9 (S1): O6;

2) Rozera G, Abbate I, Vlassi C, Bruselles A, Bartolini B, **Giombini E**, Corpolongo A, D'Offizi G, Narciso P, Capobianchi MR. "Dynamics and compartmentalization of CXCR4-using HIV variants during the early phases of HIV infection, established by ultra-sensitive next generation sequencing" *Infection* 2011, Vol.39 (suppl.1):37;

1) Abbate I, Rozera G, Vlassi C, Bartolini B, Bruselles A, **Giombini E**, D'Offizi G, Narciso P, Capobianchi MR "Virological characterization of HIV-1 acute infection by ultra-sensitive next generation sequencing" *JAIDS* 2011, Vol.56:90;

**Partecipazione a corsi di formazione ed aggiornamento:** Totale 33 corsi per un totale di 214,6 crediti ECM

**Poster e presentazioni orali a convegni, meeting e congressi :** Totale di 37

**Partecipazione a convegni, meeting e congressi senza Poster o presentazioni:** Totale 4

#### **Docenza, esercitazione pratica e organizzazione eventi**

-**Roma**, Novembre 2017, Supplenza cattedra Matematica e Scienze Cl Di Conc. A028 presso l'Istituto Comprensivo Statale "Fratelli Cervi" di Roma nella sede di Via Portuense 1491. Roma, Italia. 14-24 Novembre 2017. 31 ore di lezione frontale

-**Roma**, Ottobre 2014, membro del comitato organizzativo "PREDEMICS Annual General Assembly Meeting", INMI 'L. Spallanzani' IRCCS.Via Portuense 292 - 00149 - Roma (RM) Italia. 6-7 Ottobre 2014.

-**Roma**, Settembre 2014, Docente "19th International Bioinformatics Workshop on Virus Evolution and Molecular Epidemiology" INMI "L. Spallanzani" IRCCS.Via Portuense 292 - 00149 - Roma (RM) Italia. September 7-12, 2014. 1.30 ora di lezione.

-**Roma**, Febbraio 2014, membro del comitato organizzativo "PREDEMICS WP3 workshop", INMI 'L. Spallanzani' IRCCS.Via Portuense 292 - 00149 - Roma (RM) Italia. 6-7 Febbraio 2014.

-**Roma**, Dicembre 2010: Docente “Sequenziamento genico ed applicazioni bioinformatiche per lo studio dell’evoluzione molecolare e della filogenesi dei microrganismi” – INMI “L.Spallanzani” IRCCS . Via Portuense 292 - 00149 - Roma (RM) Italia. ROMA 13-16/12/2010. 1 ora di lezione

-**Roma**, Dicembre 2009: Membro del comitato di organizzazione della simposio della scuola di dottorato del BeMM. ‘Sapienza’ P.le Aldo Moro 5. 10-12-2009

-**Cagliari**, Dicembre 2008: Membro del comitato organizzativo dell’ottava edizione della conferenza " Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction " (CASP8), 3-7-12-2008

-**Cagliari**, Settembre 2008: Membro del comitato organizzativo del congresso “European Conference on Computational Biology 2008” ECCB08. 22 al 26-09- 2008

### Sequenze sottomesse in banca dati associate a lavori pubblicati:

- [KY100107- KY100116](#) descritte nel lavoro pubblicato di Cardeti G et al. (“A fatal outbreak in a Tonkean macaque caused by possibly novel orthopoxvirus, Italy, January 2015”. Cardeti G, Gruber CEM, Eleni C, Carletti F, Castilletti C, Manna G, Rosone F, **Giombini E**, Selleri M, Lapa D, Puro V, Di Caro A, Lorenzetti R, Scicluna MT, Grifoni G, Rizzoli A, Tagliapietra V, De Marco L, Capobianchi MR and Autorino GL. Emerg Infect Dis. 2017, Emerg Infect Dis. 2017; 23(12):1941-1949.)

-[MF061604-MF061605](#) descritte nel lavoro pubblicato di Giombini et al.(“Enterovirus D68-Associated Acute Flaccid Myelitis in Immunocompromised Woman, Italy.” **Giombini E.**, Rueca M., Barberi W., Iori A.P., Castilletti C., Scognamiglio P., Vairo F., Ippolito G., Capobianchi M.R. and Valli M.B. Emerg Infect Dis. 2017, 23(10):1690-1693 )

-[KY474420-KY474510](#) descritte nel lavoro pubblicato di Bartolini et al. (“Characterization of naturally occurring NS5A and NS5B polymorphisms in patients infected with HCV genotype 3a treated with direct-acting antiviral agents”. Bartolini B., **Giombini E.**, Taibi C., Lionetti R., Montalbano M., Visco-Comandini U, D’Offizi G, Capobianchi M.R., McPhee F. and Garbuglia A.R. Viruses . 2017, 9: 212.)

-[SRX032333](#) (di SRA) descritte nel lavoro pubblicato di Abbate et al (Abbate, I.; Vlassi, C.; Rozera, G.; Bruselles, A.; Bartolini, B.; **Giombini, E.**; Corpolongo, A.; D’Offizi, G.; Narciso, P.; Desideri, A.; Ippolito, G.; Capobianchi, M. R. Detection of quasispecies variants predicted to use CXCR4 by ultra-deep pyrosequencing during early HIV infection. AIDS Lond. Engl. 2011, 25, 611–617.)

-[PRJNA258385](#) (BioProject) descritte nel lavoro pubblicato di Bartolini et al. (Bartolini, B.; Lionetti, R.; **Giombini, E.**; Sias, C.; Taibi, C.; Montalbano, M.; D’Offizi, G.; Gianpiero, D.; McPhee, F.; Hughes, E. A.; Zhou, N.; Ippolito, G.; Garbuglia, A. R.; Capobianchi, M. R. Dynamics of HCV genotype 4 resistance-associated variants during virologic escape with pIFN/RBV+daclatasvir: a case study using ultra deep pyrosequencing. J. Clin. Virol. Off. Publ. Pan Am. Soc. Clin. Virol. 2015, 66, 38–43.)

Si autorizza il trattamento dei dati ai sensi del D.Lgs. 196/2003 in materia di privacy.

Si dichiara, sotto la propria responsabilità, la veridicità di quanto sopra riportato, ai sensi del DPR 445/2000.