



Alessio Colantoni

Nazionalità: Italiana Sesso: Maschile

ESPERIENZA LAVORATIVA

UniCamillus - Saint Camillus International University of Health and Medical Sciences – Roma, Italia

Città: Roma | Paese: Italia

Ricercatore a tempo determinato in tenure track (RTT)

[01/09/2025 – Attuale]

- Attività di Ricerca.
- Docente del modulo "Biologia Molecolare" (4 CFU) del corso integrato "BIOCHIMICA".
- Docente del modulo "Biologia Molecolare" (3 CFU) del corso integrato "BIOLOGIA CELLULARE, MOLECOLARE E GENETICA".

Università degli Studi di Roma "La Sapienza" – Roma, Italia

Città: Roma | Paese: Italia

Ricercatore a tempo determinato di tipo A (RTDA)

[03/01/2022 – 31/08/2025]

- Attività di Ricerca.
- Docente titolare del corso "Computational Methods in Biology" (6CFU).
- Docente presso il Corso di Alta Formazione in Bioinformatica (Modulo 1: Basi di programmazione shell e R), anni accademici 2022/2023 e 2023/2024.
- Visita alla Rockefeller University dal 28 aprile 2025 al 5 maggio 2025 per svolgere il progetto di ricerca "Manual curation of H9 genome assembly" presso il Vertebrate Genome Lab della Rockefeller University, sotto la supervisione del Dr. Giulio Formenti e del Dr. Erich Jarvis.

Università degli Studi di Roma "La Sapienza" – Roma, Italia

Città: Roma | Paese: Italia

Docente universitario a contratto per l'anno accademico 2020-2021

[2020 – 2021]

Docente titolare del corso "Computational Methods in Biology" (6CFU).

Center for Life Nano- & Neuro-Science, Fondazione Istituto Italiano di Tecnologia (IIT) – Roma, Italia

Città: Roma | Paese: Italia

Collaboratore

[01/04/2020 – 31/12/2021]

Postdoc con contratto di Collaboratore presso il laboratorio RNA Systems Biology del professore Gian Gaetano Tartaglia, Fondazione Istituto Italiano di Tecnologia, all'interno del progetto ASTRA, premiato nell'ambito del programma H2020 Synergy Grants.

Università degli Studi di Roma "La Sapienza" – Roma, Italia

Città: Roma | Paese: Italia

Assegnista di ricerca

[30/11/2014 – 31/03/2020]

Postdoc come bioinformatico presso il laboratorio della professoressa Irene Bozzoni, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Università degli Studi di Roma "La Sapienza".

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Dottore di Ricerca in Biologia Cellulare e Molecolare (curriculum Bioinformatico)

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" [2011 – 2015]

Città: Roma | Paese: Italia

Laurea Magistrale in Bioinformatica con votazione pari a 110/110 e Lode

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" [2009 – 2011]

Città: Roma | Paese: Italia

Laurea Triennale in Biologia Cellulare e Molecolare con votazione pari a 110/110 e Lode

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata" [2006 – 2009]

Città: Roma | Paese: Italia

Diploma di Liceo Scientifico con votazione pari a 100/100

Liceo Scientifico "Isacco Newton" [2000 – 2006]

Città: Roma | Paese: Italia

COMPETENZE LINGUISTICHE

Lingua madre: italiano

Altre lingue:

inglese

ASCOLTO C1 LETTURA C1 SCRITTURA C1

PRODUZIONE ORALE C1 INTERAZIONE ORALE C1

spagnolo

ASCOLTO A2 LETTURA A2 SCRITTURA A2

PRODUZIONE ORALE A2 INTERAZIONE ORALE A2

Livelli: A1 e A2: Livello elementare B1 e B2: Livello intermedio C1 e C2: Livello avanzato

COMPETENZE

Ottima conoscenza dei linguaggi di programmazione C, C++, Python, Ruby e R. / Ottima conoscenza di programmi per l'analisi di dati di Next Generation Sequencing. / Ottima conoscenza di programmi per l'analisi di sequenze e strutture di macromolecole. / Capacità di creare e gestire basi di dati relazionali. / Capacità di creare e gestire pagine web statiche (HTML) e dinamiche (PHP, Python CGI). / Ottima conoscenza degli ambienti Linux/Unix. Capacità di gestire e amministrare Server Linux / Containerizzazione (Docker, Singularity, Kubernetes) / Utilizzo Cluster HPC

CAMPI DI INTERESSE SCIENTIFICO

Aree principali di competenza

- Analisi di dati di Second Generation (short-read) e Third Generation (long-read) high-throughput sequencing (Bulk e Single-Cell): RNA-Seq e varianti (RIP-Seq, CLIP-Seq, sequencing di RNA pull-down), CHIP-Seq, ChIRP-Seq, ATAC-Seq e Whole Genome Sequencing.
- Studio dei meccanismi di regolazione genica attraverso l'analisi integrativa di dati omici.
- Studio sistematico degli RNA non codificanti (lncRNA, miRNA, circRNA) con un focus sulle loro funzioni regolatorie, network di interazioni e implicazioni nei processi di sviluppo, nelle malattie neurodegenerative, nelle distrofie muscolari e nei tumori. Applicazione di metodi computazionali e sperimentali per identificare nuove classi di RNA funzionali e biomarcatori diagnostici e prognostici.
- Predizione e caratterizzazione delle interazioni tra RNA e proteine o altri RNA, mediante approcci computazionali basati su termodinamica, modelli di co-espressione e machine learning. Sviluppo e applicazione di pipeline bioinformatiche per l'inferenza di complessi RNP e il loro ruolo nella regolazione post-trascrizionale.
- Studio approfondito dello splicing alternativo, con particolare attenzione ai meccanismi che regolano la scelta dei siti di splicing e all'impatto degli eventi di splicing alternativo sulla funzionalità proteica e sull'insorgenza di patologie. Utilizzo di dati RNA-Seq per il profiling dei trascrittomi alternativi e la scoperta di nuovi isoformi funzionali.
- Studio degli effetti delle modifiche dell'RNA sulla sua biogenesi, funzione e struttura.
- Assemblaggio di genomi telomere-to-telomere.

ABILITAZIONI

[07/03/2025 – Attuale]

Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di Professore Universitario di Seconda Fascia nel Settore Concorsuale 05/E2 - BIOLOGIA MOLECOLARE

PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE SCIENTIFICHE

[17/04/2024 – Attuale]

Guest Editor per la Special Issue Protein–RNA Interactions: Function, Mechanism, and Identification della rivista International Journal of Molecular Sciences

[10/05/2023 – Attuale]

Associate Editor nella sezione RNA Networks and Biology della rivista Frontiers in Molecular Biosciences

Come Associate Editor ho curato l'editing di undici articoli scientifici, dei quali sette sono stati pubblicati. Il profilo è accessibile al seguente link: <https://loop.frontiersin.org/people/1262607/overview>.

[10/03/2021 – Attuale]

Review Editor nella sezione RNA Networks and Biology della rivista Frontiers in Molecular Biosciences

Come Review Editor ho curato la revisione di dodici articoli scientifici.

CONFERENZE E SEMINARI

[02/06/2025 – 06/06/2025] CIBIO, Trento

EMBO Practical Course: Embo gROUNDbreaking approaches for advancing circRNA research: Detection, function, therapeutics

Partecipazione in qualità di Trainer nella sezione di Data Analysis

[06/05/2025 – 10/05/2025] Cold Spring Harbor Laboratory, Laurel Hollow

Cold Spring Harbor Biology of Genomes Conference 2025

Presentazione di un poster dal titolo "Reference-quality genomes of human cell lines for precision omics".

[18/05/2024] Polo di San Lorenzo, Università degli studi di Roma "La Sapienza", Roma

Seminario su invito presso l'Università degli studi di Roma "La Sapienza"

Seminario dal titolo "Prediction of protein-RNA interactions from single-cell transcriptomic data"

[15/05/2023 – 18/05/2023] Collegium Iuridicum Novum, Poznan

EMBO Workshop: Non-coding RNA medicine

Selezionato per intervento orale dal titolo "FUS Alters circRNA Metabolism in Human Motor Neurons Carrying the ALS-Linked P525L Mutation".

[15/11/2022 – 18/11/2022] EMBL Heidelberg

EMBO Workshop: From functional genomics to systems biology

Presentazione di un poster dal titolo "Multi-omics analysis reveals a crucial role for Retinoic Acid in promoting epigenetic and transcriptional competence of an in vitro model of human Pharyngeal Endoderm".

[23/04/2022 – 29/04/2022] EMBL Heidelberg

EMBO Practical Course: Methods for analysis of circRNAs: From discovery to function

Partecipazione in qualità di Trainer nella sezione di Data Analysis.

[10/2019] EMBL Heidelberg

EMBO Practical Course: Methods for Analysis of Circular RNAs: No Tautology

Partecipazione in qualità di Trainer nella sezione di Data Analysis.

[01/2014] Università degli Studi di Roma "La Sapienza"

Meeting Annuale della Società Italiana di Bioinformatica

Presentazione di un poster dal titolo "Global characterization of alternative splicing events in long non coding RNAs".

[06/2013] Berlin

ISMB/ECCB

Presentazione di un poster dal titolo "Global characterization of alternative splicing events in long non coding RNAs".

[04/2012] Università degli Studi di Catania

Meeting Annuale della Società Italiana di Bioinformatica

Intervento orale dal titolo "Alternative splicing as regulator of protein-protein interactions".

INDICATORI BIBLIOMETRICI

Metriche Scopus 03/09/2025

numero di citazioni: 2151

h-index: 18

Metriche Google Scholar 03/09/2025

numero di citazioni: 2689

h-index: 18

PUBBLICAZIONI

Marocco F, Garbo S, Montaldo C, Colantoni A, Quattrocchi L, Gaboardi G, Sabarese G, Cicchini C, Lecce M, Carnevale A, Paolini R, Tartaglia GG, Battistelli C, Tripodi M. Negative regulation of miRNA sorting into EVs is mediated by the capacity of RBP PCBP2 to impair the SYNCRIP-dependent miRNA loading. *Elife*. 2025 Jul 2;14:RP105017.

Scatolini L, Graziadio L, Guerrini D, Maccallini P, Marino C, di Vito R, Hassan A, Grimaldi M, Fidaleo M, Dehghannasiri R, Proietti G, Piergentili R, Salvati E, Cacchione S, De Pittà C, Doksani Y, D'Ursi AM, Wakefield J, Chen L, Gatti M, Colantoni A, Usiello A, Raffa GD. RNase H1 counteracts DNA damage and ameliorates SMN-dependent phenotypes in a *Drosophila* model of Spinal Muscular Atrophy. *BioRxiv* 2025.04.17.649348.

Fiorentino F, Armaos A, Montrone C, Colantoni A, Tartaglia GG. scRAPID-web: a web server for predicting protein-RNA interactions from single-cell transcriptomics. *BioRxiv* 2025.03.12.642785.

Setti A, Bini G, Maiorca V, Pellegrini F, Proietti G, Miltiadis-Vrachnos D, Armaos A, Martone J, Monti M, Ruocco G, Rodolà E, Bozzoni I, Colantoni A, Tartaglia GG. Decoding RNA-RNA Interactions: The Role of Low-Complexity Repeats and a Deep Learning Framework for Sequence-Based Prediction. *BioRxiv* 2025.02.16.638500.

Silvestri B, Mochi M, Mawrie D, de Turrís V, Colantoni A, Borhy B, Medici M, Anderson EN, Garone MG, Zammerilla CP, Simula M, Ballarino M, Pandey UB, Rosa A. HuD impairs neuromuscular junctions and induces apoptosis in human iPSC and *Drosophila* ALS models. *Nat Commun*. 2024 Nov 7;15(1):9618.

Cipriano A, Colantoni A, Calicchio A, Fiorentino J, Gomes D, Moqri M, Parker A, Rasouli S, Caldwell M, Briganti F, Roncarolo MG, Baldini A, Weinacht KG, Tartaglia GG, Sebastiano V. Transcriptional and epigenetic characterization of a new in vitro platform to model the formation of human pharyngeal endoderm. *Genome Biol*. 2024 Aug 8;25(1):211.

Desideri F, Grazi A, Lisi M, Setti A, Santini T, Colantoni A, Proietti G, Carvelli A, Tartaglia GG, Ballarino M, Bozzoni I. CyCoNP lncRNA establishes cis and trans RNA-RNA interactions to supervise neuron physiology. *Nucleic Acids Res*. 2024 Jul 11:gkae590.

Garbo S, D'Andrea D, Colantoni A, Fiorentino F, Mai A, Ramos A, Tartaglia GG, Tancredi A, Tripodi M, Battistelli C. m6A modification inhibits miRNAs' intracellular function, favoring their extracellular export for intercellular communication. *Cell Rep*. 2024 Jun 25;43(6):114369.

Fiorentino J, Armaos A, Colantoni A, Tartaglia GG. Prediction of protein-RNA interactions from single-cell transcriptomic data. *Nucleic Acids Res*. 2024 Apr 12;52(6):e31.

Benedetti MC, D'andrea T, Colantoni A, Silachev D, de Turrís V, Boussadia Z, Babenko VA, Volovikov EA, Belikova L, Bogomazova AN, Pepponi R, Whye D, Buttermore ED, Tartaglia GG, Lagarkova MA, Katanaev VL,

Musayev I, Martinelli S, Fucile S, Rosa A. Cortical neurons obtained from patient-derived iPSCs with GNAO1 p.G203R variant show altered differentiation and functional properties. *Heliyon*. 2024 Feb 21;10(5):e26656.

Centrón-Broco A, Rossi F, Grelloni C, Garraffo R, Dattilo D, Giuliani A, Di Timoteo G, Colantoni A, Bozzoni I, Beltran Nebot M. CircAFF1 Is a Circular RNA with a Role in Alveolar Rhabdomyosarcoma Cell Migration. *Biomedicines*. 2023 Jul 4;11(7):1893.

Colantoni A, Capauto D, Alfano V, D'Ambra E, D'Uva S, Tartaglia GG, Morlando M. FUS Alters circRNA Metabolism in Human Motor Neurons Carrying the ALS-Linked P525L Mutation. *Int J Mol Sci*. 2023 Feb 6;24(4):3181.

Vandelli A, Arnal Segura M, Monti M, Fiorentino J, Broglia L, Colantoni A, Sanchez de Groot N, Torrent Burgas M, Armaos A, Tartaglia GG. The PRALINE database: protein and Rna humAn singLe nucleotide variaNts in condEnsates. *Bioinformatics*. 2023 Jan 1;39(1):btac847.

Chen L, Roake CM, Maccallini P, Bavasso F, Dehghannasiri R, Santonicola P, Mendoza-Ferreira N, Scatolini L, Rizzuti L, Esposito A, Gallotta I, Francia S, Cacchione S, Galati A, Palumbo V, Kobin MA, Tartaglia GG, Colantoni A, et al. TGS1 impacts snRNA 3'-end processing, ameliorates survival motor neuron-dependent neurological phenotypes in vivo and prevents neurodegeneration. *Nucleic Acids Res*. 2022 Nov 28;50(21):12400-12424.

Carvelli A, Setti A, Desideri F, Galfrè SG, Biscarini S, Santini T, Colantoni A, Peruzzi G, Marzi MJ, Capauto D, Di Angelantonio S, Ballarino M, Nicassio F, Laneve P, Bozzoni I. A multifunctional locus controls motor neuron differentiation through short and long noncoding RNAs. *EMBO J*. 2022 Jul 4;41(13):e108918.

Fiorillo C, Yen PS, Colantoni A, Mariconti M, Azevedo N, Lombardo F, Failloux AB, Arcà B. MicroRNAs and other small RNAs in *Aedes aegypti* saliva and salivary glands following chikungunya virus infection. *Sci Rep*. 2022 Jun 9;12(1):9536.

Scalzitti S, Mariani D, Setti A, Colantoni A, Lisi M, Bozzoni I, Martone J. Lnc-SMaRT Translational Regulation of Spire1, A New Player in Muscle Differentiation. *J Mol Biol*. 2022 Jan 30;434(2):167384.

Rossi F, Beltran M, Damizia M, Grelloni C, Colantoni A, Setti A, Di Timoteo G, Dattilo D, Centrón-Broco A, Nicoletti C, Fanciulli M, Lavia P, Bozzoni I. Circular RNA ZNF609/CKAP5 mRNA interaction regulates microtubule dynamics and tumorigenicity. *Mol Cell*. 2022 Jan 6;82(1):75-89.e9.

Rossi F, Centrón-Broco A, Dattilo D, Di Timoteo G, Guarnacci M, Colantoni A, Beltran Nebot M, Bozzoni I. CircVAMP3: A circRNA with a Role in Alveolar Rhabdomyosarcoma Cell Cycle Progression. *Genes (Basel)*. 2021 Jun 28;12(7):985.

Armaos A, Colantoni A, Proietti G, Rupert J, Tartaglia GG. catRAPID omics v2.0: going deeper and wider in the prediction of protein-RNA interactions. *Nucleic Acids Res*. 2021 Jun 4:gkab393.

Cipriano A, Macino M, Buonaiuto G, Santini T, Biferali B, Peruzzi G, Colantoni A, Mozzetta C, Ballarino M. Epigenetic regulation of Wnt7b expression by the cis-acting long noncoding RNA Lnc-Rewind in muscle stem cells. *Elife*. 2021 Jan 12;10:e54782.

Dobrowolny G, Martone J, Lepore E, Casola I, Petrucci A, Inghilleri M, Morlando M, Colantoni A, Scicchitano BM, Calvo A, Bisogni G, Chiò A, Sabatelli M, Bozzoni I, Musarò A. A longitudinal study defined circulating microRNAs as reliable biomarkers for disease prognosis and progression in ALS human patients. *Cell Death Discov*. 2021 Jan 11;7(1):4.

Desideri F, Cipriano A, Petrezselyova S, Buonaiuto G, Santini T, Kasperek P, Prochazka J, Janson G, Paiardini A, Calicchio A, Colantoni A, Sedlacek R, Bozzoni I, Ballarino M. Intronic Determinants Coordinate Charne lncRNA Nuclear Activity through the Interaction with MATR3 and PTBP1. *Cell Rep.* 2020 Dec 22;33(12):108548.

Colantoni A, Rupert J, Vandelli A, Tartaglia GG, Zacco E. Zooming in on protein-RNA interactions: a multi-level workflow to identify interaction partners. *Biochem Soc Trans.* 2020 Aug 28;48(4):1529-1543.

Martone J, Lisi M, Castagnetti F, Rosa A, Di Carlo V, Blanco E, Setti A, Mariani D, Colantoni A, Santini T, Perone L, Di Croce L, Bozzoni I. Trans-generational epigenetic regulation associated with the amelioration of Duchenne Muscular Dystrophy. *EMBO Mol Med.* 2020 Aug 7;12(8):e12063.

Garone MG, Alfano V, Salvatori B, Braccia C, Peruzzi G, Colantoni A, Bozzoni I, Armirotti A, Rosa A. Proteomics analysis of FUS mutant human motoneurons reveals altered regulation of cytoskeleton and other ALS-linked proteins via 3'UTR binding. *Sci Rep.* 2020 Jul 16;10(1):11827.

Martone J, Mariani D, Santini T, Setti A, Shamloo S, Colantoni A, Capparelli F, Paiardini A, Dimartino D, Morlando M, Bozzoni I. SMaRT lncRNA controls translation of a G-quadruplex-containing mRNA antagonizing the DHX36 helicase. *EMBO Rep.* 2020 Jun 4;21(6):e49942.

Di Timoteo G, Dattilo D, Centrón-Broco A, Colantoni A, Guarnacci M, Rossi F, Incarnato D, Oliviero S, Fatica A, Morlando M, Bozzoni I. Modulation of circRNA Metabolism by m6A Modification. *Cell Rep.* 2020 May 12;31(6):107641.

De Santis R, Alfano V, de Turrís V, Colantoni A, Santini L, Garone M G, Antonacci G, Peruzzi G, Sudria-Lopez E, Wyler E, Anink J J, Aronica E, Landthaler M, Pasterkamp R J, Bozzoni I, Rosa A. Mutant FUS and ELAVL4 (HuD) Aberrant Crosstalk in Amyotrophic Lateral Sclerosis. *Cell Rep.* 2019 Jun 25;27(13):3818-3831.e5.

Arcà B, Colantoni A, Fiorillo C, Severini F, Benes V, Di Luca M, Calogero R A, Lombardo, F. MicroRNAs from saliva of anopheline mosquitoes mimic human endogenous miRNAs and may contribute to vector-host-pathogen interactions. *Sci Rep.* 2019 Feb 27;9(1):2955.

Rossi F, Legnini I, Megiorni F, Colantoni A, Santini T, Morlando M, Di Timoteo G, Dattilo D, Dominici C, Bozzoni I. Circ-ZNF609 regulates G1-S progression in rhabdomyosarcoma. *Oncogene.* 2019 Jan 22.

Capauto D, Colantoni A, Lu L, Santini T, Peruzzi G, Biscarini S, Morlando M, Shneider NA, Caffarelli E, Laneve P, Bozzoni I. A Regulatory Circuitry Between Gria2, miR-409, and miR-495 Is Affected by ALS FUS Mutation in ESC-Derived Motor Neurons. *Mol Neurobiol.* 2018 Oct;55(10):7635-7651.

Ballarino M, Cipriano A, Tita R, Santini T, Desideri F, Morlando M, Colantoni A, Carrieri C, Nicoletti C, Musarò A, Carroll DO, Bozzoni I. Deficiency in the nuclear long noncoding RNA Charne causes myogenic defects and heart remodeling in mice. *EMBO J.* 2018 Sep 14;37(18).

Dimartino D, Colantoni A, Ballarino M, Martone J, Mariani D, Danner, J, Bruckmann, A, Meister G, Morlando M, Bozzoni I. The Long Non-coding RNA lnc-31 Interacts with Rock1 mRNA and Mediates Its YB-1-Dependent Translation. *Cell Rep.* 2018 Apr 17;23(3):733-740.

Biscarini S, Capauto D, Peruzzi G, Lu L, Colantoni A, Santini T, Shneider NA, Caffarelli E, Laneve P, Bozzoni I. Characterization of the lncRNA transcriptome in mESC-derived motor neurons: Implications for FUS-ALS. *Stem Cell Res.* 2018 Mar;27:172-179.

De Santis R, Santini L, Colantoni A, Peruzzi G, de Turris V, Alfano V, Bozzoni I, Rosa A. FUS Mutant Human Motoneurons Display Altered Transcriptome and microRNA Pathways with Implications for ALS Pathogenesis. Stem Cell Reports. 2017 Nov 14;9(5):1450-1462.

Errichelli L, Dini Modigliani S, Laneve P, Colantoni A, Legnini I, Capauto D, Rosa A, De Santis R, Scarfò R, Peruzzi G, Lu L, Caffarelli E, Shneider NA, Morlando M, Bozzoni I. FUS affects circular RNA expression in murine embryonic stem cell-derived motor neurons. Nat Commun. 2017 Mar 30;8:14741.

Ferrè F, Colantoni A, Helmer-Citterich M. Revealing protein-lncRNA interaction. Brief Bioinform. 2016 Jan; 17(1):106-16.

Bianchi V, Colantoni A, Calderone A, Ausiello G, Ferrè F, Helmer-Citterich M. DBATE: database of alternative transcripts expression. Database (Oxford). 2013 Jul 9;2013:bat050.

Colantoni A, Bianchi V, Gherardini PF, Tomba GS, Ausiello G, Helmer-Citterich M, Ferrè F. Alternative splicing tends to avoid partial removals of protein-protein interaction sites. BMC Genomics. 2013 Jun 7;14:379.

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali presenti nel CV ai sensi dell'art. 13 d. lgs. 30 giugno 2003 n. 196 - "Codice in materia di protezione dei dati personali" e dell'art. 13 GDPR 679/16 - "Regolamento europeo sulla protezione dei dati personali".

Roma, 03/09/2025