

CURRICULUM VITAE



Caterino Marianna

Indirizzo	Via della Pace n° 68, 81033 Casal di Principe (CE)
Recapito telefonico	3403772486
E-mail	marianna.caterino@unina.it
Nazionalità	Italiana
Data di nascita	02.01.1978
Luogo di nascita	Caserta
Genere	Femminile

Esperienze professionali

Assegno di Ricerca (dal 01.01.2016 al 31.12.2016) presso il Dipartimento di Medicina Molecolare e Biotecnologie Mediche, l'Università degli Studi di Napoli "Federico II" (POR Campania FSE 2007-2013/ POR Campania FSE 2014-2020, Asse IV e Asse V CUP E66G14000850006)

Borsa di studio bandita dall'Istituto Nazionale Biostrutture e Biosistemi, I.N.B.B. (dal 01.05.2015 al 30.11.2015), nell'ambito dell'attività di ricerca 'Analisi proteomica ed identificazione di proteine' per il progetto europeo SYBIL System Biology for the functional validation of genetics determinants of skeletal diseases'.

Contratto di Formazione (dal 18.03.2013 al 17.03.2015) "Sviluppo di molecole capaci di modulare vie metaboliche intracellulari redox-sensibili per la prevenzione e la cura di patologie infettive, tumorali, neurodegenerative e loro delivery mediante piattaforme nanotecnologiche"– PON01_01802" presso il CEINGE, Biotecnologie Avanzate.

Contratto di collaborazione a progetto (dal 01.02.2009 al 31.01.2013) nell'ambito del progetto "Analisi proteomica di espressione differenziale in linfociti periferici umani trattati con diidrotestosterone: implicazioni diagnostiche sull'attività di controllo del doping" presso la Fondazione SDN, IRCSS, Napoli

Specializzanda in Medicina di laboratorio, biochimica clinica e biologia molecolare clinica (dal 01.11.2006 al 27.10.2011) presso la Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università degli Studi di Napoli "Federico II".

Assegno di Ricerca (dal 01.05.2007 al 30.11.2008) nell'ambito del progetto S.C.o.P.E. (Sistema Cooperativo ad Alte Prestazioni per Elaborazioni Scientifiche Multidisciplinari), settore disciplinare BIO\10, per l'"ANALISI MEDIANTE TECNICHE COMPUTAZIONALI DI DATI DI SPETTROMETRIA DI MASSA DI PEPTIDI E PROTEINE"

Dottoranda di Ricerca in Scienze Biotecnologiche (dal 01.11.2003 al 31.10.2006) presso l'Università degli di Studi Napoli "Federico II".

Borsa di studio bandita dal Dipartimento di Chimica Organica e Biochimica (dal 01.03.2003 al 28.02.2004) presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II". L'attività di ricerca, svolta sotto la guida del Prof. P. Pucci, ha riguardato la messa appunto di metodologie relative allo studio delle interazioni proteina-proteina.

Istruzione e formazione

Titolo di **Specialista in Medicina di laboratorio, biochimica clinica e biologia molecolare clinica** conseguito presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II", Facoltà di Medicina e Chirurgia, il 27 ottobre 2011, con votazione **70/70 e lode**. Titolo della tesi: "Studio delle basi molecolari dell'Acidemia Metilmalonica"

Titolo di **Dottore di Ricerca in Scienze Biotecnologiche** conseguito presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II", il 12 gennaio 2007, discutendo una tesi sperimentale dal titolo: "Metodologie innovative in proteomica. clinica"

Abilitazione all'esercizio della **professione di Chimico** (Ottobre 2003)"

Laurea in Chimica (vecchio ordinamento) conseguita presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II", il 13 dicembre 2002, con votazione **110/110 e lode**, discutendo una tesi sperimentale (durata 15 mesi) dal titolo: "Determinanti strutturali dell'interazione tra il dominio WW della proteina Fe65 ed i suoi ligandi".

Premi

Giugno 2011: Vincitrice di un "Travel Award" messa a disposizione dalla SIB (Società Biochimica Italiana) per la partecipazione di giovani ricercatori al 35th FEBS Congress, Torino, Italia, 25-30 giugno 2011

Giugno 2009: Vincitrice di un Travel Award FEBS per la partecipazione al YSF (Young Scientific Forum) e al 34° congresso FEBS, Praga; Repubblica Ceca, 2-4 luglio 2009.

Gennaio 2009: Partecipa al training teorico/pratico Biacore T100 organizzato dalla GE Healthcare presso il CEINGE di Napoli.

1 Marzo - 31 Maggio 2005: E' ricercatore ospite presso l'Istituto di Ricerca di Biologia Molecolare, IRBM, P. Angeletti sotto la supervisione del Dott. Fabio Talamo. Svolge un training sulle metodologie elettroforetiche di Proteomica Differenziale (DIGE)

14 Marzo – 19 Marzo 2004: Frequenta l'VIII corso di Spettrometria di Massa per Dottorandi di Ricerca, Siena.

Associazioni scientifiche

Membro della SIB (Società Biochimica Italiana)

Membro della ItPA (Italian Proteomic Association)

Insegnamenti

Contratto per lo svolgimento di attività didattiche integrative dell'Insegnamento di Proteomica, anno accademico 2006-2007, per il Corso di Laurea in Biotecnologie per la Salute, 'Università degli Studi di Napoli "Federico II".

Incarico di collaborazione occasionale per la Tutorship didattica dei corsi per la formazione a distanza (e-learning) in relazione all'insegnamento di Biochimica presso la Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università degli Studi di Napoli "Federico II"

Contratto per il conferimento dell'incarico di Insegnamento di "Proteomica", anno accademico 2009-2010, per il Corso di Laurea Magistrale in Biotecnologie del Farmaco, 'Università degli Studi di Napoli "Federico II".

Contratto per il conferimento dell'incarico di Insegnamento di "Proteomica", per l'anno accademico 2010-11, per il Corso di Laurea Magistrale in Biotecnologie del Farmaco, 'Università degli Studi di Napoli "Federico II".

Contratto per il conferimento dell'incarico di collaborazione per l'Insegnamento di "Metodiche di spettrometria di massa ed applicazioni all'analisi del proteoma e del metaboloma", per il Corso di formazione "MANAGER E RICERCATORI IN AMBITO BIOMEDICO" nell'ambito del progetto P.R.I.S.M., finanziato attraverso fondi del Programma Operativo Nazionale 2007-2013.

Contratto per il conferimento dell'incarico di Insegnamento di "Proteogenomica (BIO/10 -BIO/11)", per il Corso di formazione "Tecnologie genomiche avanzate e bioinformatiche applicate al miglioramento genetico di specie vegetali" (PON02_00395_3082360) nell'ambito del Progetto Genopom-Pro, finanziato attraverso fondi del Programma Operativo Nazionale 2007-2013.

Contratto per il conferimento dell'incarico di Insegnamento di "Scienze e Tecnologie Omiche- Modulo di Metabolomica", anno accademico 2015-2016, per il Corso di Laurea Magistrale in Scienze e Tecnologie Genetiche, Università del Sannio.

Contratto per il conferimento dell'Attività di Docenza di "Tecniche di Proteomica e Genomica (BIO/10)", per il Percorso Formativo "Formazione di Esperti nell'Identificazionee nello Sviluppo di Nuovi Bersagli Molecolari per la Diagnosi, la Prognosi e il Trattamento dell'Ischemia Cerebrale e i Tumori Plurifarmacoresistenti della Testa, del Collo e della Mammella" annesso al progetto RI E SS BIBIOFAR CODICE SIRIO: PON03PE_00146_1

Contratto per il conferimento dell'Attività di Docenza di "Tecniche di Proteomica e Genomica ", per il Percorso Formativo "Formazione di Esperti nell'Identificazionee nello Sviluppo di Nuovi Bersagli Molecolari per la Diagnosi, la Prognosi e il Trattamento dell'Ischemia Cerebrale e i Tumori Plurifarmacoresistenti della Testa, del Collo e della Mammella" annesso al progetto RI E SS BIBIOFAR CODICE SIRIO: PON03PE_00146_1

Contratto per il conferimento dell'Attività di Docenza di "Caratterizzazione ed identificazione di proteine con metodi di spettrometria di massa ", per il Percorso Formativo "Formazione di Esperti nell'Identificazionee nello Sviluppo di Nuovi Bersagli Molecolari per la Diagnosi, la Prognosi e il Trattamento dell'Ischemia Cerebrale e i Tumori Plurifarmacoresistenti della Testa, del Collo e della Mammella" annesso al progetto RI E SS BIBIOFAR CODICE SIRIO: PON03PE_00146_1

Contratto per il conferimento dell'incarico di Insegnamento di "Scienze e Tecnologie Omiche- Modulo di Metabolomica", anno accademico 2016-2017, per il Corso di Laurea Magistrale in Scienze e Tecnologie Genetiche, Università del Sannio.

Capacità e competenze tecniche

L'attività di ricerca svolta le ha consentito di maturare esperienza in merito alla chimica delle proteine, alla spettrometria di massa e alla proteomica. Le capacità tecniche acquisite:

- Tecniche di purificazione e separazione di proteine (cromatografia ad esclusione molecolare, cromatografia a scambio ionico, cromatografia di affinità, cromatografia a fase inversa-HPLC, LC con sistemi a nanoflusso)
- Tecniche di quantizzazione di proteine e metaboliti
- Elettroforesi su gel d'agarosio
- Estrazione di piccoli metaboliti da cellule e da tessuti
- Estrazione e precipitazione proteica
- Immuno-precipitazione
- Western Blotting
- Elettroforesi mono e bidimensionale (SDS-PAGE)
- Tecnica DIGE e analisi dei dati mediante il software DeCyder
- Proteomica quantitativa: marcatura isotopica con iTRAQ e iCAT
- Tecniche di idrolisi chimica ed enzimatica di proteine
- Analisi di metaboliti e di elementi in tracce mediante GC/MS e GC/MSMS
- Spettrometria di massa per: identificazione di proteine, la verifica dell'ipotesi di struttura primaria e l'individuazione di eventuali modifiche post-traduzionali; analisi di polimeri e composti organici, determinazione del peso molecolare di composti organici, proteine e proteine ricombinanti. Analisi di miscele peptidiche ottenute dall'idrolisi estensiva (chimica ed enzimatica) di proteine
- Spettrometria di massa LC/MSMS e interpretazione degli spettri di frammentazione di peptidi
- Spettrometria di massa LC/MSMS e interpretazione degli spettri di frammentazione di molecole organiche
- Spettrometria di massa MALDI IMAGING effettuate su sezione di tessuti e analisi dei dati mediante i programmi di elaborazione dati Tissue View e Biomap
- Buona esperienza nell'utilizzo di diversi spettrometri di massa tra cui: MALDI Voyager DE-STR, DE-PRO, 4800 Plus MALDI TOF/TOF e QSTAR (Applied Biosystems), Micromass ZQ (Waters), 4000 Q-Trap interfacciato con un sistema LC nanoflusso (Applied Biosystems-Agilent), Chip MS Ion Trap XCT Ultra (Agilent Technologies) e il sistema ibrido Q-TOF Premier (Waters). L'elaborazione dei dati e lo studio delle banche dati sono attività quotidiane; buona conoscenza dei software Mascot, Protein Prospector e FASTA.

Comunicazioni orali

1. Caterino M. Proteomic analysis to unravel the function of human ribosomal protein S19. 9th Young Scientist Forum FEBS "Labyrinth of cells and molecules" Praga, Repubblica Ceca, 2-4 Luglio 2009
2. Caterino M . Dysregulated proteins in a cellular model of methylmalonic acidemia. XI National Conference of Italian Proteomic Association, Perugia, Italia, 16-19 Maggio 2016

Congressi

1. Ruoppolo M., Caterino M., Iolascon A., Marrone A., Orrù S., Perrotta S., Savoia M. and Salvatore F. "Functional proteomics of pathologies related to red cell membrane abnormalities". Sezione Italiana Human Proteome Organization (Primo Congresso Nazionale), Napoli, 26-27/09/2003;
2. Ruoppolo M., Caterino M., Orrù S., Savoia M., Iolascon A. and Salvatore F. "Erythroid membrane proteomic". Proteine 2004 (XVII Meeting of the Protein Workgroup), Viterbo, 20-22/5/2004
3. Ruoppolo M., Caterino M., Orrù S., Savoia M., Iolascon A. and Salvatore F. "Erythroid membrane proteomic". Massa 2005 (An International Symposium on Mass Spectrometry), Roma, 28/6-1/7/2005
4. Orrù S., Caterino M., Ruoppolo M., Savoia M., Perrotta S., Salvatore F. and Iolascon A. "Erythroid membrane proteomics". HUPO 4th Annual World Congress, Munich, 28/8-1/9/2005
5. Caterino M., Baldini A., Fulcoli G., Orrù S., Ruoppolo M. and Salvatore F. "Proteomic analysis to unravel the function of the transcription factor TBX1". Sezione Italiana Human Proteome Organization (Terzo Congresso Nazionale), Lodi, 29/9- 1/10/ 2005.
6. Ruoppolo M., Orrù S., Caterino M., Chiocchetti A., Gibello L., Carando A., Secco P., Biava A., Aspesi A., Dianzani U., Ramenghi U., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. "A functional proteomic approach to unravel ribosomal protein S19 protein partners". Sezione Italiana Human Proteome Organization (Terzo Congresso Nazionale), Lodi, 29/9- 1/10/ 2005.
7. Caterino M., Orrù S., Ruoppolo M., Aspesi A., Ammiraglio A., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. "Understanding human ribosomal protein S19function through the definition of its interactome". Proteine 2006. Novara 1-3/6/06.
8. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Ammiraglio M., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. and Ruoppolo M. "Analysis of Rps19 protein and Rps19 missense mutant proteins interactome". 4th Conference of the Bioinformatics Italian Society (BITS). Napoli 26-28 April 2007

9. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. and Ruoppolo M. "Analysis of Rps19 protein and Rps19 missense mutant proteins interactome" 2th Annual National Conference, ITPA (Italian Proteomic Association). Acitrezza, 26-29 June 2007
10. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. and Ruoppolo M. "Definition of missense mutant hRPS19 interactome" SIB 2007 52° Congresso Nazionale. Riccione 26-28 Settembre 2007
11. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., Loreni F., Santoro C., Dianzani I. and Ruoppolo M. "Proteomic analysis to unravel the function of hRPS19". 8th Siena meeting From genome to proteome: Integration and proteome completion. Siena 31 Agosto- 4 settembre 2008.
12. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., Dianzani I. and Ruoppolo M. Proteomic analysis to unravel the function of human ribosomal protein S19. 5° Seminario SIBBM "Frontiers in Molecular Biology". Napoli 4-6 giugno 2009.
13. Caterino M., Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., Dianzani I. and Ruoppolo M. Proteomic analysis to unravel the function of human ribosomal protein S19. 34° FEBS Congress "Life's molecular Interactions". Praga, Repubblica Ceca, 4-9 luglio 2009.
14. Caterino M., Chandler R.J., Venditti C.P., Ruoppolo M. Proteomic analysis in the characterization of pathogenic mechanisms of Methylmalonic Acidemia (MMA). 36° FEBS Congress "Biochemistry for tomorrow's Medicine". Torino, Italia, 25-30 giugno 2011
15. Ruoppolo M., Caterino M., Chandler R.J., Venditti C.P. Dissecting molecular basis of methylmalonic acidemia (MMA) by proteomic analysis. *Journal of inherited metabolomic disease* Volume: 34 Supplement: 1 Pages: S238-S238 SEPT 2011
16. Caterino, M.; Chandler, R. J.; Venditti, C. P. Identification of deregulated proteins in methylmalonic acidemia (MMA). *Journal of inherited metabolomic disease* Volume: 35 Supplement: 1 Pages: S60-S60 Published: SEP 2012
17. Caterino, M.; Pastore, A.; Strozziro, M. G., Boenzi S., Dionisi-Vici C., Ruoppolo M. The cblc proteome: in vivo elucidation of altered cellular pathway in humans. *Journal of inherited metabolomic disease* Volume: 36 Supplement: 2 Pages: S167. Published: SEP 2013
18. Caterino M., di Pasquale P., De Maria F., Cannas S., Mollicotti P., Zanetti S., Duilio A. Mycobacterium tuberculosis and methylation stress. IX Congresso ItPA, Naples June 2014

19. Caterino M., Costanzo M., Minopoli G., Santorelli L., Venditti C.P., Ruoppolo M. Quantitative analysis of dysregulated proteome in methylmalonic acidemia. EuPA IX Annual Congress. Milano, June 2015
20. Campesi I., Santorelli L., Caterino M., Scolamiero E., Pecce R., Amoresano A., Pane F., Fontanarosa C., F. Franconi, M. Ruoppolo. Targeted metabolomics in the study of gender differences in tissue metabolism. EuPA IX Annual Congress. Milano, June 2015

Pubblicazioni

1. Silvennoinen L, Myllyharju J, Ruoppolo M, Orru S, **Caterino M**, Kivirikko KI, Identification and characterization of structural domains of human ERp57. Association with calreticulin requires several domains. *J Biol Chem.* 2004, 279:13607-15 (IF 2004: 6,355)
2. de Laurentiis A, **Caterino M**, Orru S, Ruoppolo M, Tuccillo F, Masullo M, Quinto I, Scala G, Pucci P, Palmieri C, Tassone P, Salvatore F, Venuta S. Partial purification and MALDI-TOF MS analysis of UN1, a tumor antigen membrane glycoprotein. *Int J Biol Macromol.* 2006, 39:122-6 (IF 2006: 1,323)
3. **Caterino M.**, Ruoppolo M., Orrù S., Savoia M., Perrotta S., Del Vecchio L., Salvatore F., Stewart G. W., Iolascon A. Characterization of red cell membrane proteins as a function of red cell density. Annexin VII in different forms of hereditary spherocytosis. *FEBS Lett.* 2006, 580(28-29):6527-32 (IF 2006: 3,372)
4. Orrù S., Aspesi A., Armiraglio M., **Caterino M.**, Loreni F., Ruoppolo M., Santoro C., Dianzani I. Analysis of Ribosomal Protein S19 Interactome. *Mol Cell Proteomics* 2007, 6(3):382-93 (IF 2007: 8, 834).
5. **Caterino M.**, Ruoppolo M., Fulcoli G., Huynh T., Orrù S., Baldini A. and Salvatore F. Transcription factor TBX1 overexpression induces downregulation of proteins involved in retinoic acid metabolism: A comparative proteomic analysis. *J Proteome Res.* 2009, 8(3):1515-26. (doi: 10.1021/pr800870d)(IF 2009: 5.132)
6. Orsatti L., Forte E., Tomei L., **Caterino M.**, Pessi A., and Talamo F. 2-D Difference in gel electrophoresis combined with Pro-Q Diamond staining: A successful approach for the identification of kinase/phosphatase targets. *Electrophoresis* 2009, 30(14):2469-76. (doi: 10.1002/elps.200800780) (IF 2009: 3.077).
7. **Caterino M.**, Muccioli Casadei G., Arvonio R., De Francia S., Pirro E., Piccione M.F., Pane F., Ruoppolo M. Quantification of Imatinib Plasma Levels in Patients with Chronic Myeloid Leukemia: Comparison Between HPLC–UV and LC–MS/MS. *Int J Pept Res Ther.* 2012 (IF 2012: 1.28)
8. **Caterino M.**, Corbo C., Imperlini E., Armiraglio M., Pavesi E., Aspesi A., Loreni F., Dianzani I. and Ruoppolo M. Differential proteomics analysis in human cells subjected to ribosomal stress. *Proteomics* 2013, 13(7):1220-7 (doi: 10.1002/pmic.201200242) (IF 2013: 3.973).
9. Imperlini E., Colavita I., **Caterino M.**, Mirabelli P., Del Vecchio L., Di Noto R., Ruoppolo M. and Orru S. The secretome signature of colon cancer cell lines. *J Cell Biochem.* 2013, 114(11):2577-87 (doi: 10.1002/jcb.24600) (IF 2013: 3.368).
10. Ruoppolo M., Campesi I., Scolamiero E., Pecce R., **Caterino M.**, Cherchi S., Mercurio G., Tonolo G., Franconi F. Serum metabolomic profiles suggest influence of sex and oral contraceptive use. *Am J Transl Res.* 2014 6(5):614-24 (IF 2014: 3.402).

11. **Caterino M.**, Aspesi A., Pavesi E., Imperlini E., Pagnozzi D., Ingenito L., Santoro C., Dianzani I. and Ruoppolo M. Analysis of the interactome of ribosomal protein 19 mutants. *Proteomics*. 2014, (20):2286-96. (doi: 10.1002/pmic.201300513) (IF 2014: 3.807).
12. Spaziani S., Imperlini E., Mancini A., **Caterino M.**, Buono P. and Orru` S. Insulin-like growth factor 1 receptor signaling induced by supraphysiological doses of IGF-1 in human peripheral blood lymphocytes. *Proteomics* 2014, 14, 1623–1629 (doi: 10.1002/pmic.201300318) (IF 2014: 3.807).
13. Scolamiero E., Villani G. R. D., Laura Ingenito, Pecce R., Albano L., Caterino M., di Girolamo M. G., Di Stefano C., Franzese I., Gallo G., Ruoppolo M. Maternal vitamin B12 deficiency detected in expanded newborn screening. *Clinical Biochemistry* 2014, 47(18):312-7 (doi: 10.1016/j.clinbiochem.2014.08.020) (IF 2014: 2.275)
14. Pastore A., **Caterino, M.**, Strozziro M. G., Di Giovamberardino G., Imperlini E., Scolamiero E., Ingenito L., Boenzi, S., Ceravolo, F., Martinelli, D., Dionisi-Vici, C., Ruoppolo, M. The proteome of cblC defect: in vivo elucidation of altered cellular pathways in humans. *J Inherit Metab Dis*. 2015, 38(5):969-79. (doi: 10.1007/s10545-014-9806-4) (IF 2015: 3.541)
15. Imperlini E., Spaziani S., Mancini A., **Caterino M.**, Buono P., Orrù S. Synergistic effect of DHT and IGF-1 hyperstimulation in human peripheral blood lymphocytes. *Proteomics* 2015, 15(11):1813-8. (doi: 10.1002/pmic.201400242) (IF 2015: 4.079).
16. Scolamiero E, Cozzolino C, Albano L, Ansalone A, **Caterino M**, Corbo G, di Girolamo MG, Di Stefano C, Durante A, Franzese G, Franzese I, Gallo G, Giliberti P, Ingenito L, Ippolito G, Malamisura B, Mazzeo P, Norma A, Ombrone D, Parenti G, Pellecchia S, Pecce R, Pierucci I, Romanelli R, Rossi A, Siano M, Stoduto T, Villani GR, Andria G, Salvatore F, Frisso G, Ruoppolo M. Targeted metabolomics in the expanded newborn screening for inborn errors of metabolism. *Mol Biosyst*. 2015 11(6):1525-35 (doi: 10.1039/c4mb00729h) (IF 2015: 2.829)
17. Imperlini E, Mancini A, Alfieri A, Mortone D, **Caterino M**, Orrù S and Buono P. Molecular effects of supraphysiological doses of doping agent on health. *Molecular BioSyst* 2015, 11(6):1494-506 (doi: 10.1039/c5mb00030k)(IF 2015: 2.829)
18. Ruoppolo M., Scolamiero E., **Caterino M.**, Mirisola V., Franconi F. and Campesi I. Female and male human babies have distinct blood 1 metabolomic patterns. *Mol Biosyst*. 2015, 11(9):2483-92. (doi: 10.1039/c5mb00297d) (IF 2015: 2.829).

19. Chandler R. J., **Caterino M.**, Sloan J. L., Dorko K., Cusmano-Ozog K., Ingenito L., Strom S. C., Imperlini E., Scolamiero E., Venditti C. P. and Ruoppolo M. The proteome of methylmalonic acidemia (MMA): elucidation of altered cellular pathway in humans. *Mol Biosyst.* 2016, 12(2): 566-74 (doi: 10.1039/c5mb00736d) (IF 2016: 2.781)
20. di Pasquale P., **Caterino M.**, De Maria F., Rossi E., Landini P., Iebba V., Schippa S., Papa R., Selan L., Artini M., Palamara A.T. and Duilio A. Exposure to DNA-methylating agents impairs biofilm formation and invasion of eukaryotic cells via down regulation of the sialidase NanA. *Front Microbiol.* 2016, 7:147 (doi: 10.3389/fmicb.2016.00147) (IF 2016: 4.165).
21. Capobianco V, **Caterino M.**, Iaffaldano L, Nardelli C, Sirico A, Del Vecchio L, Martinelli P, Pastore L, Pucci P, Sacchetti L. Proteome analysis of human amniotic mesenchymal stem cells (hA-MSCs) reveals impaired antioxidant ability, cytoskeleton and metabolic functionality in maternal obesity. *Sci Rep.* 2016, 6:25270 (doi: 10.1038/srep25270) (IF 2016: 5.228).
22. Imperlini E., Santorelli L., Orru' S., Scolamiero E., Ruoppolo M., **Caterino M.** Mass Spectrometry-Based Metabolomic and Proteomic Strategies in Organic Acidemias. *Biomed Res Int.* 2016, (doi: 10.1155/2016/9210408) (IF 2016: 2.476)

Napoli, 6/7/2017

Gerardo Caterino