

## **Federico Zambelli**

Istituto di Biomembrane e Bioenergetica  
Consiglio Nazionale delle Ricerche  
Via Giovanni Amendola 165/A  
70126 - Bari

Dipartimento di Bioscienze  
Università degli Studi di Milano  
Via Giovanni Celoria 26  
20133 - Milano

[f.zambelli@ibbe.cnr.it](mailto:f.zambelli@ibbe.cnr.it)

Federico Zambelli è assegnista di ricerca senior presso l'Istituto di Biomembrane e Bioenergetica (CNR) ove ricopre l'incarico di Node Technical Coordinator per la JRU ELIXIR-ITALIA, Nodo italiano dell'infrastruttura per la bioinformatica europea ELIXIR. Ha compiuto gli studi di laurea e di Dottorato in biologia molecolare presso l'Università di Milano. Dalla tesi di laurea, conseguita nel 2006, i suoi interessi di ricerca sono rivolti alla bioinformatica e in particolare allo sviluppo di metodi computazionali per lo studio della regolazione dell'espressione genica a livello trascrizionale e post-trascrizionale e all'analisi di dati Next Generation Sequencing. Le ricerche compiute hanno portato allo sviluppo di diversi strumenti software, liberamente fruibili dalla comunità scientifica.

E' autore di 22 pubblicazioni su riviste internazionali con Impact Factor indicizzate in PubMed (Google Scholar H-index: 14).

### **Pubbliazioni selezionate**

1. Dolfini D, Zambelli F, Pedrazzoli M, Mantovani R, Pavesi G. A high definition look at the NF-Y regulome reveals genome-wide associations with selected transcription factors. *Nucleic Acids Res.* 2016 Feb 20.
2. Mihailovich M, Bremang M, Spadotto V, Musiani D, Vitale E, Varano G, Zambelli F, Mancuso F, Cairns D, Pavesi G, Casola S, Bonaldi T. miR-17-92 fine-tunes MYC expression and function to ensure optimal B cell lymphoma growth. *Nat Commun.* 2015 Nov 10;6:8725.
3. Zambelli F, Pesole G, Pavesi G. PscanChIP: Finding over-represented transcription factor-binding site motifs and their correlations in sequences from ChIP-Seq experiments. *Nucleic Acids Res.* 2013 Jul 41:W535-43.
4. Zambelli F, Prazzoli GM, Pesole G, Pavesi G. Cscan: finding common regulators of a set of genes by using a collection of genome-wide ChIP-seq datasets. *Nucleic Acids Res.* 2012 Jul;40(Web Server issue):W510-5.
5. Zambelli F, Pesole G, Pavesi G. Motif discovery and transcription factor binding sites before and after the next-generation sequencing era. *Brief Bioinform.* 2012 Apr 19. doi: 10.1093/bib/bbs016
6. Mihailovich M, Wurth L, Zambelli F, Abaza I, Militti C, Mancuso FM, Roma G, Pavesi G, Gebauer F. Widespread generation of alternative UTRs contributes to sex-specific RNA binding by UNR. *RNA.* 2012 Jan;18(1):53-64.
7. Zambelli F, Pesole G, Pavesi G. Pscan: finding over-represented transcription factor binding site motifs in sequences from co-regulated or co-expressed genes. *Nucleic Acids Res.* 2009 Jul;37(Web Server issue):W247-52. .
8. Pavesi G, Zambelli F, Caggese C, Pesole G. Exalign: a new method for comparative analysis of exon-intron gene structures. *Nucleic Acids Res.* 2008 May;36(8):e47