

INFORMAZIONI PERSONALI

Luca Parca



📍 Via Appia Nuova 991, 00178, Roma, Italia

☎️ +39 3928211946

✉️ luca.parca@gmail.com

Sesso Maschile | Data di nascita 11/11/1985 | Luogo di nascita Roma | Nazionalità Italiana
Codice Fiscale PRCLCU85S11H5010

ESPERIENZA
PROFESSIONALE

01/07/2021 – attualmente in corso

Ricercatore

Agenzia Spaziale Italiana, Unità Volo umano e Sperimentazione Scientifica

- Space biology
- Machine learning
- Project managing
 - Responsabile di progetto per RELAXPRO (Contratto 2022-17-U.0)
 - Responsabile di progetto per Ovospace (Accordo attuativo 2022-17-U.0)
 - Responsabile di progetto per ASTRONEMUS (Contratto 2021-21-U.0)
 - Responsabile di progetto per MetaMuscle (Contratto 2021-17-U.0)
 - Responsabile di progetto per MINDFUL-ICE II (Contratto 2023-24-U.0)
 - Direttore Esecuzione Contratto per "Acquisto di Space Box per esperimenti di life sciences su ISS durante la missione Cristoforetti" (Contratto 2022-5-I.0)
 - Project Scientist per BESIDES (Contratto 2023-3-E.0)
 - Project Scientist per BIOLUNA (Contratto 2024-2-E.0)
 - Unità ricerca per MICROICY (codice 20229A49HK)
- Rappresentanza ASI a board NASA:
 - Program Science Forum (PSF)
 - Earth Observation Working Group (EOWG)
 - International Human Research Complement Working Group (IHRCWG)
 - "AO Development Process Tiger Team" dell'International Space Life Sciences Working Group (ISLSWG)
- Insegnamento del corso di "Proteogenomica Computazionale" nel corso di laurea magistrale in Bioinformatica presso l'Università di Roma "Tor Vergata".

Settore Space biology

01/09/2019 – 30/06/2021

Ricercatore

Laboratorio del Dott. Tommaso Mazza, Casa Sollievo Della Sofferenza, Istituto Mendel

- Network biology
- Machine learning
- Biostatistics
- Insegnamento del corso di "Proteogenomica Computazionale" nel corso di laurea magistrale in Bioinformatica presso l'Università di Roma "Tor Vergata".

Settore AI, network biology

01/09/2016 – 31/08/2019

Assegnista di ricerca

Laboratorio della Prof. Manuela Helmer Citterich, Università di Roma "Tor Vergata"

- Analisi di dati di farmacogenomica, trascrittomica e fosfoproteomica per la predizione e la caratterizzazione di meccanismi di risposta a farmaci in linee cellulari tumorali
- Analisi di dati di proteomica per l'identificazione di variazioni compartimento-specifiche nelle quantificazioni proteomiche
- Insegnamento del corso di "Proteogenomica Computazionale" nel corso di laurea magistrale in Bioinformatica presso l'Università di Roma "Tor Vergata".
- Responsabilità come Local Technical Coordinator (LTec) dell'Università di Roma "Tor Vergata" per ELIXIR-IIB.

Settore Farmacogenomica, trascrittomica e proteomica

07/01/2013 - 30/06/2016

Post-doc fellow

Laboratorio del Dr. Peer Bork, European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg, Germania

- Analisi strutturale e evoluzionistica della regolazione tramite modifiche post-traduzionali delle interazioni proteina-proteina
- Analisi di variazioni del segnale, morfologia-dipendente, nell'analisi proteomica quantitativa di campioni tumorali
- Caratterizzazione della regolazione tramite modifiche post-traduzionali del nucleoporo umano

Settore Proteomica e biologia strutturale

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

01/11/2009 –
20/12/2012

Dottorato in Biologia Cellulare e Molecolare

Laboratorio della Prof. Manuela Helmer Citterich, Università di Roma "Tor Vergata"

- Analisi di strutture proteiche e siti di legame proteici
- Identificazione di siti di legame modulari e analisi di motivi strutturali per nucleotidi in strutture proteiche

01/03/2011 –
30/09/2011

Internship all'estero come Dottorando

Laboratorio del Dr. Peer Bork, European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg, Germania

- Analisi della conservazione e coevoluzione di modifiche proteiche post-traduzionali

01/10/2007 –
02/10/2009

Laurea Magistrale in Bioinformatica

Laboratorio della Prof. Manuela Helmer Citterich, Università di Roma "Tor Vergata"

- Identificazione e caratterizzazione funzionale di siti di legame per il fosfato in strutture proteiche
- Laurea conseguita con il punteggio di 110/110 *cum laude*
- Premio "Sebastiano e Rita Raeli" (2010) per i risultati conseguiti durante gli studi all'Università di Roma "Tor Vergata"

01/10/2004 –
19/07/2007

Laurea Triennale in Biologia Molecolare e Cellulare

Laboratorio della Prof. Manuela Helmer Citterich, Università di Roma "Tor Vergata"

- Analisi di motivi strutturali conservati e condivisi tra proteine non omologhe
- Laurea conseguita con il punteggio di 110/110 *cum laude*

Pubblicazioni
Partecipazioni
a conferenze e
associazioni

- **Parca, L.**, Gherardini, P. F., Helmer-Citterich, M., & Ausiello, G. (2011). Phosphate binding sites identification in protein structures. *Nucleic acids research*, 39(4), 1231–42.
- **Parca, L.**, Mangone, I., Gherardini, P. F., Ausiello, G., & Helmer-Citterich, M. (2011). Phosfinder: a web server for the identification of phosphate-binding sites on protein structures. *Nucleic acids research*, 39 (Web Server issue), W278–82.
- Minguez, Pablo, **Parca, L.**, Diella, F., Mende, D. R., Kumar, R., Helmer-Citterich, M., Gavin, A.-C., et al. (2012). Deciphering a global network of functionally associated post-translational modifications. *Molecular Systems Biology*, 8(599), 1–14.
- Minguez, P., Letunic, I., **Parca, L.**, & Bork, P. (2012). PTMcode: a database of known and predicted functional associations between post-translational modifications in proteins. *Nucleic Acids Research*, 41 (D1): D306-D311.
- **Parca, L.**, Gherardini, P. F., Truglio, M., Mangone, I., Ferrè, F., Helmer-Citterich, M., & Ausiello, G. (2012). Identification of nucleotide-binding sites in protein structures: a novel approach based on nucleotide modularity. *PloS one*, 7(11), e50240.
- **Parca, L.**, Ferrè, F., Ausiello, G., Helmer-Citterich, M. (2013). Nucleos: a web server for the identification of nucleotide-binding sites in protein structures. *Nucleic acids research*, 41 (Web Server issue), W281-5.
- Minguez, P., Letunic, I., **Parca, L.**, Garcia-Alonso, L., Dopazo, J., Huerta-Cepas, J., Bork, P. (2014). PTMcode v2: a resource for functional associations of post-translational modifications within and between proteins. *Nucleic acids research*, 43 (Web Server issue), D494-D502.
- Mackmull, M. T., Iskar, M., **Parca, L.**, Singer, S., Bork, P., Ori, A., Beck, M. (2015). Histone Deacetylase Inhibitors (HDACi) Cause the Selective Depletion of Bromodomain Containing Proteins (BCPs). *Molecular & Cellular Proteomics*, 14, 1350-1360.
- von Appen, A., Kosinski, J., Sparks, L., Ori, A., DiGuilio, A.L., Vollmer, B., Mackmull, M.T., Banterle, N., **Parca, L.**, Kastiris, P., Buczak, K., Mosalaganti, S., Hagen, W., Andres-Pons, A., Lemke, E.A., Bork, P., Antonin, W., Glavy, J.S., Bui, K.H., Beck, M. (2015) In situ structural analysis of the human nuclear pore complex. *Nature*, 526, 140-143.
- Ori, A., Iskar, M., Buczak, K., Kastiris, P., **Parca, L.**, Andrés-Pons, A., Singer, S., Bork, P., and Beck, M. (2016) Spatiotemporal variation of mammalian protein complex stoichiometries. *Genome Biology*, 17:47, DOI 10.1186/s13059-016-0912-5.
- Betts, M., Wichmann, O., Utz, M., Andre, T., Petsalaki, E., Minguez, P., **Parca, L.**, Roth, P.R., Gavin, A.C., Bork, P., Russell, R.B. (2017) Systematic identification of phosphorylation-mediated protein interaction switches. *PloS Computational Biology* (13), 3: e1005462.
- Buczak, K., Ori, A., Kirkpatrick, J.M., Holzer, K., Dauch, D., Roessler, S. Endris, V., Lasitschka, F., **Parca, L.**, Schmidt, A., Zender, L., Schirmacher, P., Krijgsvelde, J., Singer, S., Beck, M. (2018) Spatial Tissue Proteomics Quantifies Inter-and Intratumor Heterogeneity in Hepatocellular Carcinoma (HCC). *Molecular and Cellular Proteomics*, 17 (4): 810-825.
- **Parca, L.**, Beck, M., Bork, P., Ori, A. (2018) Quantifying compartment-associated variations of protein abundance in proteomics data. *Molecular Systems Biology*, 14: e8131.
- **Parca, L.**, Ariano, B., Cabibbo, A., Paoletti, M., Tamburrini, A., Palmeri, A., Ausiello, G., Helmer Citterich, M. (2018) Kinome-wide identification of phosphorylation networks in Eukaryotic proteomes. *Bioinformatics*, 35 (3): 372-379.
- **Parca, L.**, et al. (2019) Modeling cancer drug response through drug-specific informative genes (in review). *Scientific Reports* 9 (1): 15222.
- Adinolfi, M., Pietrosanto, M., **Parca, L.**, Ausiello, G., Ferrè, F., Helmer-Citterich, M. (2019). Discovering sequence and structure landscapes in RNA interaction motifs. *Nucleic Acids Research* 47 (10): 4958-4969.
- Pettrizzelli, F., Biagini, T., Barbieri, A., **Parca, L.**, Panzironi, N., Castellana, S., Caputo, V., Vescovi, A.G., Carella, M., Mazza, T. Mechanisms of pathogenesis of missense mutations on the KDM6A-H3 interaction in type 2 Kabuki Syndrome. *Computational and Structural Biotechnology Journal* 18: 2033-2042.
- Mihaly Varadi, ..., **Luca Parca**, ..., PDB-KE consortium (2020) PDB-KE: a community-driven resource for structural and functional annotations. *Nucleic Acids Research* 48 (D1): D344-D353.
- Anna Panza, Stefano Castellana, Giuseppe Biscaglia, Ada Piepoli, **Luca Parca**, Annamaria Gentile, Anna Latiano, Tommaso Mazza, Francesco Perri, Angelo Andriulli, Orazio Palmieri (2020) Transcriptome and Gene Fusion Analysis of Synchronous Lesions Reveals IncMRPS31P5 as a Novel Transcript Involved in Colorectal Cancer. *International Journal of Molecular Sciences* 21 (19): 7120.
- **Luca Parca**, Mauro Truglio, Tommaso Biagini, Stefano Castellana, Francesco Pettrizzelli, Daniele Capocefalo, Ferenc Jordan, Massimo Carella, Tommaso Mazza (2020). Pyntacle: a parallel computing-enabled framework for large-scale network biology analysis. *GigaScience* 9 (10): g1aa115.
- V Ferradini, **L Parca**, A Martino, C Lanzillo, E Silvetti, L Calò, S Caselli, G Novelli, M Helmer-Citterich, FC Sangiuolo (2021). Variants in MYH7 Gene Cause Arrhythmogenic Cardiomyopathy. *Genes* 12 (6): 793.
- Stefano Castellana, Tommaso Biagini, Francesco Pettrizzelli, **Luca Parca**, Noemi Panzironi, Viviana Caputo, Angelo Luigi Vescovi, Massimo Carella, Tommaso Mazza (2021). MitImpact 3: modeling the residue interaction network of the Respiratory Chain subunits. *Nucleic Acids Research* 49 (D1): D1282-D1288.
- Lucia Ntarelli, **Luca Parca**, Tommaso Mazza, Christian Weber, Fabio Virgili, Deborah Fratantonio (2021) MicroRNAs and long non-coding RNAs as potential candidates to target specific motifs of SARS-CoV-2. *Non-coding RNA* 7 (1): 14.
- Sebastiano Giallongo, Oriana Lo Re, Gabriela Lochmanová, **Luca Parca**, Francesco Pettrizzelli, Zbyněk Zdráhal, Tommaso Mazza, Manlio Vinciguerra (2021) Phosphorylation within Intrinsic Disordered Region Discriminates Histone Variant macroH2A1 Splicing Isoforms—macroH2A1. 1 and macroH2A1. 2. *Biology* 10 (7): 659.
- Stefano Castellana, Tommaso Biagini, **Luca Parca**, Francesco Pettrizzelli, Salvatore Daniele Bianco, Angelo Luigi Vescovi, Massimo Carella, Tommaso Mazza (2021). A comparative benchmark of classic DNA motif discovery tools on synthetic data. *Briefings in Bioinformatics* 22 (6): bbab303.
- Simone Di Sanzo, Katrin Spengler, Anja Leheis, Joanna M Kirkpatrick, Theresa L Rändler, Tim Baldensperger, Therese Dau, Christian Henning, **Luca Parca**, Christian Marx, Zhao-Qi Wang, Marcus A Glomb, Alessandro Ori, Regine Heller (2021) Mapping protein carboxymethylation sites provides insights into their role in proteostasis and cell proliferation. *Nature Communications* 12, 1: 6743.
- G Pepe, A Guarracino, F Ballesio, **L Parca**, G Ausiello, M Helmer-Citterich (2022). Evaluation of potential miRNA sponge effects of SARS genomes in human. *Non-coding RNA Research* 7 (1): 48-53.
- Gerardo Pepe, Chiara Carrino, **Luca Parca**, Manuela Helmer-Citterich (2022). Dissecting the Genome for Drug Response Prediction., *Data Mining Techniques for the Life Sciences*: 187-196.
- Di Fraia, D., Anitei, M., Mackmull, M.T., **Parca, L.**, Behrendt, L., Andres-Pons, A., Gilmour, D., Helmer Citterich, M., Kaether, C., Beck, M. Ori, A. (2022) Conserved exchange of paralog proteins during neuronal differentiation. *Life Science alliance* 5 (6): e202201397.
- Gerardo Pepe, **Luca Parca**, Lorenzo Viviani, Gabriele Ausiello, Manuela Helmer-Citterich (2022). Variation in the co-expression profile highlights a loss of miRNA-mRNA regulation in multiple cancer types. *Non-coding RNA Research* 7 (2): 98-105.
- Salvatore Daniele Bianco, **Luca Parca**, Francesco Pettrizzelli, Tommaso Biagini, Agnese Giovannetti, Niccolò Liorni, Alessandro Napoli, Massimo Carella, Vincent Procaccio, Marie T Lott, Shiping Zhang, Angelo Luigi Vescovi, Douglas C Wallace, Viviana Caputo, Tommaso Mazza (2023). APOGEE 2: multi-layer machine-learning model for the interpretable prediction of mitochondrial missense variants. *Nature Communications* 14 (1): 5058.

- Componente dello Scientific Organization Committee per il workshop "A tavola nello spazio: Produzione, conservazione e preparazione di cibo".
- Chair ASI (2023) – Workshop "Potenzialità e opportunità di sviluppo di sistemi "Lab-on-Chip" in ambito spazio".
- Chair ASI (2023) – Workshop "Biomedicina Spaziale per le future missioni di esplorazione umana dello spazio: a call to action".
- Relatore all'evento POIWG #51. Presentazione dal titolo "OVOSPACE: Investigating how microgravity can affect developmental processes in ovarian cells"
- Delegato Italiano alla 65° sessione del COPUOS. Presentazione dal titolo "The Italian scientific research activity in the Minerva mission".
- Poster and flash talk: Parca L., Computational approach for the identification of kinomes and kinase-specific phosphorylations in eukaryotic proteomes. SIBBM 2018, Rome, Italy.
- Talk: "Phosphate-binding sites identification in unbound protein structures". BITS conference 14-16 April 2010, Bari, Italy
- Parca L., Gherardini P.F., Helmer Citterich M. and Ausiello G. (2009). Identification of phosphate binding sites in protein structures. BITS conference, 18-20 March 2009, Genova, Italy
- Gherardini P.F., Parca L., Bianchi V., Truglio M., Ausiello G., Helmer-Citterich M. (2010). Using local structural similarity to predict binding sites and increase the affinity of exiting ligands. Neglected Protozoan Diseases conference, 24 September 2010, Paris, France
- Reviewer per PLOS Computational Biology
- Reviewer per PLOS One
- Reviewer per Bioinformatics
- Reviewer per ISBRA 2010
- Reviewer per ICCABS 2011
- Reviewer per ISMB/ECCB 2011
- Reviewer per ISMB 2012
- Reviewer per ECCB 2012

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiana

Lingue straniere	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTE
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Inglese	C1	C1	C1	C1	C1
Tedesco	A1	A1	A1	A1	A1

Livelli: A1/2: Utente base - B1/2: Utente autonomo - C1/2 Utente avanzato
 Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue

Competenze comunicative

- Buone competenze comunicative maturate durante conferenze, seminari (poster e presentazioni) e lezioni di corso.
- Buone competenze di insegnamento maturate durante il supporto all'insegnamento dei corsi di Biologia Cellulare e Molecolare e Bioinformatica presso l'Università di Roma "Tor Vergata".
- Responsabilità come co-relatore e relatore interno per diversi studenti della Laurea Magistrale in Bioinformatica presso l'Università di Roma "Tor Vergata"

Competenze organizzative e gestionali

- Design di esperimenti e test bioinformatici
- Analisi di dati, statistica e modeling per il miglioramento del design degli esperimenti.
- Design di approcci di machine learning adatti al tipo dei dati analizzati
- Scrittura, valutazione e revisione di paper scientifici per riviste e/o conferenze.

Competenze computazionali

Generali:

- Microsoft Office e Openoffice tools
- Sistemi operativi Windows, Mac OS e Linux (Ubuntu)
- Linguaggi HTML e CSS e ambiente CGI

Programmazione:

- Python
- C
- R

Analisi e visualizzazione dati:

- R e altri tools per l'analisi statistica (ad esempio biopython, Bioconductors)
- Inkscape
- Cytoscape

Analisi e visualizzazione strutturale e molecolare:

- UCSF Chimera, Pymol
- Autodock, Haddock
- FoldX suite

Proteomica:

- MaxQuant

Trascrittomica:

- Analisi (normalizzazione, quality check e visualizzazione) di dati RNA-seq and ChIP-seq (ad esempio deepTools, Galaxy, samTools, PeakSeq, MACS2 etc.)

Patente di guida

- B