

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome	ZARA IVANO
Indirizzo	5, VIA MONTE CRISTALLO, 30020 MARCON (VE)
Telefono	041 4567178 – 349 867 1844
Fax	
E-mail	Ivano.zara.bio@gmail.com
Nazionalità	Italiana
Data di nascita	02 maggio 1948

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- | | |
|---|--|
| 1)• Date | Gen.2002- mar.2005 |
| • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione | Università degli Studi di Padova |
| • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio | Bioinformatica, Biologia molecolare, Genetica, Biotecnologie.
Studio di interazioni proteiche utilizzando una tecnologia denominata “Amplified Luminescent Proximity Homogeneous Assay” (Alphascreen) (vedi pubblicazione) .

Progetto per la realizzazione di un kit per la tipizzazione dell’HLA per uso diagnostico diretto dal prof. Giorgio Valle:
- Studio della reazione di ibridazione e sviluppo di programmi informatici, utilizzando i linguaggi PERL e C++, per la caratterizzazione dei parametri termodinamici della reazione di ibridazione tra oligonucleotidi (entropia, entalpia, temperatura di melting, frazione di duplex, probailità di formazione di dimeri ed hayrpin), indirizzati, in particolare, all’analisi di sequenze alleliche di HLA ed individuazione sperimentale di SNPs (single nucleotide polymorphism). |
| • Qualifica conseguita | Dottorato in Biotecnologie |
| 2)• Date | 1995-2001 |
| • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione | Università degli Studi di Padova |
| • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio | Biologia molecolare, Genetica, Biotecnologie.
Tesi di laurea: “Individuazione di forme alternative di maturazione di trascritti in muscolo scheletrico umano” (relatore prof. Giorgio Valle).
Metodi di ricerca utilizzati: ligazione e clonaggio di prodotti di PCR in vettori plasmidici e d’espressione; digestione enzimatica; estrazione e purificazione di DNA genomico e plasmidico; sequenziamento di trascritti completi utilizzando il vaglio di librerie di cDNA umane e murine; utilizzo della tecnica della PCR su vasta scala per il vaglio di librerie di cDNA.
Elaborazione di software per l’individuazione di forme alternative dai database di sequenze di EST. |
| • Qualifica conseguita | Laurea in Scienze Biologiche, indirizzo Biologico Molecolare. (110 e lode) |
| 3)• Date | 1971-1975 |
| • Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione | Istituto Tecnico Pacinotti di Mestre |
| • Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio | Elettrotecnica, Misure elettriche, Impianti elettrici. |
| • Qualifica conseguita | Diploma di Perito Industriale Capotecnico spec. Elettrotecnica. (voto 60/60) |

ESPERIENZA LAVORATIVA

- 1)• Date**
• datore di lavoro
• Tipo di azienda o settore
• Tipo di impiego
• Principali mansioni e responsabilità
- 2014 - 2016
BMR Genomics
Biologia, analisi del DNA
Collaborazioni
Sviluppo di software per realizzare data base di varianti genomiche e sviluppo di applicazioni per mettere in relazione polimorfismi genomici di singoli individui con le relative frequenze e associazioni patologiche conosciute.
- 2)• Date**
• datore di lavoro
• Tipo di azienda o settore
• Tipo di impiego
• Principali mansioni e responsabilità
- Anni accademici dal 2005/2006 al 2011/2012
Università di Padova
Istruzione e ricerca
Professore a contratto
Docente del corso di Bioinformatica I, laurea di primo livello in Biologia Molecolare
- 3)• Date**
• datore di lavoro
• Tipo di azienda o settore
• Tipo di impiego
• Principali mansioni e responsabilità
- Set-2005 Ago-2006; Set-2006 Ago-2007; Gen-2008 Ago-2008
CRIBI, Dipartimento di Biologia, Università di Padova
Ricerca scientifica
Collaborazione Coordinata Continuativa
Elaborazione e costruzione di programmi informatici per la progettazione di sonde oligonucleotidiche da impiegare nelle reazioni di ibridazione.
Sviluppo di un programma informatico per la simulazione della reazione di PCR in silico contro tutti gli alleli HLA.
Studio di interazioni proteiche con tecniche quali 'Alphascreen' e Time-resolved FRET per la caratterizzazione di interazione proteiche muscolari, in collaborazione con il ICGEB di Trieste (dott.sa Faulkner) e Department of Pathology and Neuroscience Program, Biomedicum Helsinki (Olli Carpen) (vedi pubblicazione).
Studio di espressione genica in muscolo scheletrico mediante la tecnica di real-time PCR
- Collaborazione al Progetto di ricerca "Sequenziamento e caratterizzazione funzionale del genoma di vite" con la messa a punto di tecniche per l'amplificazione del DNA e di fingerprinting e creazione di programmi informatici per la progettazione di sonde nucleotiche per microarray
- Sviluppo di tecniche per la tipizzazione dell'HLA mediante sequenziamento (locus A e B) e creazione di programmi informatici per:
- allineamento di sequenze alleliche HLA;
- tipizzazione dell'HLA mediante sequenziamento;
- progettazione di primer per amplificazione e sequenziamento di ribosomi microbici
- 4)• Date**
• datore di lavoro
• Tipo di azienda o settore
• Tipo di impiego
• Principali mansioni e responsabilità
- Anno accademico 2003/2004
Università di Padova
Istruzione e ricerca
Collaboratore didattico
Attività di supporto all'insegnamento di Bioinformatica II per il Corso di Laurea di primo livello in Biologia Molecolare
- 5)• Date**
• datore di lavoro
• Tipo di azienda o settore
• Tipo di impiego
• Principali mansioni e responsabilità
- 1969-1996
Ferrovie dello Stato
Trasporto
Capo Tecnico Sovrintendente
In differenti periodi:
Responsabile dell'Ufficio Tecnico e del Personale
Responsabile dell'Ufficio Organizzazione del Lavoro
Responsabile dell'Ufficio Manutenzione
Dirigente di squadre manutenzione rotabili
Collaborazione a livello nazionale per l'informatizzazione delle officine manutenzione rotabili
Informatizzazione delle officine manutenzione rotabili di Venezia, Treviso, Padova e Trieste con la creazione di programmi informatici per la gestione degli ordinativi di lavoro, la presenza del personale e gli archivi dei rotabili.

CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI

CAPACITÀ E COMPETENZE TECNICHE BIOTECNOLOGICHE

Utilizzo delle metodiche fondamentali di Ingegneria Genetica, maturate durante il dottorato e le collaborazioni con il CRIBI (università di Padova):

- ligazione e clonaggio di prodotti di PCR in vettori plasmidici e d'espressione;
- digestione enzimatica;
- estrazione e purificazione di DNA genomico e plasmidico.
- Sequenziamento di trascritti completi utilizzando il vaglio di librerie di cDNA umane e murine.
- Eccellente conoscenza della reazione di PCR e sua messa a punto (utilizzata anche su vasta scala per il vaglio di librerie di cDNA)
- Real-Time PCR
- Clonaggio genico con la tecnica 'Gateway' per l'espressione di proteine ricombinanti (maturato durante il dottorato).
- microscopia a confocale
- western-blot

Uso delle tecniche "Amplified Luminescent Proximity Homogeneous Assay" (Alphascreen) e "Time-resolved" (FRET) per lo studio di interazione proteiche in soluzione. (Maturate durante le collaborazioni con l'Università di Padova)

CAPACITÀ E COMPETENZE INFORMATICHE E BIOINFORMATICHE

- Conoscenza di base dei sistemi operativi DOS, Windows e Linux.
- Conoscenza dei linguaggi di programmazione C++, Perl, Clipper (con questi linguaggi ho costruito i programmi descritti)
- Buona conoscenza dei pacchetti Microsoft (Word, Excel, Power Point)
- Buona conoscenza dei programmi di allineamento di sequenze Blast, Clustalw, Fasta
- Buona conoscenza dei database biologici e relativi tool di interrogazione quali IMGT-HLA, OMIM, GeneBank, RefSeq, UniGene, Swiss-Prot, Genome-Browser ecc.

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Poloni G, Calore M, Rigato I, Marras E, Minervini G, Mazzotti E, Lorenzon A, Li Mura IEA, Telatin A, Zara I, Simionati B, Perazzolo Marra M, Ponti J, Occhi G, Vitiello L, Daliotto L, Thiene G, Basso C, Corrado D, Tosatto S, Bauce B, Rampazzo A, De Bortoli M. **A targeted next-generation gene panel reveals a novel heterozygous nonsense variant in the TP63 gene in patients with arrhythmogenic cardiomyopathy.** *Heart Rhythm*. 2019 May;16(5):773-780.

Feltrin E, Campanaro S, Diehl AD, Ehler E, Faulkner G, Fordham J, Gardin C, Harris M, Hill D, Knoell R, Laveder P, Mitterpergher L, Nori A, Reggiani C, Sorrentino V, Volpe P, Zara I, Valle G, Deegan Née Clark J. **Muscle Research and Gene Ontology: New standards for improved data integration.** *BMC Med Genomics*. 2009 Jan 29;2:6.

Pernilla von Nandelstadh, Mohamed Ismail, Chiara Gardin, Heli Suila, Ivano Zara, Anna Belgrano, Giorgio Valle, Olli Carpen, and Georgine Faulkner. **A class III PDZ binding motif in myotilin and FATZ families binds Enigma family proteins – a common link for Z-disc myopathies**
Mol. Cell. Biol. published ahead of print on 1 December 2008, doi:10.1128/MCB.01454-08

Lexa, M., Martinek, T., Beck, P., Fučík, O., Valle, G., Zara, I. **Genomic PCR simulation with hardware-accelerated approximate sequence matching.** In *Proceedings 21st European Conference on Modelling and Simulationxxx*. Praha : ECMS, 2007. ISBN 978-0-9553018-2-7, pp. 333-338. 4.6.2007, Praha.

Kojic, S., Medeot, E., Guccione, E., Krmac, H., Zara, I., Martinelli, V., Valle, G., Faulkner, G. **The Ankr2 Protein, a Link Between the Sarcomere and the Nucleus in Skeletal Muscle** *Journal of Molecular Biology* 339 : 313-25 (2004)

Zara I., Albiero A., Simionati B., Dal Pero , and Valle G. **454 Variant Detector: a new blast-based pipeline for low frequencies INDELs detections on 454 data.**

BITS 2011 - Bioinformatics Italian Society Meeting, June 20-22 2011 Pisa- Italia

Ismail M., Gardin C., Zara I., Belgrano A., Martinelli V., Von Nandelstath P., Valle G., Carpen O., Faulkner G. **News about the FATZ family (calsarcin/myozenin).** *EMC (European Muscle Congress), 8-12 settembre 2007, Stoccolma, Svezia.*

Mittempergher L., Caselle M., Corà D., Picelli S., Gardin C., Zara I., Colluto L., Valle G. and Campanaro S. **Differential expression analysis in fast and slow mouse muscle.** *EMC (European Muscle Congress), 8-12 settembre 2007, Stoccolma, Svezia.*

Campagna D., Feltrin E., Forner F., Gardin C., Mittempergher L., Vitulo N. and Zara I. **Muscle Gene Ontology, Z-Disc protein interactions and Oligo design tools.** *XIV Telethon Convention, 12-14 marzo 2007, Salsomaggiore Terme (PR), Italia.*

Faulkner G., Zara I., Medeot E., Martinelli V., Gardin C., Valle G. **Protein Interactions in the Sarcomere.** *10th International Congress of the World Muscle Society, 28 settembre-1 ottobre 2005, Iguassu Falls, Brasile.*

Zara I., Campagna D., Gardin C., Lanfranchi G. and Valle G. **Functional Genomics of Skeletal and Cardiac Muscle.** *XIII Telethon Convention, 6-8 marzo 2005, Salsomaggiore Terme (PR), Italia.*

Lexa, M., Zara, I., Valle G. **PRIMEX 1.0 and VPCR 2.0: Processing genomic sequence data for efficient and accurate simulation of PCR reactions with genomic DNA as template** *BITS 2003 - Bioinformatics Italian Society Meeting- Roma, March 28-29 2003*

Zara, I., Schiavon , R., Valle, G. **Development of new bioinformatic tools to analyze the HLA genetic system** *BITS 2003 - Bioinformatics Italian Society Meeting- Roma, March 28-29 2003*

Siti dove sono citato:

<https://www.ebi.ac.uk/biomodels-static/tools/melting/melting.html>

ULTERIORI INFORMAZIONI

Correlatore di tesi di laurea in Scienze Biologiche:

anno 2007: "Tipizzazione HLA mediante sequenziamento" Laureando Tamai, relatore prof. Giorgio Valle

anno 2003/2004 "Studi di interazione proteina-proteina nel sarcomero" Laureanda Chiara Gardin, relatore prof. Giorgio Valle

anno: 2002/2003 "Analisi di interazioni tra proteine muscolari mediante una nuova tecnica di luminescenza". Laureanda Francesca Succol, relatore prof. Giorgio Valle

Molti dei programmi da me sviluppati sono accessibili on-line all'indirizzo:

<http://bioinformatics.cribi.unipd.it/promix/>

http://biozarivan.it/dna_promix/

In particolare:

- Tools per lo studio dell'ibridazione di oligonucleotidi di DNA e reazioni di PCR ([Oligo Melting](#), [PCR Primer Analysis](#), [Genomic PickPrimer](#), [Sequence PickPrimer](#), .
- Tool per lo studio dell'HLA (HLA Alignment & Browser, Thermodynamic Align Primer to HLA sequence, HLA allele PCR, SBTyping (in costruzione)
- [ABI Chromatogram](#) che permette di visualizzare i cromatogrammi di sequenze nucleotidiche online, [Chromatogram Align](#) allinea cromatogrammi con un reference.
- Tools conversioni formato varianti, allineamento sequenze trascritti/genomico con polimorfismi, conversioni release genomiche.