

CV Vincenzo Aurilia

25/3/1986: Laurea in Scienze Biologiche conseguita presso l'Università di Napoli Federico II

1988: Abilitazioni professionale Biologo, conseguita presso l'Università di Napoli Federico II

30/10/1992: Specializzazione Microbiologia, conseguita presso la I Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università di Napoli Federico II

1/1990 - 1/1992 Borsista MISM-C.N.R. presso l'Istituto per l'Adattamento dei Bovini e Bufali all'Ambiente del Mezzogiorno (I.A.B.B.A.M.; attuale ISPAAM) del C.N.R. sito in Ponticelli (NA) in qualità di vincitore di una Borsa di Studio per il Mezzogiorno di durata biennale, bandita ai sensi della Legge 1 agosto 1988 n. 326 per ricerche nel campo delle discipline afferenti al Comitato Nazionale per le Scienze Agrarie. Ha sviluppato un progetto riguardante la tematica "Genoma del Bufalo". Nello stesso periodo ha collaborato con il gruppo diretto dal Prof. G. Marino del Dipartimento di Chimica Organica e Biologica dell'Università di Napoli Federico II. Durante tale periodo ha condotto uno screening di una library di cDNA da cuore bovino isolando e caratterizzando i cloni codificanti per gli isoenzimi citoplasmatico e mitocondriale dell'aspartato amminotrasferasi.

2/1992 - 8/1994 Ha continuato la collaborazione con il gruppo diretto dal Prof. G. Marino del Dipartimento di Chimica Organica e Biologica, Università di Napoli Federico II, interessandosi all'analisi dei polimorfismi dei geni codificanti per le catene alfa e beta dell'emoglobina di bufalo.. Inoltre, nello stesso periodo, ha collaborato con il gruppo diretto dal Prof. G. Sannia, dello stesso Dipartimento occupandosi del clonaggio del gene codificante per l'enzima ligninolitico laccasi dal fungo basidiomicete *Pleurotus ostreatus*.

9/1994 - 3/1998 Ricercatore a contratto (ex art.23) presso lo IABBAM-C.N.R. (attuale ISPAAM), nell'ambito della tematica "Biotecnologie nelle produzioni animali". Da tale periodo ha cominciato ad interessarsi della degradazione dei polisaccaridi della parete cellulare delle piante da parte dei microorganismi del rumine bovino e bufalino.

3/1996 - 3/1998 Ha svolto attività di ricerca presso il Laboratorio di Genetica Microbica, diretto dal Prof. Harry J. Flint, del Rowett Research Institute-Aberdeen-Scozia-U.K., in quanto vincitore di due borse di studio CEE-TMR (Training and Mobility of Researchers: Contratti n°FAIR-CT96-5016 e FAIR-CT97-5007) nel programma specifico Agriculture and Fisheries. I suoi progetti hanno riguardato lo studio della degradazione di matrici polisaccaridiche complesse attuata da batteri anaerobi del rumine, in particolare *Ruminococcus flavefaciens*, mediante colture in terreni specifici atti a studiarne l'induzione di enzimi polisaccarolitici. Parallelamente, ha studiato i geni del suddetto batterio correlati alla degradazione dei polisaccaridi della parete cellulare delle piante, ed in particolare l'organizzazione e la regolazione di cluster genici implicati nella utilizzazione dello xilano, con l'isolamento di geni codificanti attività destrutturanti lo xilano (acetil xilan esterasi, arabinofuranosidasi, glucuronidasi) da diversi ceppi del batterio *Ruminococcus flavefaciens*. Inoltre, ha definito, a livello molecolare, il complesso multienzimatico "Cellulosoma". Questi studi hanno notevoli ricadute per applicazioni biotecnologiche in vari campi. Inoltre, l'impatto dei risultati delle ricerche sul cellulosoma è stato tale da consentire l'attivazione di collaborazioni con gruppi di ricerca internazionali.

Marzo 1999: Vincitore di una Borsa di Studio della OECD (Organisation for Economic Cooperation and Development), per il Theme2: Quality of Animal Production. Reduction of animal waste through improvement of digestion including use of probiotics, optimisation of rumen functions and metabolism, con un progetto dal titolo: "Plant cell wall degrading enzymes in the rumen bacteria *Ruminococcus flavefaciens*". L'attività è stata svolta presso il Rowett Research Institute, Aberdeen

(Scozia)-UK, con la supervisione del Dr. Harry J. Flint. I risultati conseguiti durante tale periodo hanno consentito la definizione della completa sequenza del gene CesA codificante una acetil xilan esterasi, e hanno contribuito allo studio, a livello molecolare, del complesso multienzimatico cellulosoma dal batterio anaerobio del rumine *Ruminococcus flavefaciens*.

Dal 4/1998 - presente: ricercatore C.N.R. a tempo indeterminato.

4/1998 - 9/2002: ricercatore presso IABBAM-CNR (attuale ISPAAM) Ponticelli (NA), dove si è interessato allo studio della microflora del rumine, in particolare all'azione degli enzimi e dei relativi geni coinvolti nella degradazione della lignocellulosa prodotti dal batterio del rumine *Ruminococcus flavefaciens*. In questo periodo è stato responsabile di Progetti di ricerca nazionali: (a) "Idrolisi e modificazione enzimatica di matrici polisaccaridiche non digeribili presenti in prodotti dell'industria alimentare umana e zootecnica, per l'ottenimento di sostanze ad aumentato standard nutrizionale" finanziato dalla Regione Campania, Legge 31/12/1994 no. 41-art.3 comma 1, annualità 1999. Nell'ambito di tale progetto sono stati utilizzati approcci sperimentali microbiologici, biochimici e di ingegneria genetica per l'ottenimento in larga scala di enzimi polisaccarolitici. Sono stati clonati i geni per glicosil idrolasi e xylan acetyl esterasi dal batterio del rumine *Ruminococcus flavefaciens* e da *Sulfolobus solfataricus*. Sono state espresse in *E.coli* gli enzimi ricombinanti e effettuati studi di enzimologia per caratterizzarne la loro azione catalitica; (b) "Qualità dei foraggi e benessere animale: componenti antinutrizionali e principi bioattivi di specie spontanee dei pascoli e rivalutazione della fitoterapia animale"- ANFIT, Finanziato dal MIPAF. L'attività svolta in tale progetto ha riguardato la valutazione dell'effetto di sostanze tanniche e flavonoidi sulla crescita di microrganismi del rumine.

9/2002 - 1/2010: ricercatore presso l'Istituto di Biochimica delle Proteine del CNR di Napoli dove ha continuato lo studio della degradazione enzimatica dei polisaccaridi da parte del batterio *Ruminococcus flavefaciens*. Ha collaborato attivamente con i gruppi del suo istituto e con Istituzioni straniere come il Rowett Research Institute di Aberdeen, Scozia-UK e con il Weizmann Institute, Israele. Tali collaborazioni hanno permesso di chiarire ulteriormente le interazioni a livello molecolare tra proteine componenti il complesso multienzimatico cellulosoma dal batterio anaerobio *Ruminococcus flavefaciens*. Si è inoltre interessato alla degradazione delle matrici polisaccaridiche da parte del batterio termofilo *Sulfolobus solfataricus*. In tale contesto ha studiato due geni codificanti enzimi specifici per la degradazione di oligosaccaridi ed attivi su matrici polisaccaridiche complesse, al fine di ottenere oligosaccaridi per uso alimentare umano, e ha clonato e caratterizzato un gene codificante per una carboidrato esterasi. Si è occupato, inoltre, delle possibili applicazioni biotecnologiche degli enzimi presenti anche in batteri psicrofili. Ha clonato il gene codificante una acetil esterasi dal batterio psicrofilo *Pseudoaltermonas haloplanktis* TAC125 e ne ha espresso la proteina ricombinante. Inoltre, sono stati effettuati studi funzionali e strutturali sia sulla proteina wild-type che su un suo mutante. Oltre alle caratterizzazioni genetiche mediante clonaggio dei geni, ha espresso e purificato proteine ricombinanti, e loro mutanti, come trealose/maltose binding protein, D-galactose/D-glucose binding protein e bovine odorant binding protein, utilizzate come biosensori, con le quali sono state effettuate analisi di enzimologia, struttura e funzionalità anche mediante tecniche spettroscopiche.

Dal 2005 al 2010 ha fatto parte della commessa del Dipartimento Agroalimentare, Modulo AG.P05.001.001 (A), Progettazione e Sviluppo di Biochip per la Sicurezza Alimentare e Salute Umana (Responsabile Dr. Sabato D'Auria).

6/2010 - presente: ricercatore presso l'ISAFoM-CNR, Portici (NA), dove sta studiando la microflora del suolo e della rizosfera delle piante con metodiche biomolecolari. La definizione delle popolazioni batteriche presenti in particolare nella rizosfera riveste notevole importanza per le potenziali attività promotrici di crescita delle piante possedute dalle suddette popolazione batteriche. Da suolo e rizosfera ha effettuato esperimenti di estrazione diretta di DNA e di messa in

coltura di batteri del suolo e rizosfera, ottenendo miscele di popolazioni batteriche, che sono state successivamente caratterizzate mediante sequenziamento della regione 16S rDNA. Grazie alle analisi metagenomiche sono state così definite le varie famiglie batteriche presenti. Le competenze acquisite gli hanno consentito di partecipare e/o essere responsabile di UO in vari progetti nazionali e collaborare alle attività di altri ricercatori esperti nella genetica molecolare vegetale. In particolare, ha definito la biodiversità batterica del suolo nell'ambito del progetto DERFRAM, misura 124 Regione Campania e, nell'ambito del progetto GenopomPro, ha studiato il sistema del "Quorum sensing" nel batterio del suolo *Pseudomonas fluorescens* caratterizzando i geni coinvolti in questo processo e, successivamente, l'intero genoma. Inoltre, la sua attività di ricerca è dedicata alla determinazione della microflora batterica della rizosfera, mediante avanzate tecniche di genetica molecolare, per individuare i batteri promotori della crescita delle piante (PGPR) e studiarne alcuni geni coinvolti nei principali metabolismi del suolo. Ha partecipato al progetto E-Crops occupandosi del monitoraggio dei batteri della rizosfera di piante di pomodoro sottoposte a stress idrico e inoculate con funghi promotori della crescita. I risultati ottenuti hanno rappresentato il punto di partenza per ulteriori studi di approfondimento delle conoscenze sulla complessa relazione tra batteri, piante e funghi. Quest'attività di ricerca è stata caratterizzata da una stretta interazione anche con colleghi agronomi, rivelandosi funzionale ad ottenere una visione omica del sistema in esame. Le competenze di genetica molecolare hanno determinato il coinvolgimento del dott. Aurilia in una collaborazione internazionale, finalizzata alla caratterizzazione dei batteri della rizosfera presenti in piante tipiche delle zone saline e aride della Cina, al fine di isolare popolazioni microbiche con attività "growth promoting". Recentemente ha iniziato nuove sperimentazioni, sia in vitro che in ambienti controllati, che riguardano le attività dei batteri della rizosfera basati su approcci di Metatrascrittomica e Real Time PCR per comprendere, a livello molecolare, i geni coinvolti nell'interazione con la pianta, in collaborazione con i colleghi del CNR-IBBR (sede di Portici).

Dal **2019** partecipa al Centro ENI-CNR Agricoltura "Giampiero Maracchi" e, nell'ambito del Sottoprogetto 1 "Decarbonizzazione del sistema agricolo", si occupa della valorizzazione agronomica e biotecnologica delle acque dai reflui industriali.

2021-2025: partecipa a progetti PNRR-Agritech:

SPOKE 8: Circular economy in agriculture through waste valorization and recycling.

WP 8.1: Producing new products to upgrade waste value.

Task 8.1.2: Valorisation of the waste by biotechnology processes to obtain for high value molecules or new products.

Nell'ambito del Task 8.1.2, sono stati selezionati e isolati, su opportuni terreni di crescita, batteri della rizosfera di piante provenienti da zone aride e saline della Cina. Le selezioni hanno riguardato le attività polisaccarolitiche. Questo tipo di indagine è funzionale alla comprensione delle intricate relazioni che si instaurano nella rizosfera legate al metabolismo del carbonio e per potenziali applicazioni biotecnologiche

SPOKE 1: Plant, animal, and microbial genetic resources and adaptation to climatic changes

WP 1.2: Dissecting morpho-physiological and molecular mechanisms of adaptation

Task 1.2.4: Mechanisms underlying plant/animal-microbial interactions beneficial for tolerance.

Nel Task 1.2.4 sono stati caratterizzati batteri potenziali promotori della crescita in pianta (PGPB) con lo scopo di valutare e migliorare la tolleranza delle piante agli stress idrici e salini. Sono stati utilizzati consorzi batterici della rizosfera, isolati da piante che vivono in ambienti estremi di salinità e aridità.