

# Tadeo Enrique Saldaño

Fecha de nacimiento	19-08-1988 (Azul, Buenos Aires)
Nacionalidad	Argentina
Familia	Casado, 1 hija
Documento	DNI 34053714
CUIL	23-34053714-9
Correo electrónico	<a href="mailto:tadeoenriquesalda@gmail.com">tadeoenriquesalda@gmail.com</a> / <a href="mailto:tadeo.saldano@unq.edu.ar">tadeo.saldano@unq.edu.ar</a>
Domicilio	Obligado 718, Azul, Buenos Aires.
Teléfono	++54 9 11 57263204
Domicilio Laboral	Laboratorio de Química y Biología Computacional Departamento de Ciencia y Tecnología Universidad Nacional de Quilmes Roque Saenz Peña 180, 1876 Bernal
Teléfono laboral	++54 11 43657100 int 5659
ORCID ID	0000-0003-0017-4660

## ESTADO ACTUAL

- Profesor Instructor Biofísica, Área Bioquímica, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes, desde Marzo 2021 hasta Julio 2021.
- Profesor Instructor Fisicoquímica, Área Química, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes, desde Marzo 2014.

## ESTUDIOS UNIVERSITARIOS Y DE POSGRADO

- Técnico Laboratorista Universitario, Universidad Nacional de Quilmes – 2012.
- Licenciado en Biotecnología, Universidad Nacional de Quilmes -2012.
- Doctor en Ciencia y Tecnología de la Universidad Nacional de Quilmes – 2018.

## ANTECEDENTES EN DOCENCIA EN INVESTIGACIÓN Y BECAS OBTENIDAS

- Becas de grado para alumnos de la UNQ. 2008-2011.
- Becario Becas de Estímulo a las Vocaciones Científicas-Consejo Interuniversitario Nacional (CIN). “Identificación de redes de residuos dinámicamente importantes para la conservación evolutiva de la diversidad conformacional de proteínas” - Insertado en el Proyecto: Simulación de procesos moleculares de relevancia fisicoquímica y biológica. Código: PUNQ 0388-07(53/3003), 2011.
- Auxiliar Académico Área Química en la Universidad Nacional de Quilmes. Durante el 2012.
- Becario Becas Entrenamiento de la CIC. “Identificación de redes de residuos dinámicamente importantes para la conservación evolutiva de la diversidad conformacional de proteínas” - Insertado en el Proyecto: Simulación de procesos moleculares de relevancia fisicoquímica y biológica. Código: PUNQ 0388-07(53/3003), 2012.
- Beca Interna Doctoral – CONICET. Título plan de trabajo: Identificación de redes de residuos dinámicamente importantes para la conservación evolutiva de la diversidad conformacional de proteínas, 2013.
- Beca Movilidad entre la Università Degli Studi di Padova y la Universidad Nacional de Quilmes. 2015.
- Estadía de investigación como Investigador joven (Early Stage Researcher) dentro del proyecto “Driving functional characterization of intrinsically disordered proteins (IDPfun)”, Research and Innovation Staff Exchange (RISE) Call: H2020-MSCA-RISE-2017 (2018).
- Estadía de investigación como Investigador joven (Early Stage Researcher) dentro del proyecto “Repeat protein Function Refinement, Annotation and classification of Topologies (REFRACT)”, Research and Innovation Staff Exchange (RISE) Call: H2020-MSCA-RISE-2018 (2019).
- Postdoctorado en la Universidad Nacional de Quilmes – Beca Postdoctoral CONICET desde Abril 2018.

## PUBLICACIONES INTERNACIONALES CON REFERATO

1. **Saldaño T. E.**, Monzon A. M., Parisi G. and Fernandez-Alberti S. *Evolutionary Conserved Positions Define Protein Conformational Diversity*. PLOS Computational Biology 12(3): e1004775. doi: 10.1371/journal.pcbi.1004775 (2016).
2. Monzon A. M., Zea D. J., Fornasari M. S., **Saldaño T. E.**, Fernandez-Alberti S., Tosatto S. C. E. and Parisi S. *Conformational diversity analysis reveals three functional mechanisms in*

- proteins*. PLOS Computational Biology 13(2): e1005398. doi: 10.1371/journal.pcbi.1005398 (2017).
3. **Saldaño T. E.**, Zanotti G., Parisi G. and Fernandez-Alberti S. *Evaluating the effect of mutations and ligand binding on transthyretin homotetramer dynamics*. PLOS ONE 12(7): e0181019. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181019> (2017).
  4. Zanotti G., Vallese F., Ferrari A., Menozzi I., **Saldaño T. E.**, Fernandez-Alberti S., and Berni R.. *Structural and dynamics evidence for scaffold asymmetric flexibility of the human transthyretin tetramer*. PLoS ONE 12(12): e0187716.(2017).
  5. **Saldaño T. E.**, Tosatto S. C. E., Parisi G., and Fernandez-Alberti S. *Network analysis of dynamically important residues in protein structures mediating ligand-binding conformational changes*. Eur. Biophys. J., 48, 559-568 (2019).
  6. **Saldaño T. E.**, FreixasV. M., Tosatto S. C. E., Parisi G. and Fernandez-Alberti S. *Exploring conformational space with thermal fluctuations obtained by normal mode analysis*. J. Chem. Inf. Model. 2020.
  7. Lazar T., Martínez-Pérez E., Quaglia F., Hatos A., Chemes L. B., Iserte J. A., Méndez N. A., Garrone N. A., **Saldaño T. E.**, Marchetti J., Rueda A. J. V., Bernadó P., Blackledge M., Cordeiro T. N., Fagerberg E., Forman-Kay J. D., Fornasari M. S., Gibson T. J., Gomes G. W., Gradinaru C. C., Head-Gordon T., Jensen M. R., Lemke E. A., Longhi S., Marino-Buslje C., Minervini G., Mittag T., Monzon A. M., Pappu R. V., Parisi G., Ricard-Blum S., Ruff K. M., Salladini E., Skepö M., Svergun D., Vallet S. D., Varadi M., Tompa P., Tosatto S. C. E., Piovesan D. *PED in 2021: a major update of the protein ensemble database for intrinsically disordered proteins*. *Nucleic Acids Res.* 2021 Jan 8;49(D1):D404-D411. doi: 10.1093/nar/gkaa1021. PMID: 33305318; PMCID: PMC7778965.
  8. Barletta G. P., Barletta M., Saldaño T. E. and Fernandez Alberti S. *Analysis of changes of cavity volumes in predefined directions of protein motions and cavity flexibility*. J. Comput. Chem. 2021, 1. <https://doi.org/10.1002/jcc.26799>
  9. **Saldaño T.**, Escobedo N., Marchetti J., Zea D. J., Mac Donagh J., Velez Rueda A. J., Gonik E., García Melani A., Novomisky Nechcoff J., Salas M. N., Peters T., Demitroff N., Fernandez Alberti S., Palopoli N., Fornasari M. S., Parisi G. *Impact of protein conformational diversity on AlphaFold predictions*. Doi: <https://doi.org/10.1101/2021.10.27.466189> BioRxiv 2021.10.27. 466189. (This article is a preprint. Recently accepted for publication in Bioinformatics, Oxford University Press.)

## **CONGRESOS, COMUNICACIONES, SEMINARIOS**

1. Workshop Biología Computacional de proteínas, Universidad Nacional de Quilmes, 2009. Asistente.
2. Primer Simposio Internacional: Inmunología del cáncer. Hallazgos y perspectivas, Universidad Nacional de Quilmes, 2009. Asistente.
3. Simposio “ Los desafíos éticos de la biotecnología”, Universidad Argentina de la Empresa (UADE), 2010. Asistente.
4. Primer Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional, Universidad Nacional de Quilmes, 2010. Asistente.
5. Segundo Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional, Universidad Católica de Córdoba, 2011. Asistente, presentador póster.
6. I Jornada de Doctorandos y Estudiantes Avanzados de CyT, Universidad Nacional de Quilmes, 2013. Presentación Oral.
7. IV Congreso Argentino de Bioinformática y Biología, UNR, Rosario 2013. Poster.
8. IV Conferencia Internacional de la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática, UNR, Rosario 2013. Poster.
9. V Congreso Argentino de Bioinformática y Biología, Bariloche. 2014. Poster.
10. I Encuentro de Estudiantes de Bioinformática y Biología Computacional. 2014. Fundación Instituto Leloir. Poster.
11. Seminario: “Residues involved in preserving the conformational diversity of a protein”. Biocomputin UP, Università Degli Studi di Padova, 2015.
12. VI Congreso Argentino de Bioinformática y Biología. UNS, Bahía Blanca. 2015. Poster
13. 2nd Latin America Student Council Symposium. UNSAM 2016. Presentación Oral.
14. 4ta Conferencia Internacional de Bioinformática y Biología Computacional ISCB-LA, y el 7mo Congreso Argentino de Bioinformática. UCA 2016. Poster.
15. 3rd Industry Workshop on Computational Biology & Genomics in Livestock, Agriculture and Human Health. 2016. Asistente.
16. Segundo Simposio de Jóvenes Biofísicos. UNQ, 2017. Presentación Oral.
17. IDP Symposium - “One day Symposium on Intrinsically Disordered Proteins”. Institute of Enzymology, Research Centre of Natural Sciences, Budapest, Hungría. 2018. Asistente.
18. Seminario: “Analysis of vibrations associated to ligand-induced conformational changes”, Peter Tompa Lab. Vrije Universiteit Brussel (VUB), 2018.

19. 9th Argentinian Congress of Bioinformatics and Computational Biology. Mar del Plata. 2018. Poster.
20. IDPfun: Training school at Quilmes. UNQ, 2018. Asistente.
21. 4to Simposio Argentino de Jóvenes Investigadores en Bioinformática. UNQ, 2019. Asistente.
22. Seminario: “Exploring conformational space with thermal fluctuations obtained by Normal Mode Analysis”. Biocomputin UP, Università Degli Studi di Padova, 2019.
23. Patterns in Protein Sequence and Structure (Reloaded). Birkbeck College, University of London, 2019. Asistente.
24. IDPfun: Training school at Fundación Instituto Leloir (FIL), Fundación Instituto Leloir, 2019. Asistente.
25. 16th ISCB Student Council Symposium 2020. Virtual symposium, Canadá, 2020. Presentación Oral.
26. 5to Simposio Argentino de Jóvenes Investigadores en Bioinformática (5SAJIB). Simposio virtual, Argentina, 2020. Poster.
27. First LatinXChem Twitter Conference / Congreso de Química en Twitter. 2020. Poster.
28. YIB-TALKS ciclo de charlas organizados por el grupo Jóvenes Biofísicos – *The Young Initiative on Biophysics*. 2020. Encuentro virtual, presentación Oral.
29. IDPfun webinars, a series of talks on *Intrinsically Disordered Proteins*. Seminario: *Exploring conformational spaces of proteins by Normal Modes Analysis*. 2021.
30. Hackathon: *Tandem Repeat Proteins and AlphaFold*. Seminario: *Identification and characterization of RNA binding repeat proteins*. UNIPD - Virtual, 2022.

## CURSOS REALIZADOS

1. Curso de Posgrado Actualizaciones en Bioinformática. UNQ 2013. Dictado por el Prof. Silvio Tosatto. Director del *BioComputing Laboratory*, de la Universidad de Padova.
2. Curso de Posgrado Conceptos básicos en espectroscopía NMR y cristalografía de proteínas. UNQ 2014. Dictado por los Doctores Massimo Bellanda y Giuseppe Zanotti, profesores de la Universidad de Padova.
3. Curso de Posgrado Elementos de Producción Científica y Tecnológica. UNQ 2014. Dictado por el Doctor Diego Golombek.
4. Ciencia, Tecnología Y Sociedad, UNQ 2015. Dictado por el Doctor Pablo Pellegrini.
5. *Computational Methods For Protein Function Prediction*. UNQ 2015. Dictado por los doctores

Giovanni Minervini y Damiano Piovesan de la Universidad de Padova, Italia.

6. Diseño de experimentos. UNQ 2016. Dictado por el Doctor Javier Ángel Calcagno.
7. Modelado Molecular De Sistemas De Interés Biológico: Fundamentos Y Aplicaciones. UNQ 2016. Dictado por los doctores Juliana Palma y Gustavo Pierdominici.
8. *Data Visualization methods and tools: from data to knowledge*. UNSAM 2016. Dictado por Sean O'Donoghue (Garvan Institute of Medical Research in Sydney, Australia).
9. *Data Carpentry workshop at Free University of Brussels*. VIB (Free University of Brussels), 2018. Instructores: Paula Andrea Martinez, Stijn Van Hoey, Tina O'Grady, Christof De Bo.
10. *Computational approaches to study intrinsically disordered proteins*. UNQ, 2018. Dictado por: Proff. Silvio Tosatto (University of Padova); Dr. Norman Davey (University College Dublin); Dra. Zsuzsanna Dosztanyi (Eötvös Loránd University, Hungría); Proff. Toby Gibson (EMBL Heidelberg, Alemania) Peter Tompa (Free University Brussels, Bélgica).
11. *The Carpentries Instructor Training program*. UNQ, 2018. Instructores: Malvika Sharan, Nicolás Palopoli.
12. *Software Carpentry Workshop at National University of Quilmes*. UNQ, 2018. Instructores: Malvika Sharan.
13. *IDPfun Carpentries workshop: Disordered proteins with Python*. Fundación Instituto Leloir, 2019. Dictado por los doctores Lisanna Paladin y Marco Necci de la Universidad de Padova, Italia.
14. Modelado de estructuras de proteínas usando Python. UNQ, 2019. Dictado por el Dr. Esteban Lanzarotti.
15. Workshop de Análisis de datos de simulaciones de dinámica molecular usando Python. RSG-Argentina, 2020. Dictado por la Dra. Lucy Jimenez.

## ESTADIAS

- Estadía en Biocomputin UP. Universidad de Padova, Italia. Dirigido por Silvio Tosatto. Enero a Junio de 2015.
- Estadía en el Tompa's Lab Group. VIB (Free University of Brussels). Dirigido por Peter Tompa. Marie Curie Fellow. Abril-Junio 2018.
- Estadía en el Biocomputing UP. Universidad de Padova, Italia. Dirigido por Silvio Tosatto. Marie Curie Fellow. Agosto-Noviembre 2019.

## **FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS**

### **Co-Dirección de Tesinas**

1. Javier Sebastián Rios: “Entropía conformacional y unión proteína-ligando”. Terminó Marzo 2018, UNQ.

### **Jurado de Tesinas**

1. Patricio Chinestrada: “Diseño racional de nuevos moduladores alostéricos de la enzima IDO1, basados en la estabilización de conformeros inactivos”. Seminario de Investigación. Director: Dr. Pablo Lorenzano Menna, Co-directora: Dra. Ana Julia Velez Rueda. UNQ, 2020.

## **ORGANIZACIÓN DE EVENTOS**

1. Miembro del Comité Científico del Simposio de Bioinformática y Biología Computacional de las IV Jornadas de Investigadores en Formación, Departamento de Ciencia y Tecnología, UNQ. 2021.
2. Miembro del Comité de Organización del 11vo Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional. Noviembre 2021.

## **CONOCIMIENTO DE IDIOMAS**

- Ingles.
- Italiano.

## **OTRAS ACTIVIDADES**

- Brigadista Voluntario de la Universidad Nacional de Quilmes.
- Curso Introducción a la seguridad en el trabajo en laboratorios. Dirección de Higiene y Seguridad, Universidad Nacional de Quilmes. Dictado por, Lic. Catalina Romano, Ing. Omar J. Metallo. 2012.  
Unidad I: Riesgos Físicos – 2 horas.  
Unidad II: Riesgo Químico – 2 horas.  
Unidad III: Introducción a la Bioseguridad- 2 horas.
- Curso de Primeros Auxilios. Dirección de Higiene y Seguridad UNQ – Prevención A.R.T, Universidad Nacional de Quilmes. 2012.
- Curso de RCP. Dirección de Higiene y Seguridad UNQ – Prevención A.R.T, Universidad

Nacional de Quilmes. 2012.

- Capacitación practica de uso de matafuegos. Dirección de Higiene y Seguridad UNQ. 2014.
- Curso de RCP. Dirección de Higiene y Seguridad UNQ. 2014.