

CURRICULUM
di
MARIA LUISA CHIUSANO

Febbraio 2017

- DATI PERSONALI -

Cognome: Chiusano
Nome: Maria Luisa
Nascita: 7/10/1968 Pescara
Nazionalità: italiana
Posizione: professore associato
Settore: 05/E2 Biologia Molecolare
Afferenza: Dipartimento di Agraria,
Università degli Studi di Napoli Federico II
Indirizzo: Via Università 100, Portici, Napoli
Tel. ufficio: +39 081 2539492
Tel. casa: +39 081 275279
Cellulare: +39 338 1835447
E-mail: chiusano@unina.it
Lingue: inglese, ottimo livello

Abilitazione ai sensi dell'art. 16 della legge 240/2010 per la seconda fascia per i seguenti settori concorsuali:

05/E2 - Biologia Molecolare
05/E1 - Biochimica Generale
07/E1 - Genetica Agraria

- TEMATICHE DI RICERCA -

CAMPO DI INTERESSE

La dott. Chiusano si occupa di analisi integrata di dati risultanti da esperimenti “omics”. In particolare, è interessata a comprendere l'organizzazione e le relazioni struttura-funzione dei genomi, la loro influenza sui meccanismi di espressione genica, le strategie che l'evoluzione ha selezionato a tal fine, ma anche a sperimentare vantaggi e limiti delle innovative tecnologie per l'analisi massiva di dati biomolecolari nel contribuire all'aumento delle conoscenze nel settore.

Per la sua ricerca utilizza prevalentemente strategie bioinformatiche e le collezioni di dati pubbliche e/o private rese ad oggi disponibili dai nuovi approcci sperimentali. Del resto, questi studi dipendono sostanzialmente dalla disponibilità di metodologie computazionali appropriate, in grado di consentire la gestione e l'organizzazione della massa di dati molecolari ad oggi acquisibile, supportando una visione di insieme che necessita di essere attendibile ed interpretabile. Sono strategiche, a tal fine, competenze trasversali che consentano di progettare approcci bioinformatici idonei per la riconciliazione ed interpretazione delle informazioni implicite in collezioni grezze ed eterogenee che, peraltro, sono rappresentative della complessità intrinseca dei sistemi biologici.

La Dott. Chiusano ha intrapreso numerose collaborazioni, per acquisire competenze in sistemi biologici distinti, (dai vertebrati ai procarioti, dagli animali alle piante), su aspetti diversificati (struttura e funzione di macromolecole, analisi di famiglie geniche, genomica, analisi dell'espressione genica), per sperimentare nuove tecnologie e progettare l'integrazione di risorse eterogenee, sfruttando, in prevalenza, un approccio di tipo comparativo, ritenendolo vincente e peculiare in analisi “large scale” dei dati molecolari, per comprendere aspetti comuni o specificità dei sistemi biologici studiati.

La collaborazione continua con gruppi dedicati ad analisi sperimentali e la competenza acquisita nel settore le consente di contribuire in modo determinante al disegno sperimentale, di sviluppare strategie innovative o raffinare quelle già disponibili, per integrare informazioni da aspetti differenti ma complementari della ricerca “omics” (genomica, trascrittomica, proteomica, metabolomica, epigenomica), o da tecniche con sensibilità distinte (ad esempio analisi *microarray* o sequenziamento di dati da trascrittomica), al fine di aumentare l'affidabilità dei risultati ed interpretare al meglio l'informazione biologicamente significativa intrinseca nei dati acquisibili.

LE RICADUTE

I risultati delle sue ricerche hanno contribuito a tre aspetti principali in ambito biomolecolare:

- l'identificazione di nuovi aspetti biomolecolari (organizzazione e processi)
- lo sviluppo di metodologie e strumenti software innovativi per la bioinformatica
- la produzione di collezioni organizzate in banche dati e piattaforme bioinformatiche, accessibili via web, arricchite di informazione di valore aggiunto, a partire da dati grezzi, processati ed analizzati opportunamente, ed integrati a costituire risorse “omics” integrate, accompagnate da strumenti di analisi “user friendly”, per

supportare le indagini di proprio interesse ed anche della comunità scientifica interessata.

Le ricadute sono state quindi nel settore della ricerca ma anche dei servizi, sia per il mondo scientifico che per il trasferimento tecnologico.

FUNDINGS E NETWORKING

Come testimoniato dai lavori scientifici in collaborazione, numerosi dei quali come responsabile per la bioinformatica, da presentazioni a convegni e relazioni tenute per invito, dai corsi tenuti ed organizzati, la dott. Chiusano è spesso dedita ad attività di supporto e consulenza, di formazione e divulgazione delle conoscenze acquisite nel settore della genomica e della bioinformatica. Questo favorisce il suo coinvolgimento in progetti di ricerca nazionali ed internazionali ed in attività di servizio e/o di collaborazione con altri gruppi ed enti di ricerca. Le attività dedicate allo sviluppo di risorse “user friendly” per supportare anche da remoto attività di ricerca negli ambiti di suo interesse, ed in particolare nella Genomica strutturale e funzionale, le hanno consentito di sviluppare riferimenti pubblici riconosciuti a livello internazionale- A tal proposito, una selezione di riferimenti a riconoscimenti sulla qualità scientifica dei prodotti e servizi offerti sono riportate in dettaglio nel curriculum.

- TITOLI ED ESPERIENZE LAVORATIVE -

FORMAZIONE E CARRIERA

Sintesi: laureata in Scienze Biologiche con 110 e Lode e menzione della commissione.

Dottorato in "Progettazione ed Impiego di Molecole di Interesse Biotecnologico".

È Professore Associato BIO/11, nel settore concorsuale 05/E2.

Seguono i dettagli.

- Marzo 1994: laurea in Scienze Biologiche, 110/110 lode e menzione della commissione.
Tesi sperimentale in "Calcolo Numerico e Programmazione", titolo: "Metodi Computazionali per il Confronto di Sequenze", relatore Prof. Amerigo Murli, svolta nel periodo Gennaio 1991-Marzo 1994, presso il Dip. di Matematica e Applicazioni, Università degli Studi di Napoli "Federico II".
Marzo 1994-Marzo 1995: tirocinio post-laurea in Biologia Molecolare, supervisore Prof. Giuseppe Geraci, Dip. di Genetica, Biol. Generale e Molecolare, Università degli Studi di Napoli "Federico II". Approfondisce tecniche di laboratorio sperimentale ed implementa algoritmi per analisi di sequenze biologiche.
- Marzo-Settembre 1995: Borsa di studi IBM Semea (6 mesi).
Apprende le metodologie di programmazione orientata agli oggetti.
- Settembre 1995-1996: collabora con il Prof. A. Murli e il Prof. G. Toraldo del Dip. di Matematica e Applicazioni, Università degli Studi di Napoli "Federico II".
- Febbraio 1996: idoneità al concorso del Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR) per borse di studio nell'ambito delle Scienze Matematiche, Bando n. 201.01.120 del 19/9/1994.
- Marzo 1996: idoneità al concorso di dottorato di ricerca in "Matematica Applicata ed Informatica", Università "Federico II", XI ciclo.
- Luglio 1996: supera l'esame di stato e consegue l'abilitazione all'esercizio della professione di Biologo.
- Marzo 1996: supera le selezioni per colloqui sia all'EMBL (European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg), Germania, che all'EBI (European Bioinformatics Institute, Hinxton), Inghilterra, per dottorati di ricerca. Vince una borsa di dottorato EMBL nel gruppo di Matthias Mann "Biochemical Instrumentation" cui rinuncia per una borsa di dottorato in "Progettazione ed Impiego di Molecole di Interesse Biotecnologico", XII ciclo, Facoltà di Scienze Ambientali, Seconda Università di Napoli, svolgendo la tesi presso il CRISCEB, Centro di Ricerca per le Scienze Computazionali e Biotecnologiche, supervisore Prof. Giovanni Colonna.
- Dicembre 2000: consegue il dottorato di ricerca discutendo la tesi: "Implementation and Application of Computational Methods for the Analysis of Nucleic Acids and Proteins". La dott. Chiusano ha discusso la tesi in inglese in presenza di un commissario straniero richiesto per ottenere i crediti necessari per le selezioni dell'"European Doctorate in Biotechnology".
- Marzo 2001: consegue un contratto biennale come Ricercatore della Stazione Zoologica "Anton Dohrn", Napoli. Lavora con il Prof. Giorgio Bernardi nel laboratorio di Evoluzione Molecolare, incarico che espleta fino a Settembre 2002 per prendere servizio come ricercatore universitario il 1 Ottobre 2002.
- da Ottobre 2002: è ricercatore universitario per il settore scientifico disciplinare BIO/11 dell'Università degli Studi di Napoli Federico II. Afferisce alla Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e Naturali, presso il Dip. di Genetica, Biologia Generale e Molecolare.
- da Ottobre 2015: è confermata nel ruolo dei Ricercatori con assegnazione al regime di impegno a "tempo pieno".

Ai sensi del D.M. n855 del 30.10.2015 è stata reinquadrata nel settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare

- Luglio 2005: afferisce al neo-formato Dip. di Biologia Strutturale e Funzionale.
- Gennaio 2007: afferisce al Dipartimento di Scienze del Suolo della Pianta dell'Ambiente e delle Produzioni Animali della Facoltà di Agraria, per allestire un gruppo di ricerca dedicato alla Bioinformatica nell'ambito del laboratorio pubblico privato Genopom (DM 17732, 2006-2010).
- Da Gennaio 2013: afferisce al neo-formato Dipartimento di Agraria
- Da Gennaio 2016: è ricercatore associato della Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli.
- Da Gennaio 2016: coordina il centro di calcolo del Dipartimento di Agraria
- Da Luglio 2016: è incaricata responsabile del nascente servizio di Bioinformatica della Stazione Zoologica Anton Dohrn
- Da Gennaio 2017: è Professore Associato BIO/11 presso il Dipartimento di Agraria, Università degli studi di Napoli Federico II.

ESPERIENZE IN LABORATORI STRANIERI

- Marzo-Aprile 1999: è ospite del Prof. Giorgio Bernardi, nel laboratorio di Genetica Molecolare, Istituto Jacques Monod, Parigi.
- Agosto-Settembre 2000: è ospite del Prof. Giorgio Bernardi, nel laboratorio di Genetica Molecolare, Istituto Jacques Monod, Parigi.
- Novembre-Dicembre 2003: è ospite del Prof. T. Gojobori, JBIRC (Japan Biological Information Research Center) in AIST (National Institute of Advanced Industrial Science and Technology), Tokyo, Giappone, in occasione dell'invito a partecipare al "jamboree" H-Invitational 2 per l'annotazione di full length cDNA umani e al meeting del comitato guida del progetto.
- Gennaio-Febbraio 2005: è ospite del Prof. P. Pardalos, presso il Center for Applied Optimization, Department of Industrial and Systems Engineering, Università della Florida, Gainesville.

PREMI E RICONOSCIMENTI PER ATTIVITÀ SCIENTIFICHE

- 1) 1997: Capri - Italia - Convegno "Genome-Based Analysis of Gene Regulation and Its Evolution", Istituto Internazionale di Genetica e Biofisica (IIGB), CNR -11-14 October 1997: la Dott. Chiusano riceve un "grant" per la partecipazione al meeting.
- 2) 2006: Napoli - Italia - Il lavoro "the TomatEST database" pubblicato in Nucleic Acids Research 2007 riceve il premio Associazione "Noi per la Vita" in onore di "Gaetano Salvatore".
- 3) 2009: Torino - Italia - 53simo Convegno annuale della Società Italiana di Genetica Agraria, 16-19 Settembre 2009: il lavoro "Comparative genome analysis of Apostart and other genes involved in the control of plant reproduction" di Vigilante A, Marconi G, Chiusano ML, Albertini E, è premiato come migliore Poster.
- 4) 2015: Sorrento (Napoli) - Italia - 3rd SPOT-ITN Conference: Stress biology and crop fertility, 18-22 Marzo 2015: il lavoro "Reconciliation and Integration: an essential step towards the modelling of biological systems starting from omics data" di Bostan H and Chiusano ML, è premiato come terzo miglior Poster.
- 5) 2015: Nel libro "La scuola Agraria di Portici e la modernizzazione dell'Agricoltura 1872-2012" di A. Santini con S. Mazzoleni e F. de

Stefano, capitolo “la Scuola Agraria e l’agricoltura verso il terzo millennio” è riconosciuto e citato il suo contributo per la bioinformatica alla Facoltà di Agraria. ISBN: 978-88-89972-54-0

- 6) Riconoscimento del Prof. Mondher Bouzayen per il contributo offerto nel coordinamento del workgroup II del progetto europeo COST ACTION FA1106
- 7) Riconoscimento del Prof. Greppi, università di Sassari, per il corso organizzato e tenuto per la scuola estiva “in Green Biotech”
- 8) Riceve documenti riconoscimenti del lavoro svolto e dell’utilità delle risorse web sviluppate da parte di ricercatori stranieri

- 7) aa. 2005/2006: organizza Università Porte Aperte per la Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e Naturali.
- 8) aa. 2009/2010: contribuisce al Progetto Campus Campania per la Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e Naturali.
- 9) aa. 2011/2012: è membro di Commissione di Esame per il conseguimento del titolo di Dottore di Ricerca per l’Università degli Studi di Verona, Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina anno 2012.
- 10) Da Gennaio 2016: coordina il laboratorio di Informatica del Dipartimento di Agraria.

PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI

- 1) The Scientific World Journal dal 2011: è membro dell’Editorial board per la bioinformatica
- 2) Special Issue on “Bioinformatics in Medicinal Plants and Natural Products 2012”: è Guest Editor
- 3) Contribuisce alla rivista “Journal of Next Generation Sequencing & Applications 2, 2015”, con un “editorial article” dal titolo: “On the multifaceted aspects of bioinformatics in the next generation era: the run that must keep the quality” di Chiusano ML
- 4) Dal 2002 ad oggi: è più volte referente scientifico per numerose riviste internazionali. Se ne indica una selezione: Briefings in Bioinformatics; Bioinformatics; BMC Bioinformatics, BMC Genomics; Nucleic Acid Research; Database; BMC Plant Biology; Plant Molecular Biology; Computational Genomics for Plants; Plos One; Journal of Molecular Evolution; Gene; Optimization Methods and Software; Theoretical Biology and Medical Modelling; Journal of Advances in Biology and Biotechnology; American Journal of Experimental Agriculture; Journal of Biology and Nature; altre.

PARTECIPAZIONE AD ACCADEMIE

- 1) Membro eletto del comitato direttivo della Società Italiana di Bioinformatica: da Marzo 2006 al 2008
- 2) Membro eletto del comitato direttivo della Società Italiana di Bioinformatica per il biennio da Marzo 2008 al 2010
- 3) Socio fondatore e membro della "Società Italiana di Bioinformatica" dal 2003
- 4) Membro della "Società Italiana di Genetica Agraria" dal 2006

ATTIVITÀ GESTIONALI E DI SERVIZIO

Sintesi: si riportano, come richiesto, incarichi di gestione e impegni assunti in organi collegiali, commissioni e consulte dipartimentali, di Ateneo e del Ministero dell’Istruzione, dell’Università e della Ricerca Scientifica.

- 1) Dal 2003 al 2012: è membro del consiglio di corso di Laurea in Biologia Generale ed Applicata, Facoltà di Scienze MFN, Università degli Studi di Napoli Federico II
- 2) Dal 2003 al 2012: è membro del consiglio di coordinamento dei corsi di Studi in Biologia, Facoltà di Scienze MFN, Università degli Studi di Napoli Federico II
- 3) Dal 2013: è membro del consiglio di corso di Laurea Magistrale in Biotecnologie Agro-Ambientali, Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II
- 4) Dal 2003: è membro del collegio dei docenti del dottorato in Biologia Computazionale, Seconda Università di Napoli.
- 5) Dal 2008: è membro del collegio dei docenti del dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica dell’Università degli Studi di Napoli Federico II.
- 6) Da Ottobre 2014 ad oggi: è membro eletto della commissione paritetica del Dipartimento di Agraria.

- FINANZIAMENTI, MANAGEMENT E NETWORKING -

PARTECIPAZIONE O RESPONSABILITÀ IN PROGETTI FINANZIATI SULLA BASE DI BANDI COMPETITIVI “PEER REVIEWED”

Progetti internazionali

- 1) FP6-2004-FOOD-3-A Aprile 2006-2011 (5 anni)
“High Quality Solanaceous Crops for Consumers, Processors and Producers by Exploration of Natural Biodiversity (EU-SOL)” coordinatore Renè M. Klein Lankhorst (Wageningen University, The Netherlands). Integrated project FP6 (ente finanziatore EU). Partecipa come responsabile italiano nel Workpackage per la Bioinformatica.
- 2) FP7-People-2011-ITN Gennaio 2012-Dicembre 2015 (4 anni)
“Pollen thermotolerance and Crop Fertility (SPOT-ITN)” coordinatore Enrico Schleiff (Univ. Frankfurt, Germania). Marie Curie Actions (ente finanziatore EU). Partecipa come responsabile di unità operativa.
- 3) COST Action FA1106 Aprile 2012-2016 (5 anni):
“An integrated systems approach to determine the developmental mechanisms controlling fleshy fruit quality in tomato and grapevine” coordinatore Mondher Bouzayen (Institut National Polytechnique de Toulouse, France). Coordina il Workgroup 2: “Bioinformatics tools for data analysis”.

Progetti nazionali

- 4) PRIN 2006
“Biomarker delle modifiche Post trasduzionali delle proteine del latte in relazione allo stato di salute della bovina” (coordinatore Gianfranco Greppi, Univ. Sassari). Partecipa come responsabile per la bioinformatica.
- 5) MIPAAF 2004-2006 (3 anni, esteso per 1 anno) “Agronotech: Le nuove tecnologie per l'analisi del genoma di organismi di interesse agrario.” (coordinatore Luigi Frusciante, Univ. Federico II, Napoli) (ente finanziatore MIPAAF). Responsabile di unità operativa.
- 6) MIPAAF 2008-2011 (3 anni, esteso per 1 anno) “Agronotech 2: Le nuove tecnologie per l'analisi del genoma di organismi di interesse agrario - II triennio.” (coordinatore Luigi Frusciante, Univ. Federico II, Napoli) (ente finanziatore MIPAAF): Responsabile di unità operativa.
- 7) MiUR 2008-2011 (3 anni)
“Laboratorio di Genomica per l'innovazione e la valorizzazione della filiera pomodoro” (responsabile Luigi Frusciante, Univ. Federico II, Napoli) (Genopom DM 17732), (ente finanziatore MiUR): Consulente per la Bioinformatica.
- 8) PON-MiUR 2012-2015 (3 anni)
“Potenziamento della filiera pomodoro attraverso applicazioni integrate di post-genomica (GenoPOM-pro)” (coordinatore Luigi Frusciante, Univ. Federico II, Napoli). PON-MiUR “Ricerca e Competitività” 2007-2013 (Ente finanziatore MiUR): Responsabile di attività scientifiche.
- 9) PON-MiUR 2012-2015 (3 anni)
“Valorizzazione di produzioni ortive campane di eccellenza con strumenti di genomica avanzata (GenHORT)” (coordinatore Luigi Frusciante, Univ. Federico II, Napoli). PON “Ricerca e Competitività” 2007-2013 (Ente finanziatore: MiUR). Responsabile di attività scientifiche.
- 10) Ministero della Salute IZS ME 06/13 RC 2014-2016 (2 anni)
“Studio pilota su *Bubalus bubalis* per l'identificazione di patogeni abortigeni e non , mediante implementazione di strategie di Deep Sequencing”, coordinatore Dott. M.G. Lucibelli, Istituto Profilattico del Mezzogiorno, Napoli (Ente finanziatore: Ministero della Salute). Responsabile di Unità operativa.

RICERCA NAZIONALI ED INTERNAZIONALI O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

- Nel 2003 partecipa su invito al Jamboree “Human Full length cDNA Annotation Invitational 2”, contribuendo all'annotazione di cDNA full length umani e all'organizzazione del database associato. Partecipa come invitata al “leaders' meeting”, Tokyo 10-15 Novembre, 20-21 Novembre;
- Dal 2004, nell'ambito del Progetto nazionale Agronotech, e a seguire nel Progetto Agronotech II, secondo triennio, è responsabile della formazione in bioinformatica e dell'analisi dei dati prodotti dalle unità operative partner del progetto.
- In quest'ambito, dal 2004 organizza e coordina un gruppo per ricerca e sviluppo di servizi per la bioinformatica (da lei denominato CAB: Computer Aided Biosciences <http://cab.unina.it>). Il gruppo è costituito da dottorandi, borsisti, post-doc e personale tecnico a tempo determinato o consulente. I collaboratori reclutati sono supportati prevalentemente dai finanziamenti ottenuti dalla Dott. Chiusano per la ricerca.
- Dal 2004 al 2012: è Referente Italiano del Comitato guida per la Bioinformatica del Progetto Internazionale per il Sequenziamento del “Genoma di *Solanum lycopersicum* (Tomato)” e partecipa al consorzio internazionale SOL Genomics Network, coordinato dalla Cornell University, USA (<http://sgn.cornell.edu>).
- Nell'ambito del SOL Genomics Network, progetta, organizza ed è responsabile della piattaforma bioinformatica italiana per la genomica delle Solanaceae ISOL@ (pub. n.5: Chiusano et al. 2008)
- Dal 2005 è membro di iTAG, l’“international Tomato Annotation group” e contribuisce all'annotazione e all'analisi delle pseudomolecole di pomodoro.
- Dal 2005 partecipa al consorzio europeo EU-SOL per la genomica delle Solanaceae.
- Nell'ambito del progetto “Pollen thermotolerance and Crop Fertility (SPOT-ITN)”, (Marie Curie Actions finanziamento dalla Comunità Europea), concentrato sullo studio dello sviluppo del polline del pomodoro e sulla sua termotolleranza, progetta, sviluppa ed è responsabile della piattaforma bioinformatica per l'organizzazione, la riconciliazione e l'elaborazione integrata dei dati ottenuti da diversi approcci “omics”, preliminarmente risultanti da attività nel progetto, coordinando le politiche di “data sharing” (The SPOT-ITN Bioinformatics Platform).
- Nell'ambito della COST ACTION FA1106 “An integrated systems approach to determine the developmental mechanisms controlling fleshy fruit quality in tomato and grapevine” (finanziamento dalla Comunità Europea), coordina il Workgroup 2 “Bioinformatics tools for data analysis” e la riorganizzazione delle risorse “omics” per vite e pomodoro per la loro analisi integrata.
- Nel consorzio italiano EPITOM, costituitosi nell'ambito del progetto PON-MIUR Genopom-Pro, concentrato sullo studio di modifiche epigenetiche nella maturazione del frutto di pomodoro post-raccolta, progetta, sviluppa ed è responsabile della piattaforma bioinformatica per l'organizzazione, la riconciliazione e l'elaborazione integrata dei dati ottenuti da diversi approcci “omics”, coordinando le politiche di “data sharing” (The Epitom Platform).
- Da Gennaio 2016 è ricercatore associato della Stazione Zoologica Anton Dohrn.
- Da Luglio 2016 è incaricata di organizzare ed implementare il servizio di Bioinformatica per la Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli contribuendo a EMBRC (European marine biology resource center).
- Dal 2004, presso l'Università degli Studi di Napoli Federico II, organizza e gestisce un centro di calcolo per la bioinformatica grazie ai finanziamenti da lei ottenuti per la ricerca, costituito da: 2 cluster per analisi bioinformatica (12 nodi di calcolo; 96+48 processori, 96Tb di memoria); 6 server Linux per gestire servizio di analisi e di gestione risorse di dati genomici via web.

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E
COORDINAMENTO DI CENTRI O GRUPPI DI

- Nell'ambito delle sue attività scientifiche progetta e sviluppa software e organizza risorse distribuite via web per la gestione l'integrazione e la disseminazione di dati biomolecolari di valore aggiunto, utili per la comunità scientifica interessata. Si riportano copie di lettere con apprezzamenti del lavoro svolto e richiesta di supporto da parte di ricercatori di istituzioni straniere per i servizi e le collezioni dati prodotte.

ULTERIORI ATTIVITÀ DI SERVIZIO PER LA RICERCA

Sintesi: la Dott. Chiusano progetta e sviluppa software per analisi di dati biomolecolari, banche dati e piattaforme con risorse dati rese accessibili via web e descritte nelle sue pubblicazioni e nelle presentazioni a convegno.

Una selezione dei servizi bioinformatici organizzati come risorse web che ha progettato realizzato e di cui è stata o è responsabile sono riepilogati in questa sezione.

- 2007 TomatEST database: banca dati di EST e trascritti derivati da librerie di Pomodoro (Pub. 3)
- 2007 PotatEST database: banca dati di EST e trascritti derivati da librerie di Patata (collaborazione con CNR-IGV, Portici)
- 2007 The Saffron Genes database: collezione di trascritti derivati da una libreria EST di stigma di Zafferano (collaborazione con ENEA, Casaccia, Roma) (Pub. 21)
- 2007 *Bos bovis* mammary gland database: collezione di trascritti ottenuti da EST per ghiandola mammaria di bovini (PRIN 2006)
- 2008 ISOL@: piattaforma integrata per la gestione di dati "omics" da Solanaceae (Pub. 5)

- 2009 SoEST database: banca dati di trascritti derivati da librerie EST di Solanaceae (Pub. 6)
- OleaEST database: banca dati di trascritti da librerie di sequenze 454 di genotipi di Ulivo (collaborazione con CNR-IGV di Perugia, ENEA-Trisaia (Pub. 23)
- 2015 NexGenEx-Tom: gene expression platform per Pomodoro basata su dati NGS (Pub. 11)
- 2016 Patsi: Banca dati di geni paraloghi e in copia singola in *A. thaliana* (Pub. 13)
- 2016 AsANet: descrizione dei geni associati al network dell'Acido Ascorbico in Pomodoro (Pub. 14)
- 2016 TOMGEN: *multi-genome platform* per genomi di ecotipi campani (collaborazione con CNR-IGV, Portici)
- 2016 EPITOM: piattaforma integrata per dati omics relativi allo sviluppo del frutto di pomodoro post raccolta (collaborazione con CNR-IGV, Portici)
- 2016 SPOT-ITN Bioinformatics: piattaforma integrata per polline di pomodoro (collaborazione con SPOT-ITN consortium)

TRASFERIMENTO TECNOLOGICO E PARTECIPAZIONE ALLA CREAZIONE DI SPIN OFF, O ALLO SVILUPPO E COMMERCIALIZZAZIONE DI PRODOTTI SCIENTIFICI

- Nel 2009, partecipa come consulente a Biosistema per "Formazione di alte professionalità per lo sviluppo e la competitività delle imprese con priorità alle PMI". In quest'ambito coordina l'implementazione della pipeline sperimentale e bioinformatica per lo sviluppo di un servizio di sequenziamento mediante tecnologia 454 presso l'ENEA (Trisaia).

- DIVULGAZIONE SCIENTIFICA -

ORGANIZZAZIONE DI CONVEGNI E WORKSHOP

Sintesi: la dott. Chiusano ha organizzato convegni e sessioni internazionali (in totale 5) e nazionali (in totale 4). Se ne presenta l'elenco dettagliato dei principali.

Internazionali

- 1) Computational Management Science Conference (CMS) and Workshop on Computational Econometrics and Statistics, Neuchatel, Svizzera, 2-5 Aprile 2004: Chiusano M.L. e Toraldo G. organizzano la sezione "Bioinformatics".
- 2) Data Mining in Biomedicine, Gainesville, Florida, 2-4 Febbraio (2005): Chiusano M.L. organizza la sessione "Mining molecular data in the light of structure, function and evolution".
- 3) NETTAB-BBCC201: Network tools and applications in biology: BIOLOGICAL WIKIS, Napoli, 29 Novembre - 1 Dicembre 2013: Chiusano M.L. è membro del comitato organizzatore e del comitato scientifico.
- 4) Stress Biology and Crop Fertility, Sorrento, 18-22 Marzo 2015: Chiusano M.L. è responsabile dell'organizzazione dell'evento ed è membro del comitato scientifico.
- 5) Next Challenges in Nucleic Acid Sequencing, Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli, 13-14 Luglio 2016: Chiusano M.L. è organizzatore scientifico e moderatore dell'evento.

Nazionali

- 6) BITS 2007- Napoli, Convegno della Società Italiana di Bioinformatica, la Dott. Chiusano fa parte del comitato organizzatore e scientifico
- 7) BITS 2009- Genova, Convegno nazionale della Società Italiana di Bioinformatica, la Dott. Chiusano fa parte del comitato scientifico
- 8) BITS 2010- Bari, Convegno nazionale della Società Italiana di Bioinformatica, la Dott. Chiusano fa parte del comitato scientifico
- 9) Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania, 4 Novembre 2011, la Dott. Chiusano fa parte del comitato scientifico

INVITI A CONVEGNI

Si presenta elenco dettagliato dei principali.

Internazionali

- 1) Neutralism and Selectionism, the end of a debate, the 1st Anton Dohrn Workshop, 4-6 Maggio 2000, Ischia;
- 2) Fish Genomics: Structural and Functional aspects, 1-2 Giugno 2001, Ischia;
- 3) Natural Selection and the Neutral Theory, V Anton Dohrn Workshop, 23-27 Ottobre 2001;
- 4) Convegno Plant Genomics European Meeting, PlantGems 2006, 11-14 Ottobre 2006, Venezia;
- 5) XLII Simposio Internazionale di Zootecnia su "New Analytical Technologies: Tools and Implementation Strategies in Animal Science" 29 Maggio 2007 Porto Conte Ricerche (Alghero)
- 6) VII World Congress on Alternatives and Animal Use in the Life Sciences, 30 Agosto-3 Settembre 2009, Roma
Molecular Evolution in the Genomic Era, 29 Settembre 29- 1 Ottobre 2011, Università degli Studi Roma Tre, Roma
The genome: structure, expression and evolution, 22-24 Settembre 2014, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli
- 7) Bringing Math to life, 27-29 Ottobre 2014, International Conference, Napoli

Nazionali

- 8) Convegno CAPI per la promozione del calcolo intensivo in Italia, 16-17 Ottobre 2001;

- 9) 26 Febbraio 2015. Partecipa alla tavola rotonda: "Il futuro delle tecnologie NGS". Modera il Prof. Michele Morgante.

RELAZIONI IN CONVEGNI

Sintesi: è relatore su invito o selezionato in numerosi convegni internazionali (se ne riportano 16) e nazionali (se ne riportano 6).

Internazionali

- 1) Chiusano ML, Toraldo G (1995), "A C++ Code for the Analysis of Nucleic Acid Sequences", in Abstracts of the meeting: "Object Oriented Computing in the Natural Sciences '95" - EMBL-IMAG - Grenoble - Francia - 21-24 Novembre 1995 (**Relatore selezionato**)
- 2) Chiusano ML (2000), "Correlations between protein secondary structures and base content at codon second position", convegno internazionale "Neutralism and Selectionism: the end of a debate", Stazione Zoologica Anton Dohrn and International Society of Molecular Evolution - Ischia (Napoli)- Italia- 4-6 Maggio 2000 (**Relatore invitato**)
- 3) Chiusano ML (2001), "The relationships between Protein Structure and the compositional features at genomic level", in Abstracts of the meeting: "Natural Selection and the Neutral Theory", 5th Anton Dohrn Workshop - Ischia (Napoli)- Italia - 24-27 Ottobre (**Relatore invitato**)
- 4) Chiusano ML and Toraldo G (2003), "A model for efficient manipulations of biological sequence data", in Abstracts of the meeting: Computational Management Science (CMS) - Chania (Creta) - Grecia - 27-30 Maggio (**Relatore selezionato**)
- 5) Chiusano ML and Toraldo G (2004), "A methodology for memory management in dotplot analysis" in Abstracts of the meeting: Computational Management Science (CMS) and Workshop on Computational Econometrics and Statistics- Neuchatel - Switzerland - 2-5 Aprile (**Relatore**)
- 6) Chiusano ML (2005), "Tomato Genome Sequencing: Italian Report on Chromosome 12" in Abstracts of the meeting: Plant and Animal Genome XIV Conference- S Diego - California - 15-19 Gennaio (**Relatore**)
- 7) Chiusano ML, Frusciant L, Toraldo G (2005) "Mining integrated data to investigate relationships between nucleic acids and proteins" in Abstracts of the meeting: "Datamining in Biomedicine" Gainesville - Florida - 2-4 Febbraio (**Relatore**)
- 8) Chiusano ML (2005), "Tomato Genome Sequencing: Comparison of Gene Prediction Software" in 2nd International Solanaceae meeting 2005 - Ischia (Napoli)- Italia, 25-29 Settembre (**Relatore selezionato**)
- 9) Traini A and Chiusano ML: "Mapping expressed sequence onto genomic data: evaluation of tools for a reliable experimental annotation" in 3rd International Solanaceae meeting 2006- Madison (Wisconsin)- USA, 23-27 Luglio (**Relatore selezionato**)
- 10) Chiusano ML, "Bioinformatics for the structural and functional analysis of the tomato genome", PlantGems Venice 2006: Plant Genomics European Meetings - Venice - 11-14 Ottobre (**Relatore invitato**)
- 11) Chiusano ML "A computational platform to investigate on expression patterns from ESTs" in XLII Simposio Internazionale di Zootecnia "New Analytical Technologies: Tools and Implementation Strategies in Animal Science", Porto Conte Ricerche - Alghero - Italia - 29 Maggio 2007 (**Relatore invitato**)
- 12) Bovy A, Molthoff J, D'Agostino N, Chiusano ML: "Development of an efficient RT-PCR based platform for gene expression profiling of transcription factors in tomato" in Solanaceae genome workshop 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre (**Relatore**)
- 13) Chiusano ML, D'Agostino ML, Traini ML, Frusciant L: "ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource" in Solanaceae genome workshop 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre (**Relatore selezionato**)
- 14) Chiusano ML "Mining on expressed sequences, examples from plant genome" in "VII World Congress on Alternatives and Animal Use in the

Life Sciences” - Roma - Italia - 30 Agosto-3 Settembre 2009 (**Relatore invitato**)

- 15) Chiusano ML “Intriguing issues on a reference plant species”, Convegno “Genome Evolution in the Genomic Era”, Università degli Studi Roma 3 e International Union of Biological Sciences - Roma - Italia - 29 Settembre - 1 Ottobre 2014 (**Relatore invitato**)
- 16) Chiusano ML “the “Omics” era in plant genomics: meeting the challenge of integration” BMTL 2014: Bringing Math to Life 2014 -Napoli - Italia - 27-29 Ottobre (**Relatore invitato**)

Nazionali

- 17) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), “Computational Tools for Large Sequence Analysis”, in Abstract of “Genome Research and Sequencing Technology” -TIGEM CRIBI IIGB - S. Miniato (Pisa) - Italia - 2-4 Giugno 1997 (**Relatore selezionato**)
- 18) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), “Metodi computazionali per l’analisi di sequenze di acidi nucleici”, in Abstract of “Riunione Congiunta SIB” Società Italiana di Biochimica (SIB)- Gruppo di Biochimica della Nutrizione e Sezione Campania Puglia Calabria Molise Basilicata - Avellino - Italia - 20-21 Giugno 1997 (**Relatore selezionato**)
- 19) Chiusano ML, D’Agostino N, Traini A, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L “Bioinformatica per la genomica di organismi di interesse agrario” in Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2006 -Istituto di Scienze dell’ alimentazione, CNR - Avellino - 18 Dicembre (**Relatore selezionato**)
- 20) Chiusano ML, D’Agostino N, Traini A, Licciardello C, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L “An integrated computational workbench for structural and functional analysis in the Solanaceae Genomics Network” in BITS 2007: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica 2007 - Centro Congressi Ateneo ‘Federico II’ - Napoli - 26-28 Aprile (**Relatore selezionato**)
- 21) Chiusano ML, Traini A, D’Agostino N, Frusciante L “Halfway checkpoint! What can we learn from the draft and incomplete tomato genome?” in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre (**Relatore selezionato**)
- 22) Chiusano ML “Making a genome reference a reference in the fast evolving genomics era”, Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2015- CNR-ISA- Avellino - Italia- 4 Dicembre (**Relatore selezionato**)

SEMINARI SU INVITO

Si presenta un elenco selezionato dei ricercatori che l’hanno ospitata e sedi.

- Prof. Frusciante presso Dipartimento di Scienze del Suolo della Pianta dell’Ambiente e delle Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli “Federico II”, Napoli - Ottobre 2005: La Bioinformatica come supporto per l’analisi genomica di organismi di interesse agrario
- Dott. M. Guarracino presso Icar Istituto di calcolo ad alte prestazioni CNR, Napoli, 30 Maggio 2006: “Bioinformatics for Genome Analysis: The Italian Platform for the Tomato Genome Project”
- Dott. G. Giuliano presso ENEA-Casaccia (Roma), Marzo 2006: “Bioinformatics for structural and functional analyses of the Tomato genome”
- Dott. Iacomino presso Istituto di Scienze dell’Alimentazione ISA-CNR, Avellino, Giugno 2007: “Bioinformatics for the analysis of “omics” data”
- Prof. Monti presso CNR Bari, Gennaio 2008: “Bioinformatics in the “omics” era: meeting the challenge of integration. Examples in Plant Genomics.”
- Dott. G. Perrotta presso ENEA-Trisaia, Ottobre 2007: “Bioinformatics in the “omics” era: meeting the challenge of integration”
- Prof. M. Morgante presso IGA: Istituto di Genomica Avanzata, Udine, Febbraio 2008: Bioinformatics in the “omics” era: meeting the challenge of “integration”
- Prof. M. Pezzotti presso Università degli Studi di Verona, Verona, Febbraio 2008: “A computational platform to investigate on expression patterns from ESTs”
- Prof. R. Tagliaferri presso Università degli Studi di Salerno, Fisciano, Salerno, Febbraio 2008: “Bioinformatics in the ‘omics’ era: meeting the challenge of ‘integration’”
- Prof. R. Di Lauro presso Stazione Zoologica Anton Dohrn, Maggio 2008: “Bioinformatics in the “omics” era: meeting the challenge of integration”

- Dott. T. Cardi presso CRA-ORT: Centro di ricerca per l’Orticultura, Pontecagnano, Salerno, Aprile 2013: “La bioinformatica nell’era delle scienze omiche: obiettivo integrazione!”

“OUTREACH ACTIVITY”

Sintesi: organizza, partecipa e contribuisce ad attività di divulgazione anche al di fuori di ambiti scientifici.

Tramite mezzi di comunicazione di massa

- 1) “Anche l’informatica diventa BIO e innova i metodi”, di Maria Luisa Chiusano (2005). In “Come alla Corte di Federico II” (Contribution in the special issue Geni, Genomi e Malattie from Corriere del Mezzogiorno);
- 2) “I BioBricks: costruire la vita on demand” di Maria Luisa Chiusano e Luigi Lania, on UNINA website (2005);
- 3) “Tutti i segreti del pomodoro” intervista per quotidiano *Napoli più, 1 aprile 2008*;
- 4) “Genoma del pomodoro, studio napoletano” intervista per quotidiano *Roma, 31 marzo 2008*;
- 5) “Zafferano: svelati I segreti genetici da un consorzio italiano” comunicato stampa su Mondo agricolo 20/2007;

Come invitata in eventi pubblici

- 6) Relatore invitato al “Festival della Scienza 2013”, Genova. Conferenza “*La sfida del XXI secolo: nutrire il pianeta senza danneggiarlo: riconciliare la conservazione della biodiversità e la sicurezza alimentare*”
- 7) Relatore invitato al “Darwin Day” 2014, Department of Agraria, Università degli Studi di Napoli, titolo della relazione: “*Il programma biologico: la perfezione dell’imperfezione in un disegno perfetto*”
- 8) Relatore invitato al “Bergamo Scienza” 2014, Bergamo. Conferenza “*La bellezza salverà il mondo?*” titolo della relazione: “*Selezione naturale e selezione artificiale: una questione di punti di vista!*”

- PUBBLICAZIONI -

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI

Le pubblicazioni sono presentate nel curriculum raggruppate in relazione al ruolo assunto come coautore e quindi in ordine di anno di pubblicazione crescente.

La numerazione e' associata in ordine di rilevanza del lavoro presentato

Indicazioni:

L'impact factor per ciascuna pubblicazione è quello riportato a Luglio 2016 sul sito di ciascuna rivista.

Sintesi: è autore di piu' di 50 pubblicazioni su riviste scientifiche internazionali.

In totale:

-Corresponding author: 19, di cui 1 come invited editorial article e 2 come invited review article

-First author: 4

-Responsabile per la bioinformatica: 14, inclusa una review.

-In collaborazioni internazionali: 6, inclusa 1 review

-Altro ruolo: 10, incluse 2 review

Corresponding o senior author

- Chiusano ML, Di Giaimo R, Potenza N, Russo GM, Geraci G, del Gaudio R (2005). A possible flip-flop genetic mechanism for reciprocal gene expression; FEBS Lett, 579(22):4919-22. IF: 3.519 (corresponding author)
- D'Agostino N, Aversano M and Chiusano ML (2005). ParPEST: a pipeline for EST data analysis based on parallel computing; BMC Bioinformatics, 6 (Suppl 4):S9. IF: 2.97 (corresponding author)
- D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L and Chiusano ML (2007). TomatEST Database: in silico exploitation of EST data to mine on expression patterns in Tomato species; Nucleic Acids Research, (Database issue):D901-5. Epub 2006 Nov 16. IF: 9.202 (corresponding author)
- D'Agostino N, Traini A, Frusciante L and Chiusano ML (2007). Gene models from ESTs (GeneModelEST): an application on the Solanum lycopersicum genome; BMC Bioinformatics, 8(Suppl 1):S9. IF: 2.97 (corresponding author)
- Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Licciardello C, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L, Monti L (2008). ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource; BMC Bioinformatics, 9Suppl 2:S7. IF: 2.97 (corresponding author)
- D'Agostino N, Traini A, Frusciante L, Chiusano ML (2009). SolEST database: a one-stop shop approach to the study of Solanaceae transcriptomes; BMC Plant Biol, 9:142. IF: 3.631 (corresponding author)
- Vigilante A, Sangiovanni M, Chiusano ML (2010). *Arabidopsis thaliana*: a highly duplicated genome. How and why?; Minerva Biotecnologica, vol. 22, ISSN: 1120-4826. IF: 0.246 (corresponding author)
- Di Filippo M, Traini A, D'Agostino N, Frusciante L, Chiusano ML (2012). Euchromatic and heterochromatic compositional properties emerging from the analysis of Solanum lycopersicum BAC sequences; Gene, 499(1):176-81. IF: 2.319 (corresponding author)
- Traini A, Iorizzo M, Mann H, Bradeen JM, Carputo D, Frusciante L, Chiusano ML (2013). Genome Microscale Heterogeneity among Wild Potatoes Revealed by Diversity Arrays Technology Marker Sequences; Int J Genomics, 2013:257218. IF: 1.830 (corresponding author)
- Sangiovanni M, Vigilante A, Chiusano ML (2013). Exploiting a Reference Genome in Terms of Duplications: The Network of Paralogs and Single Copy Genes in *Arabidopsis thaliana*. Special Issue in Plant Biology; Biology, 2(4), 1465-1487. ISSN 2079-7737 (corresponding author)
- Licciardello C, D'Agostino N, Traini A, Recupero GR, Frusciante L, Chiusano ML (2014). Characterization of the glutathione S-transferase gene family through ESTs and expression analyses within common and pigmented cultivars of *Citrus sinensis* (L.) Osbeck. BMC Plant Biol, 14:39. doi: 10.1186/1471-2229-14-39. IF: 3.631 (corresponding author)
- Bostan H, Chiusano ML (2015). NexGenEx-Tom: a gene expression platform to investigate the functionalities of the tomato genome. BMC Plant Biol, 15:48. DOI 10.1186/s12870-014-0412. IF: 3.631 (corresponding author)
- Mazzoleni S, Carteni F, Bonanomi G, Senatore M, Termolino P, Giannino F, Incerti G, Rietkerk M, Lanzotti V, Chiusano ML (2015). Inhibitory effects of extracellular self-DNA: a general biological process? New Phytol, 206(1):127-32. DOI: 10.1111/nph.13306. IF: 7.21 (senior author)
- Ambrosino L, Bostan H, Di Salle P, Chiusano ML (2016). pATsi: paralogs and singleton genes from Arabidopsis thaliana. Evolutionary Bioinformatics Online 12, 1 IF: 1.404 (corresponding author)
- Ruggieri V, Bostan H, Barone A, Frusciante L, Chiusano ML (2016). Integrated Bioinformatics to decipher the Ascorbic Acid Metabolic Network in Tomato Plant Mol Biol, 91(4-5):397-412. DOI 10.1007/s11103-016-0469-4. IF: 3.905 (corresponding author)
- Di Salle P, Incerti G, Colantuono C, Chiusano ML (2016). Gene co-expression analyses: an overview from microarray collections in *A. thaliana*. Briefings in Bioinformatics Briefings in bioinformatics, bbw002. IF: 8.399 (corresponding author)
- Ambrosino L, Chiusano ML (2017) [Transcriptologs: A Transcriptome-Based Approach to Predict Orthology Relationships](#). Bioinformatics and Biology Insights 2017 (11), 0-0

Corresponding author in invited review articles (peer reviewed)

- Ambrosino L, Bostan H, Ruggieri V, Chiusano ML (2016). Bioinformatics resources for pollen. Plant Reprod, 29(1-2):133-47. doi: 10.1007/s00497-016-0284-8. IF: 2.468 (corresponding author) review article
- Esposito A, Colantuono C, Ruggieri V, Chiusano ML (2016). Bioinformatics for Agriculture in the Next Generation Sequencing era. Chemical and Biological Technologies in Agriculture, 3:9. DOI 10.1186/s40538-016-0054-8. ISSN: 2196-5641 (corresponding author) invited review article

Invited editorial article

- Chiusano ML (2015). On the Multifaceted Aspects of Bioinformatics in the Next Generation Era: The Run that must keep the Quality. Journal of Next Generation Sequencing & Applications. (Invited Editorial)

Primo autore

- Chiusano ML, D'Onofrio G, Alvarez-Valin F, Jabbari K, Colonna G, Bernardi G (1999). Correlations of nucleotide substitution rates and base composition of mammalian coding sequences with protein structure; Gene, 138: 23-31. IF: 2.319 (first author)
- Chiusano ML, Alvarez-Valin F, Di Giulio M, D'Onofrio G, Ammirato G, Colonna G and Bernardi G (2000). Second codon positions of genes and the secondary structures of proteins: implications for the origin of the genetic code; Gene, 261: 63-69. IF: 2.319 (first author)
- Chiusano ML, Frappat L, Sorba P, Sciarrino A (2001). Codon usage correlations and Crystal Basis Model of the Genetic Code; Europhysics Letters, 55(2): 287-293. IF: 1.963 (first author)
- Chiusano ML, Gojobori T, Toraldo G (2005). A C++ Computational Environment for Biomolecular Sequence Management.; Computational Management Sciences, 2: 165-180. ISSN: 1619-6988 (first author)

Responsabile per la Bioinformatica

25. Barone A, Chiusano ML, Ercolano MR, Giuliano G, Grandillo S, Frusciante L (2008). Structural and functional genomics of tomato. *Int J Plant Genomics*, 2008:820274. **IF: 4.17 (responsible for bioinformatics) review article**
26. D'Agostino N, Pizzichini D, Chiusano ML, Giuliano G (2007). An EST database from saffron stigmas. *BMC Plant Biol*, 9:7:53. **IF: 3.631 (responsible for bioinformatics)**
27. Torre S, D'Agostino N, Chiusano ML, Frusciante L, Traini A, Barone A (2007). BAC sequencing and annotation driven by experimental data: an application for a Serine-Threonine kinase on tomato chromosome 12. *Acta Hort*, (ISHS) 745:495-500. **ISSN 0567-7572 (responsible for bioinformatics)**
28. Mastrangelo AM, Turchi L, D'Agostino N, De Leonardi AM, Giovanniello V, Ferragoni P, De Vita P, Chiusano ML, Giuliano G, Cattivelli L. (2007). Analysis of sequences expressed following water stress in durum wheat in different developmental stages and tissues. *Journal of Genetics and Breeding* 61:121. **ISSN 03949257 (responsible for bioinformatics)**
29. Licciardello C, Bernardi J, Russo MP, Chiusano ML, Cerletti G, Reforgiato RG, Marocco A (2009). Use of a custom array to study differential expressed genes during blood orange (*Citrus sinensis* L. Osbeck) maturation. *Journal of Plant Physiology*, 167(4):301-10. doi: 10.1016/j.jplph.2009.09.009. **IF: 2.971 (responsible for bioinformatics)**
30. Alagna F, D'Agostino N, Torchia L, Servili M, Rao R, Pietrella M, Giuliano G, Chiusano ML, Baldoni L, Perrotta G (2009). Comparative 454 pyrosequencing of transcripts from two olive genotypes during fruit development. *BMC Genomics*, 10:399 **IF: 3.867 (responsible for bioinformatics)**
31. Zenoni S, D'Agostino N, Tornielli GB, Quattrocchio F, Chiusano ML, Koes R, Zethof J, Guzzo F, Delledonne M, Frusciante L, Gerats T, Pezzotti M (2011). Revealing impaired pathways in the an1 mutant by high-throughput characterization of *Petunia axillaris* and *Petunia inflata* transcriptomes. *Plant J*, 68(1):11-27. **IF: 5.468 (responsible for bioinformatics)**
32. Natale A, Sims C, Chiusano ML, Amoroso A, D'Aniello E, Fucci L, Krumlauf R, Branno M, Locascio A (2011). Evolution of anterior Hox regulatory elements among chordates. *BMC Evol Biol*, 11:330. doi: 10.1186/1471-2148-11-330. **IF: 4.21 (responsible for bioinformatics)**
33. Miraglia V, Traini A, Chiusano ML, Carputo D (2011). Bioinformatics analysis of DArT markers to study potato biodiversity. *Minerva Biotecnologica*, vol. 23, p. 13-18, ISSN: 1120-4826 **IF: 0.246 (responsible for bioinformatics)**
34. Licciardello C, Russo MP, Reforgiato RG, Bernardi J, Marocco A, Butelli E, Martin C, Chiusano ML (2011). Anthocyanins: the 'secret' of Sicilian blood oranges. *Acta Hort.*, 359-365. **ISSN 0567-7572 (responsible for bioinformatics)**
35. Marconi G, Pace R, Traini A, Raggi L, Lutts S, Chiusano ML, Guiducci M, Falcinelli M, Benincasa P, Albertini E (2013). Use of MSAP markers to analyse the effects of salt stress on DNA methylation in rapeseed (*Brassica napus* var. *oleifera*). *PLoS One*, 8(9):e75597. **IF: 3.54 (responsible for bioinformatics)**
36. Iorizzo M, Gao L, Mann H, Traini A, Chiusano ML, Kilian A, Aversano R, Carputo D and Bradeen JM. (2014). A DArT marker-based linkage map for wild potato *Solanum bulbocastanum* facilitates structural comparisons between *Solanum* A and B genomes. *BMC Genetics* 15:123. doi: 10.1186/s12863-014-0123-6. **IF: 2.72 (responsible for bioinformatics)**
37. De Palma M, D'Agostino N, Proietti S, Bertini L, Lorito M, Ruocco M, Caruso C, Chiusano ML, Tucci M (2016). Suppression Subtractive Hybridization analysis provides new insights into the tomato (*Solanum lycopersicum* L.) response to the plant probiotic microorganism *Trichoderma longibrachiatum* MK1. *Journal of Plant Physiology* 190, 79-94. doi: 10.1016/j.jplph.2015.11.005. **IF: 2.971 (responsible for bioinformatics)**
38. Iovieno P, Punzo P, Guida G, Mistretta C, Van Oosten MJ, Nurcato R, Bostan H, Colantuono C., Costa A, Bagnaresi P, Chiusano ML, Albrizio R, Giorio P, Batelli G, Grillo S (2016). Transcriptomic changes drive physiological responses to progressive drought stress and rehydration in tomato. *Front Plant Sci*. 7:371. doi:

10.3389/fpls.2016.00371. **IF: 4.495 (responsible for bioinformatics)**

39. Ambrosone A, Batelli G., Bostan H, D'Agostino N, Chiusano ML, Perrotta G, Leone A, Grillo S, Costa A (2017) Distinct gene networks drive differential response to abrupt or gradual water deficit in potato. *Gene* 597, 30-39

Co-autore in collaborazioni internazionali

40. Yamasaki C, Murakami K, Fujii Y, Sato Y, Harada E, Takeda J, Taniya T, Sakate R, Kikugawa S, Shimada M, Tanino M, Koyanagi KO, Barrero RA, Gough C, Chun HW, Habara T, Hanaoka H, Hayakawa Y, Hilton PB, Kaneko Y, Kanno M, Kawahara Y, Kawamura T, Matsuya A, Nagata N, Nishikata K, Noda AO, Nurimoto S, Saichi N, Sakai H, Sanbonmatsu R, Shiba R, Suzuki M, Takabayashi K, Takahashi A, Tamura T, Tanaka M, Tanaka S, Todokoro F, Yamaguchi K, Yamamoto N, Okido T, Mashima J, Hashizume A, Jin L, Lee KB, Lin YC, Nozaki A, Sakai K, Tada M, Miyazaki S, Makino T, Ohyanagi H, Osato N, Tanaka N, Suzuki Y, Ikeo K, Saitou N, Sugawara H, O'Donovan C, Kulikova T, Whitfield E, Halligan B, Shimoyama M, Twigger S, Yura K, Kimura K, Yasuda T, Nishikawa T, Akiyama Y, Motono C, Mukai Y, Nagasaki H, Suwa M, Horton P, Kikuno R, Ohara O, Lancet D, Eveno E, Graudens E, Imbeaud S, Debily MA, Hayashizaki Y, Amid C, Han M, Osanger A, Endo T, Thomas MA, Hirakawa M, Makalowski W, Nakao M, Kim NS, Yoo HS, De Souza SJ, Bonaldo Mde F, Niimura Y, Kuryshv V, Schupp I, Wiemann S, Bellgard M, Shionyu M, Jia L, Thierry-Mieg D, Thierry-Mieg J, Wagner L, Zhang Q, Go M, Minoshima S, Ohtsubo M, Hanada K, Tonellato P, Isogai T, Zhang J, Lenhard B, Kim S, Chen Z, Hinz U, Estreicher A, Nakai K, Makalowska I, Hide W, Tiffin N, Wilming L, Chakraborty R, Soares MB, Chiusano ML, Suzuki Y, Auffray C, Yamaguchi-Kabata Y, Itoh T, Hishiki T, Fukuchi S, Nishikawa K, Sugano S, Nomura N, Tateno Y, Imanishi T, Gojobori T. (2008). The H-Invitational Database (H-InvDB), a comprehensive annotation resource for human genes and transcripts. *Nucleic Acids Res. (Database issue):D793-9*. Epub 2007 Dec 18. **IF: 9.202 (international collaboration, unique representative member for Italy)**
41. Mueller LA, Lankhorst RK, Tanksley SD, Giovannoni JJ, White R, Vrebalov J, Fei Z, van Eck J, Buels R, Mills AA, Menda N, Teclé IY, Bombarely A, Stack S, Royer SM, Chang SB, Shearer LA, Kim BD, Jo SH, Hur CG, Choi D, Li CB, Zhao J, Jiang H, Geng Y, Dai Y, Fan H, Chen J, Lu F, Shi J, Sun S, Chen J, Yang X, Lu C, Chen M, Cheng Z, Li C, Ling H, Xue Y, Wang Y, Seymour GB, Bishop GJ, Bryan G, Rogers J, Sims S, Butcher S, Buchan D, Abbott J, Beasley H, Nicholson C, Riddle C, Humphray S, McLaren K, Mathur S, Vyas S, Solanke AU, Kumar R, Gupta V, Sharma AK, Khurana P, Khurana JP, Tyagi A, Sarita, Choudhury P, Shridhar S, Chattopadhyay D, Pandit A, Singh P, Kumar A, Dixit R, Shing A, P raveen S, Dalal V, Yadav M, Ghazi IA, Gaikwad K, Sharma TR, Mohapatra T, Singh NK, Szinay D, de Jong H, Peters S, van Staveren M, Datema E, Fiers MWEJ, van Ham RCHJ, Lindhout P, Philippet M, Frasse P, Regad F, Zouine M, Bouzayen M, Asamizu E, Sato S, Fukuoka H, Tabata S, Shibata D, Botella MA, Perez-Alonso M, Fernandez-Pedrosa V, Osorio S, Mico A, Granell A, Zhang Z, He J, Huang S, Du Y, Qu D, Liu L, Liu D, Wang J, Ye Z, Yang W, Wang G, Vezzi A, Todesco S, Vaille G, Falcone G, Pietrella M, Giuliano G, Grandillo S, Traini A, D'Agostino N, Chiusano ML, Ercolano MR, Barone A, Frusciante L, Schoof H, Jöcker A, Bruggmann R, Spannagl M, Mayer KXF, Guigó R, Camara F, Rombauts S, Fawcett JA, Van de Peer Y, Knapp S, Zamir D & Stiekema W (2009). A Snapshot of the Emerging Tomato Genome Sequence. *The Plant Genome* 2(1):78-92 **IF: 4.98 (international collaboration)**
42. Quirin EA, Mann H, Meyer RS, Traini A, Chiusano ML, Litt A, Bradeen JM (2012). Evolutionary meta-analysis of solanaceous resistance gene and solanum resistance gene analog sequences and a practical framework for cross-species comparisons. *Mol Plant Microbe Interact* May; 25(5):603-12 **IF: 3.944 (international collaboration)**
43. Tomato Genome Consortium (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* 30;485(7400):635-41 **IF: 38.138 (international collaboration, Chiusano contributed to data analysis and to the writings as reported in author's contributions in Supplementary Materials (All. 15). Paper with cover in the Journal)**
44. Bokszczanin K, Bostan H, Bovy A, Chaturvedi P, Chiusano ML, Firon N, Innacone R, Jegadeesan S, Klaczynski K, Li H, Marina C,

Muller F, Paul P, Paupiere M, Pressman E, Rieu I, Scharf K, Schleiff E, Heusden AW, Virezen W, Weckwerth W, Winter P, And Fragkostefanakis S (2013). Perspectives on deciphering mechanisms underlying plant heat stress response and thermotolerance. *Frontiers in Plant Science* 4 **IF: 4.495 (international collaboration) review article**

45. Bokszczanin KL, Krezdorn N, Fragkostefanakis S, Müller S, Rycak L, Chen Y, Hoffmeier K, Kreuz J, Paupière MJ, Chaturvedi P, Iannacone R, Müller F, Bostan H, Chiusano ML, Scharf KD, Rotter B, Schleiff E, Winter P (2015). Identification of novel small ncRNAs in pollen of tomato. *BMC Genomics* 16(1):714 doi: 10.1186/s12864-015-1901-x **IF: 3.867 (international collaboration)**
46. Simm S, Scharf KD, Jegadeesan S, Chiusano ML, Firon N, Schleiff E. (2017) Survey of Genes Involved in Biosynthesis, Transport, and Signaling of Phytohormones with Focus on *Solanum lycopersicum*. *Bioinform Biol Insights*. 2016 Sep 26;10:185-207.

Altro ruolo

47. Del Gaudio R, Potenza N, Stefanoni P, Chiusano ML, Geraci G (1998). Organization and nucleotide sequence of the cluster of the five histone genes in the Polichaete worm *Chaetopterus variopedatus*. The H1 histone gene is the first found in the Phylum Annelida. *Journal of Mol Evol*, 46(1): 64-73 **IF: 1.847**
48. Iazzetti G, Chiusano ML, Calogero R A (1998). STRIRED: A Package for the Graphical Analysis of String Repeats. *Bioinformatics*, 14(2): 221-222 **IF: 5.766**
49. Facchiano A, Stiuso P, Chiusano ML, Caraglia M, Giuberti G, Marra M, Abbruzzese A, Colonna G (2001). Homology modelling of the human eukaryotic initiation factor 5A (eIF-5A). *Protein Engineering*, 14: 11-12 **IF: 2.364**
50. Scala S, Carels N, Falcatore A, Chiusano ML and Bowler C (2002). Genome Properties of the Diatom *Phaeodactylum tricorutum*. *Plant Physiology*, 128(3): 993-1002 **IF: 8.030**
51. Potenza N, Del Gaudio R, Chiusano ML, Russo GMR, Geraci G (2003). Specificity of cellular expression of *C variopedatus* polychaete innexin in the developing embryo Evolutionary aspects of innexins heterogeneous gene structures. *J Mol Evol*, 57(1): 165-173 **IF: 1.847**
52. Cicatiello L, Mutarelli M, Grober OM, Paris O, Ferraro L, Ravo M, Tarallo R, Luo S, Schroth GP, Seifert M, Zinser C, Chiusano ML, Traini A, De Bortoli M, Weisz A.(2010). Estrogen Receptor {alpha} Controls a Gene Network in Luminal-Like Breast Cancer Cells Comprising Multiple Transcription Factors and MicroRNAs. *Am J Pathol*, 176(5):2113-30. **IF: 4.206**
53. Ercolano MR, Sacco A, Ferriello F, D Alessandro R, Tononi P, Traini A, Barone A, Zago E, Chiusano ML, Buson G, Delledonne M, Frusciante L (2014). Patchwork sequencing of tomato San Marzano and Vesuviano varieties highlights genome-wide variations. *BMC Genomics*, 15(1):138 doi: 10.1186/1471-2164-15-138 **IF: 3.867**
54. Mazzoleni S, Bonanomi G, Incerti G, Chiusano ML, Termolino P, Mingo A, Senatore M, Giannino F, Carteni F, Rietkerk M, Lanzotti V (2014). Inhibitory and toxic effects of extracellular self-DNA in litter: a mechanism for negative plant-soil feedbacks? *New Phytol*, 205(3):1195-210 doi: 10.1111/nph13121 **IF: 7.21**
55. Mazzoleni S, Carteni F, Bonanomi G, Incerti G, Chiusano ML, Termolino P, Migliozzi A, Senatore M, Giannino F, Rietkerk M, Risitano A, Lanzotti V (2014). New perspectives on the use of nucleic acids in pharmacological applications: inhibitory action by extracellular self-DNA in biological systems. *Phytochemistry Rev* 13 (4), 937-946 **IF: 2.686 (review article)**
56. Carteni F, Bonanomi G, Giannino F, Incerti G, Vincenot CE, Chiusano ML, Mazzoleni S (2016). Self-DNA inhibitory effects: Underlying mechanisms and ecological implications. *Plant Signal Behav* 11(4):e1158381 doi: 10.1080/15592324.2016.1158381. **IF: 1.07 (review article)**

CONTRIBUTI IN LIBRI

Indicazioni: contributi su libro sono riportati continuando la numerazione a partire da Pub. n.54

Sintesi: è coautore di 7 capitoli di libri di cui uno in stampa. Per 5 di questi è responsabile del lavoro.

57. Chiusano ML, Frusciante L, Toraldo G, (2005) "Inferring on the origin of the genetic code by integrated data mining". Chapter of the refereed volume "Data Mining in Biomedicine" Springer, Publishing Date 03/07, volume 7, Springer Optimization and its Applications ISBN 978-0-387-69319-4 (Capitolo in libro)
58. Chiusano ML, D'Agostino N, Barone A, Carputo D, Frusciante L, (2009) "Genome Analysis of Species of Agricultural Interest". Chapter of the referred volume "Advances in Modelling Agricultural Systems", Publishing date 2008, volume 25, Springer Optimization and its Applications ISBN 978-0-387-75180-1 (Capitolo in libro)
59. Mann H, Iorizzo M, Gao L, D'Agostino N, Carputo D, Chiusano ML, Bradeen JM (2009) "Molecular Linkage Maps: Strategies, Resources and Achievements" Chapter of the book "Genetics, Genomics and Breeding in Potato" (Editor: James Bradeen, Science Publishers) ISBN: 978-1-578-087150 (Capitolo in libro)
60. Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Di Filippo M, Frusciante L (2009) "ISOL@: una piattaforma bioinformatica per l'analisi strutturale e funzionale del pomodoro" Chapter in: "Genomica per la valorizzazione di frumento duro e pomodoro" QUADERNI ACCADEMIA DEI GEORGOFILI, vol III, ISSN:1826-2759 (Capitolo in libro)
61. Vigilante A, Sangiovanni M, Colantuono C, Frusciante L, Chiusano ML (2010) "Genome Duplication and Gene Annotation: an Example for a Reference Plant Species" Chapter in: "Network tools and applications in biology" Nettab-BBCC2010 biological wikis ISBN: 978-88-548-3658-7 (Articolo in libro)
62. Grandillo S, Chetelat R, Knapp S, Spooner D, Peralta I, Cammareri M, Perez O, Tripodi P, Termolino P, Chiusano ML, Ercolano MR, Frusciante L, Monti LM, Pignone D (2011) "Solanum section Lycopersicon" Chapter in "Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources" Vegetables vol 5, p 129-216, C Kole (edited by Springer), ISBN: 978-36-4220-449-4 (Capitolo in libro)
63. Chiusano ML, Colantuono C. "Repeat sequences in the Tomato genome" Chapter in "The Tomato Genome" by Causse M., Giovannoni J, Bouzayen M., Zouine M. (edited by Springer), In press (Capitolo in libro)

CONTRIBUTI COME ABSTRACT IN RIVISTE SCIENTIFICHE O PRE-PRINTS

64. Facchiano AM, Chiusano ML, Gallo T, Ragone R, Colonna G. (1998) " Functional relationships between flexible and solvent accessible regions in proteins". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 47, p. 157, ISSN: 0021-2938.
65. Chiusano ML, Facchiano AM, Colonna G. (1998) "Computational methods for nucleic acid sequence analyses". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 47, p. 187, ISSN: 0021-2938.
66. Del Gaudio R, Potenza N, Di Giaimo R, Russo GMR, Chiusano ML, Ceraci G. (2002) "Phylogenetic relationships between marine organisms suggested analysis of h1 histone proteins and 3' utr of their genes". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 51, p. 262, ISSN: 0021-2938.
67. Chiusano ML, Potenza N, Del Gaudio R, Russo GMR, Di Giaimo R, Mondola T, Geraci G, (2003) "Integrated computational analyses from gene to protein: the structure organization of the innexin family". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 52, p. 149, ISSN: 0021-2938
68. Di Giaimo R, Russo GMR, Iovine B, Del Gaudio R, Chiusano ML, Bevilacqua MA., Russo T, Geraci G, (2003) "Gene expression of dna methyltransferases and demethylases during CaCO-2 cell differentiation". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 52, p. 365, ISSN: 0021-2938
69. Chiusano ML, Di Giaimo R, Maddalena E, Russo GMR, Geraci G, Del Gaudio R, (2005) "On a flip-flop structural genetic mechanism that controls reciprocal gene expression". *The Italian Journal of Biochemistry*, vol. 54, p. 158, ISSN: 0021-2938

70. Ambrosino L, Bostan H, Ruggieri V, Chiusano ML (2016) “An integrated multi-level comparison highlights common aspects and specific features between distantly-related species: Tomato and Grapevine” PeerJ Preprints 4:e2208v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2208v1>

CONTRIBUTI SU LIBRI PER LA DIDATTICA

- Co-autore di libro di testo universitario “Biotecnologie e Genomica delle Piante” Casa editrice Idelson Gnocchi, 2014 ISBN 978-88-7947-585-3 (Co-autore di testo per la didattica)

DIVULGAZIONE TRAMITE MEZZI DI COMUNICAZIONE DI MASSA (QUOTIDIANI, INTERNET, ALTRO)

(Attività già descritta tra le “outreach activities”).

Sintesi: è autore di 2 articoli; menzionata/intervistata in 3 articoli.

- “Anche l’informatica diventa bio e innova i metodi”, di Maria Luisa Chiusano (2005). in “Come alla Corte di Federico II” (contributo nell’edizione speciale Geni, Genomi e Malattie, Corriere del Mezzogiorno);
- “I biobricks: costruire la vita on demand” di Maria Luisa Chiusano e Luigi Lania, le rubriche di Unina Website (2005); (All.14.2)
- “Tutti i segreti del pomodoro” intervista per quotidiano Napoli più, 1 aprile 2008;
- “Genoma del pomodoro, studio napoletano” intervista per quotidiano Roma, 31 marzo 2008;
- “Zafferano: svelati i segreti genetici da un consorzio italiano” comunicato stampa su Mondo Agricolo 20/2007;

- PRESENTAZIONI A CONVEGNI -

Sintesi: è co-autore di più di 100 presentazioni a convegno la maggior parte presentate come corresponding author e su libri di abstract indicizzati. Si presenta l'elenco dettagliato delle principali.

1995:

Convegni internazionali:

- 1) Chiusano ML, Toraldo G (1995), "A c++ code for the analysis of nucleic acid sequences", in abstracts of the meeting: "Object oriented computing in the natural sciences '95" - EMBL-IMAG- Grenoble - Francia - 21-24 Novembre 1995 (relatore selezionato)

1997:

Convegni internazionali:

- 2) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), "Finding genes in large sequences: a comparative computational approach", in abstracts of the meeting "New Trends In Biotechnology '97 Science And Education" - Capri - Italia - 26-28 Maggio 1997 (poster section)
- 3) Facchiano AM, Chiusano ML and Colonna G (1997), "Looking for hidden information in protein tridimensional structures", in abstracts of the meeting: "New Trends In Biotechnology '97 Science And Education" - Capri - Italia - 26-28 Maggio 1997 (poster section)
- 4) Facchiano AM, Chiusano ML, Distasi R, Della Vecchia G, Gallo T and Colonna G (1997), "Pattern matching of tridimensional structures in proteins", in abstracts of the meeting: "New Trends In Biotechnology '97 Science And Education" - Capri - Italia - 26-28 Maggio 1997 (Poster Section)
- 5) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), "Computational Analyses of Large Sequence Features based on Graphical Approaches", in Abstracts of the meeting: "Genome-Based Analysis of Gene Regulation and Its Evolution" - International Institute of Genetics and Biophysics (IIGB) - Capri - Italia - 11-14 Ottobre 1997 (Poster Section)

Convegni Nazionali:

- 6) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), "Computational Tools for Large Sequence Analysis", in Abstract of "Genome Research and Sequencing Technology" -TIGEM CRIBI IIGB - S. Miniato (Pisa) - Italia - 2-4 Giugno 1997 (**Relatore selezionato**)
- 7) Chiusano ML, Facchiano AM and Colonna G (1997), "Metodi computazionali per l'analisi di sequenze di acidi nucleici", in Abstract of "Riunione Congiunta SIB" Società Italiana di Biochimica (SIB)-Gruppo di Biochimica della Nutrizione e Sezione Campania Puglia Calabria Molise Basilicata - Avellino - Italia - 20-21 Giugno 1997 (**Relatore selezionato**)
- 8) Facchiano AM, Chiusano ML, Gallo T, Ragone R and Colonna G (1997), "Analisi delle relazioni funzionali tra regioni accessibili e regioni flessibili nelle proteine", in Abstract of "Riunione Congiunta SIB" Società Italiana di Biochimica (SIB)- Gruppo di Biochimica della Nutrizione e Sezione Campania - Puglia - Calabria - Molise - Basilicata - Avellino - Italia - 20-21 Giugno 1997 (Poster Section)

1998:

Convegni Nazionali:

- 9) Facchiano A, Ammirato G, Chiusano ML and Colonna G (1998), "How Single Amino Acids Affect Helix Stability: a Computational Study", in Abstract of 43° Congresso Nazionale della Società Italiana di Biochimica (SIB), Italian Biochemical Society Transactions Vol11: 419 - Bari - Italia (Poster Section)

2000:

Convegni Internazionali:

- 10) Chiusano ML (2000), "Correlations between protein secondary structures and base content at codon second position", convegno internazionale "Neutralism and Selectionism: the end of a debate" Stazione Zoologica Anton Dohrn and International Society of

Molecular Evolution - Ischia (Napoli)- Italia- 4-6 Maggio 2000 (**Relatore invitato**)

Convegni nazionali:

- 11) Chiusano ML, Colonna G (2000), "From DNA to protein : comparative analyses to investigate structural relationships" , in Abstract of BIOCOMP2000: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) - Siena - Italia - 3-4 Marzo (Poster Section)
- 12) Chiusano ML, Colonna G (2000), "User friendly computational tools for the Analyses of large nucleic acid sequences" , in Abstract of BIOCOMP2000: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) - Siena - Italia - 3-4 Marzo (Poster Section)
- 13) Facchiano AM, Ammirato G, Chiusano ML, Gallo T, Colonna G (2000), "A service for protein and nucleic acid analysis at the CRISCEB web site" , in Abstract of BIOCOMP2000: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) - Siena - Italia - 3-4 Marzo (Poster Section)

2001:

Convegni Internazionali:

- 14) Chiusano ML (2001), "The relationships between Protein Structure and the compositional features at genomic level" , in Abstracts of the meeting: "Natural Selection and the Neutral Theory", 5th Anton Dohm Workshop - Ischia (Napoli)- Italia - 24-27 Ottobre (**Relatore invitato**)

Convegni Nazionali:

- 15) Chiusano ML, Alvarez-Valin F , Di Giulio M, D'Onofrio G, Ammirato G, Colonna G and Bernardi G (2001), "Analyses from coding regions to protein structures: second codon position preferences and the organisation of the genetic code" , in Abstract of BIOCOMP2001: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) - Siena - Italia - 17-18 Febbraio (Poster Section)
- 16) Facchiano AM, Ammirato G, Chiusano ML and Colonna G (2001), "Computational analysis of amino acid helix-propensity", in Abstract of BIOCOMP2001: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM) e Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) - Siena - Italia - 17-18 Febbraio (Poster Section)
- 17) Chiusano ML, Alvarez-Valin F , Di Giulio M, D'Onofrio G, Ammirato G, Colonna G and Bernardi G (2001), "Dal gene alla struttura proteica: strutture secondarie, composizione nucleotidica in seconda posizione dei codoni ed origine del codice genetico", in Abstract of the "Giornate Scientifiche della Facoltà 2001", Facoltà di Medicina e Chirurgia, Seconda Università di Napoli - Napoli - Italia - 20-22 Giugno (Poster Section)

2002:

Convegni Internazionali:

- 18) Miranda AB, Alvarez-Valin F, Chiusano ML and Bernardi G (2002), "Codon usage, hydrophobicity and proteins structure in Mycobacteria tuberculosis", in Abstracts of the meeting: XXIII Reunião de Genética de Microorganismos - Pirenópolis (Goiás) - Brazil - 3-5 Marzo (Poster Section)
- 19) Chiusano ML and Bernardi G (2002), "Correlations between GC and optimal growth temperature in prokaryotic genomes", in Abstracts of the meeting: "Molecular Evolution: Evolution, Genomics and Bioinformatics" - International Society of Molecular Evolution and Society for Molecular Biology and Evolution - Sorrento (Napoli) - Italia - 13-16 Giugno (Poster Section)

Convegni Nazionali:

- 20) del Gaudio R, Potenza N, Di Giaimo R, Russo GMR, Chiusano ML, Geraci G (2002), "*Phylogenetic relationships between marine organisms suggested analysis of H1 histone proteins and 3' UTR of their genes*", in Abstract of the 47° Congresso Nazionale della Società Italiana di Biochimica (SIB) - Palermo - Italia -16-19 Settembre (Poster Section)

2003:

Convegni Internazionali:

- 21) Chiusano ML and Toraldo G (2003), "*A model for efficient manipulations of biological sequence data*", in Abstracts of the meeting: Computational Management Science (CMS) - Chania (Creta) - Grecia - 27-30 Maggio (**Relatore selezionato**)

Convegni Nazionali:

- 22) Chiusano ML, Potenza N, del Gaudio R, Russo GMR, Di Giaimo R, Mondola T and Geraci G (2003), "*Structure organization of the innexin family: integration of computational methods and molecular data*", in Abstract of BIOCOMP2003: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica", Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM), Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) e International Society for Computational Biology - Frascati (Roma) - Italia - 28-29 Marzo (Poster Section)
- 23) Chiusano ML (2003), "*Protein Structure and Genomic Composition*", in Abstracts of the meeting of BIOCOMP2003: Gruppo di Cooperazione "Bioinformatica"; Società Italiana di Biofisica e Biologia Molecolare (SIBBM), Associazione di Biologia Cellulare e Differenziamento (ABCD) e International Society for Computational Biology - Frascati (Roma) - Italia - 28-29 Marzo (Poster Section)
- 24) Chiusano ML, Potenza N, del Gaudio R, Russo GMR, Di Giaimo R, Mondola T and Geraci G (2003), "*Integrated Computational Analyses from Gene to Protein: the Structure Organization of the Innexin Family*", in Abstracts of the meeting Società Italiana di Biochimica 2003 - Ferrara - Italia - 15-18 Settembre (Poster Section)
- 25) Di Giaimo R, Russo GMR, Iovine B, del Gaudio R, Chiusano ML, Bevilacqua MA, Russo T, Geraci G (2003), "*Gene Expression of DNA Methyltransferases and De Methylases during CaCO-2 Cell Differentiation*", in Abstracts of the meeting Società Italiana di Biochimica 2003 - Ferrara - Italia - 15-18 Settembre (Poster Section)

2004:

Convegni Internazionali:

- 26) Chiusano ML and Toraldo G (2004), "*A methodology for memory management in dotplot analysis*" in Abstracts of the meeting: Computational Management Science (CMS) and Workshop on Computational Econometrics and Statistics- Neuchatel - Switzerland - 2-5 Aprile (**Relatore**)

Convegni Nazionali:

- 27) Di Dato V, Di Lauro R and Chiusano ML (2004), "*Comparative Genomics to Identify Regulatory Regions: an example from the Pax 8 gene*" In Abstracts of BITS2004: Meeting annuale della Società Italiana di Bioinformatica- Padova - Italia - 26-27 Marzo (Poster Section)

2005:

Convegni Internazionali:

- 28) Chiusano ML (2005), "*Tomato Genome Sequencing: Italian Report on Chromosome 12*" in Abstracts of Plant and Animal Genome XIV Conference- S Diego - California - 15-19 Gennaio (**Relatore**)
- 29) Chiusano ML, Frusciante L, Toraldo G (2005) "*Mining integrated data to investigate relationships between nucleic acids and proteins*" in Abstracts of "Datamining in Biomedicine" Gainesville - Florida - 2-4 Febbraio (**Relatore**)
- 30) Chiusano ML (2005), "Tomato Genome Sequencing: Comparison of Gene Prediction Software" in abstract of the 2nd International Solanaceae meeting 2005 - Ischia (Napoli)- Italia- 25-29 Settembre (Relatore selezionato)
- 31) D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L and Chiusano ML (2005), "In silico investigations on expression patterns derived from Tomato EST data" in abstract of the 2nd International Solanaceae meeting 2005 - Ischia (Napoli)- Italia- 25-29 Settembre (Poster Section)

- 32) Raimondo E and Chiusano ML (2005), "A Computational Approach To Investigate On Protein Interactions: An Example For Tomato Inhibitor-II" in abstract of the 2nd International Solanaceae meeting 2005 - Ischia (Napoli)- Italia- 25-29 Settembre (Poster Section)

Convegni Nazionali:

- 33) D'Agostino N, Aversano M, and Chiusano ML (2005), "*ESTCLASS: a pipeline for est data analysis using parallel computing*", in Abstracts of BITS 2005, Meeting Annuale della Società Italiana di Bioinformatica - Milano - Italia 17-19 Marzo (Poster Section)
- 34) Chiusano ML, Di Giamo R, Maddalena E, Russo GMR, del Gaudio R, Geraci G (2005), "*On A Flip-Flop Structural Genetic Mechanism that Controls Reciprocal Gene Expression*" in Abstracts of the Società Italiana di Biochimica 50° Congresso Nazionale - Riccione - Italia, 27-30 Settembre (Poster Section)

2006:

Convegni Internazionali:

- 35) Traini A and Chiusano ML: "Mapping expressed sequence onto genomic data: evaluation of tools for a reliable experimental annotation" in abstract of the 3rd International Solanaceae meeting 2006- Madison (Wisconsin)- USA, 23-27 Luglio (**Relatore selezionato**)
- 36) Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L: "An Italian Platform For Solanaceae Genomics" in abstract of the 3rd International Solanaceae meeting 2006- Madison (Wisconsin)- USA, 23-27 Luglio (Poster Section)
- 37) Torre S, D' Agostino N, Chiusano ML, Frusciante L, Traini A, Barone A: "BAC sequencing and annotation driven by experimental data: an application for a serine-threonine kinase on chromosome 12" in abstract of the 3rd International Solanaceae meeting 2006- Madison (Wisconsin)- USA, 23-27 Luglio (Poster Section)
- 38) Raimondo E and Chiusano ML: "Ab initio prediction of protein binding sites: an application on tomato inhibitor-II" in abstract of the 3rd International Solanaceae meeting 2006- Madison (Wisconsin)- USA, 23-27 Luglio (Poster Section)
- 39) Chiusano ML, "Bioinformatics for the structural and functional analysis of the tomato genome", PlantGems Venice 2006: Plant Genomics European Meetings - Venice - 11-14 Ottobre (**Relatore invitato**)

Convegni Nazionali:

- 40) Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L: "An Integrated Platform for Solanaceae Genomics" in abstract of BITS 2006: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Bologna - 28-29 Aprile (Poster Section)
- 41) D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L and Chiusano ML: "TOMATEST DB: a database of expressed sequences to mine on Tomato functional genomics" in abstract of BITS 2006: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Bologna - 28-29 Aprile (Poster Section)
- 42) Traini A and Chiusano ML: "On the experimental annotation of tomato BACs sequences: reliable alignment for useful genomic analyses" in abstract of BITS 2006: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Bologna - 28-29 Aprile (Poster Section)
- 43) Raimondo E and Chiusano ML: "Pattern Discovery: a web based interface for exhaustive analyses on multiple biological sequences" in abstract of BITS 2006: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Bologna - 28-29 Aprile (Poster Section)
- 44) D'Agostino N, Pizzichini D, Cecchi F, Chiusano ML, Giugliano G: 'A searchable EST collection from saffron stigmas' in abstract of SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 50° Annual Congress 2006 - Ischia (Na), Italia - 10-14 Settembre (Poster Section)
- 45) D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L, Chiusano ML: 'A computational service for the analysis and the management of expressed sequence collections' in abstract of SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 50° Annual Congress 2006 -Ischia (Na), Italia - 10-14 Settembre (Poster Section)
- 46) A Traini, ML Chiusano 'On the Evaluation of computational tools for mapping expressed sequences onto genomic data': in abstract of SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 50° Annual Congress 2006 - Ischia (Na), Italia - 10-14 Settembre (Poster Section)

- 47) ML Chiusano, N D'Agostino, A Traini, E Raimondo, M Aversano, L Frusciante - *'Bioinformatica per la genomica di organismi di interesse agrario'* Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2006 -Istituto di Scienze dell' alimentazione, CNR - Avellino - 18 dicembre **(Relatore selezionato)**

2007:

Convegni Internazionali:

- 48) Chiusano ML "A computational platform to investigate on expression patterns from ESTs" in XLII Simposio Internazionale di Zootecnia "New Analytical Technologies: Tools and Implementation Strategies in Animal Science", Porto Conte Ricerche - Alghero - Italia - 29 Maggio 2007 **(Relatore invitato)**
- 49) Fawcett J, Rombauts S, Van De Peer Y, Schiex T, Noirot C, Gouzy J, Bruggmann R, Mayer K, Joecker A, Schoof H, Mathur S, Chattopadhyay D, Singh NK, Tyagi AK, Chiusano ML, Traini A, D'agostino N, Datema ED, Fiers MWEJ, Van Ham RCHJ, Camara F, Guigo R, Buchan D, Butcher S, Abbot J, Bishop G, Buels R, Mueller L "The international Tomato Genome annotation group, iTAG" - The 4th Solanaceae Genome Workshop 2007- Jeju island- Korea- 9-13 Settembre (Oral Session)

Convegni Nazionali:

- 50) Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Licciardello C, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L "An integrated computational workbench for structural and functional analysis in the Solanaceae Genomics Network" in BITS 2007: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica 2007 - Centro Congressi Ateneo 'Federico II' - Napoli - 26-28 Aprile **(Relatore selezionato)**
- 51) D'Agostino N, Chiusano ML "Characterizing the tomato transcriptome" in BITS 2007: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica 2007 - Centro Congressi Ateneo 'Federico II' - Napoli - 26-28 Aprile (Poster Section)
- 52) Traini A and Chiusano ML "BLASTZ-WEB: a web interface to the BLAST-Z algorithm" in BITS 2007: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica 2007 - Centro Congressi Ateneo 'Federico II' - Napoli - 26-28 Aprile (Poster Session & Traini Oral Spot Presentation)
- 53) "Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Licciardello C, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L "ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 51° ANNUAL CONGRESS 2007- Palazzo dei Congressi - Riva del Garda, Trento- Italia - 23-26 Settembre (Poster Section)
- 54) D'Agostino N, Licciardello C, Reforgiato Recupero G, Chiusano ML "On the glutathione S-transferase gene family in Citrus sinensis" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 51° Congresso annual 2007- Palazzo dei Congressi - Riva del Garda, Trento- Italia - 23-26 Settembre (Poster Section)
- 55) Licciardello C, D'Agostino N, Reforgiato Recupero G, Chiusano ML "Comparative analysis of expressed transcripts to investigate on tissue-specific genes" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 51° ANNUAL CONGRESS 2007- Palazzo dei Congressi - Riva del Garda, Trento- Italia - 23-26 Settembre (Poster Section)
- 56) Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Licciardello C, Aversano M, Frusciante L "Strategies to mine on expression patterns from EST data" in FISV Federazione Italiana Scienze della Vita IX ANNUAL CONGRESS 2007 - Riva del Garda, Trento- Italia -26-29 settembre 2007 (Poster Section)
- 57) Chiusano ML, D'Agostino N, Traini A, Licciardello C, Raimondo E, Aversano M, Frusciante L "ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource" in FISV Federazione Italiana Scienze della Vita IX ANNUAL CONGRESS 2007 - Riva del Garda, Trento- Italia -26-29 settembre 2007 (Poster Section)
- 58) Traini A, Vigilante A, Ciciatiello L, Ferraro L, Grober OMV, Mutarelli M, Ravo M, Chiusano ML, Weisz A "Una piattaforma web per l'analisi "genome-centered" di dati di espressione genica da cellule di carcinoma mammario" Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2007-ISA-CNR- Avellino- Italia 10 Dicembre (Poster Section)

2008:

Convegni Internazionali:

- 59) D'Agostino N, Pizzichini D, Cecchi F, Chiusano ML, Giugliano G "An EST database from saffron stigmas" PLANT & ANIMAL GENOMES

XVI CONFERENCE 2008 -San Diego, California- USA, January 12-16 (Poster Section)

- 60) Bovy A, Moltzoff J, D'Agostino N, Chiusano ML: "Development of an efficient RT-PCR based platform for gene expression profiling of transcription factors in tomato" in SOLANACEAE GENOME WORKSHOP 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre **(Relatore)**
- 61) D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L, Chiusano ML: "SOOLGLE: A Web Search Engine for EST-Based Comparative Studies" in SOLANACEAE GENOME WORKSHOP 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre (Poster Section)
- 62) Chiusano ML, D'Agostino ML, Traini ML, Frusciante L: "ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource" in SOLANACEAE GENOME WORKSHOP 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre **(Relatore selezionato)**
- 63) Fawcett J, Rombauts S, Van De Peer Y, Schiex T, Noirot C, Gouzy J, Bruggmann R, Mayer K, Joecker A, Schoof H, Mathur S, Chattopadhyay D, Singh NK, Tyagi AK, Chiusano ML, Traini A, D'agostino N, Datema ED, Fiers MWEJ, Van Ham RCHJ, Camara F, Guigo R, Buchan D, Butcher S, Abbot J, Bishop G, Buels R, Mueller L "The International Tomato Annotation Group - iTAG" in SOLANACEAE GENOME WORKSHOP 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre (Poster section and Rombauts Oral Presentation)
- 64) Giuliano G, Falcone G, Pietrella M, Fantini E, Fiore A, Perla C, Ercolano M, Barone A, Chiusano ML, Grandillo S, D'Agostino N, Melito S, Torre S, Traini A, Frusciante L, Vezzi A, Todesco S, D'Angelo M, Schiavon R, Campagna D, Zambon A, Pescarolo S, Levorin F, Valle G "The Italian contribution to the International Tomato Genome project" in SOLANACEAE GENOME WORKSHOP 2008 - Cologne - Germany 12-16 Ottobre (Poster Section)

Convegni Nazionali:

- 65) Chiusano ML, Traini A, D'Agostino N, Frusciante L "Halfway checkpoint! What can we learn from the draft and incomplete tomato genome?" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre **(Relatore selezionato)**
- 66) Licciardello C, D'Agostino N, Reforgiato Recupero G, Chiusano ML "Evaluation of alternative splicing in the Citrus sinensis glutathione S transferase gene family" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre (Licciardello oral Presentation)
- 67) D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L, Chiusano ML "Soolgle: a web search engine for comparative genomics in Solanaceae" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre (Poster Section)
- 68) Alagna F, Baldoni L, Perrotta G, Torchia L, Giuliano G, D'Agostino N, Chiusano ML "Olive fruit transcriptome analysis through 454 pyrosequencing" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre (Perrotta Oral Presentation)
- 69) Pietrella M, Falcone G, Fantini E, Fiore A, Perla C, Ercolano MR, Barone A, Chiusano ML, Grandillo S, D'Agostino N, Melito S, Torre S, Traini A, Frusciante L, Vezzi A, Todesco S, D'Angelo M, Schiavon R, Campagna D, Zambon A, Pescarolo S, Levorin F, Valle G, Giuliano G "The Italian contribution to the international tomato genome project" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 52° Congresso Annuale 2008 - Padova - Italia -14-17 Settembre (Poster Section)

2009:

Convegni Internazionali:

- 70) Chiusano ML "Mining on expressed sequences, examples from plant genome" in "VII World Congress on Alternatives and Animal Use in the Life Sciences" - Roma - Italia - 30 Agosto-3 Settembre 2009 **(Relatore invitato)**
- 71) Licciardello C, Russo MP, Bernardi J, Butelli E, Chiusano ML, Martin C, Marocco A, Reforgiato Recupero G Oral communication "Anthocyanins: the 'secret' of Sicilian oranges" 2nd International Citrus Biotechnology Symposium 2009- Catania - 30 Novembre - 2 Dicembre 2009 (Licciardello oral presentation)

Convegni Nazionali:

- 72) Chiusano ML, D'Agostino N, Di Filippo M, Maselli V, Traini A, Frusciante L "ISOL@ (the Italian SOLAnaceae genomics resource) evolution: novel insights into the structure and the function of the tomato genome" BITS 2009: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Genova - Italia - 18-20 marzo (Poster Section)
- 73) Di Filippo M, Maselli V, Traini A, D'Agostino N, Frusciante L, Chiusano ML "Solanaceae genomics: maybe we can" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 53° Congresso Annuale 2009 - Torino - Italia -16-19 Settembre (Di Filippo oral presentation)
- 74) Pietrella M, Falcone G, Fantini E, Gonzalez M, Ercolano MR, Chiusano ML, Grandillo S, D'Agostino N, Traini A, Frusciante L, Perrotta G, Vezzi A, Valle G, Giuliano G "The Tomato genome sequencing" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 53° Congresso Annuale 2009 - Torino - Italia -16-19 Settembre (Poster Section)
- 75) Iorizzo M, Mann H, D'Agostino N, Miraglia V, Chiusano ML, Bradeen JM, Carputo D "Comparative structural genomics between incongruent wild potato species" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 53° Congresso Annuale 2009 - Torino - Italia -16-19 Settembre (Poster Section)
- 76) Vigilante A, Marconi G, Chiusano ML, Albertini E "Comparative genome analysis of apostart and other genes involved in the control of plant reproduction" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 53° Congresso Annuale 2009 - Torino - Italia -16-19 Settembre (Poster Section)
- 77) Centomani I, Viggiano L, D'addabbo P, Maselli V, Cassandra R, Chiusano ML, De Giovanni C "Identification of new transcription factor binding sites involved in transcriptional coordination of the oxidative phosphorylation genes in *A thaliana*" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 53° Congresso Annuale 2009 - Torino - Italia -16-19 Settembre (Poster Section)
- 78) Di Filippo M, Traini A, Maselli V, D'Agostino N, Frusciante L, Chiusano ML, "Strategie bioinformatiche per la genomica delle solanaceae" Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2009, CNR-ISA- Avellino- Italia 13 Novembre (Poster section)

2010:

Convegni Internazionali:

- 79) Traini A, D'agostino N, Di Filippo M, Iorizzo M, Aversano R, Mann SH, Bradeen JM, Carputo D, Frusciante L, Chiusano ML "Interpreting and exploiting genome data based on suitable integrated bioinformatics platform" EAPR-EUCARPIA 2010 -Wageningen- the Netherlands- 27-30 Giugno (Traini oral presentation)
- 80) Bradeen JM, Quirin EA, Mann H, Traini A, Chiusano ML, Carputo D "Our Expanding Solar80 System: Towards Comprehensive Survey of the Solanaceae R--gene Space" in *PHYTOPATHOLOGY*. Vol. 102. American Phytopathological Society, 2012.
- 81) Quirin EA, Mann H, Traini A, Chiusano ML, Bradeen JM "Solar80: A Framework for Comparative Study of Solanum R gene Families" The 7th Solanaceae Genome Workshop 2010- Dundee- Scotland- 5-9 Settembre (Poster section)
- 82) D'Agostino N, Traini A, Sangiovanni M, Frusciante L, Chiusano ML "454 RNA-Seq Data Analysis: What is New and What is Unchanged?" in Fourth International Biocuration Conference 2010- Odaiba (Tokyo) - Japan - 11-14 October (Poster section)
- 83) Sangiovanni M, Vigilante A, Chiusano ML "*Arabidopsis thaliana*: further exploiting this plant reference genome" in Fourth International Biocuration Conference 2010- Odaiba (Tokyo) - Japan - 11-14 October (Sangiovanni oral presentation)
- 84) Traini A, D'agostino N, Di Filippo M, Carputo D, Frusciante L, Chiusano ML "An Italian SOLAnaceae Integrated Platform (ISOL@): the Kick Start to exploit Solanaceae Comparative Genomics" in Fourth International Biocuration Conference 2010- Odaiba (Tokyo) - Japan - 11-14 October (Poster section)

Convegni Nazionali:

- 85) Cassandra R, D'Agostino N, Traini A, Chiusano ML "PolySite: A tool for searching polymorphic sites within sequences from RNA-Seq and Sanger technology" in BITS 2010: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica -Bari - Italia - 14-16 Aprile (Poster section)
- 86) Di Filippo M, Traini A, D'Agostino N, Frusciante L, Chiusano ML "Revealing the chromosome organization of the emerging tomato

genome" in BITS 2010: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica -Bari - Italia - 14-16 Aprile (Poster section)

- 87) Traini A, D'Agostino N, Aversano M, Frusciante L, Chiusano ML "Linking the tomato and the potato genomes: the comparative season is now opened" in BITS 2010: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica -Bari - Italia - 14-16 Aprile (Poster section)
- 88) Sangiovanni M, Vigilante A, Colantuono C, Frusciante I, Chiusano ML "*Arabidopsis thaliana*: improving the reliability of this model species for comparative genomics" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 54° Congresso Annuale 2010 - Matera- Italia -27-30 Settembre (Poster section)
- 89) D'Agostino N, Zenoni S, Torielli GB, Chiusano ML, Frusciante L, Gerats T, Clark DG, Pezzotti M "Integration of bioinformatics and experimental approaches to investigate useful gene functionality in petunia species" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 54° Congresso Annuale 2010 - Matera- Italia -27-30 Settembre (Poster section)
- 90) Vigilante A, Marconi G, Albertini E, Chiusano ML "Comparative analysis of apostart genes in *Poa pratensis* and in other reference plant species" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 54° Congresso Annuale 2010 - Matera- Italia -27-30 Settembre (Poster section)
- 91) Sacco A, Vitale S, Iorizzo M, D'agostino N, Di Matteo A, Chiusano ML, Barone A "Characterization of an EST collection from potato genotypes resistant and susceptible to ralstonia solanacearum" in SIGA (Italian Society of Agriculture Genetics) 54° Congresso Annuale 2010 - Matera- Italia -27-30 Settembre (Poster section)

2011:

Convegni Internazionali:

- 92) Traini A, D'agostino N, Frusciante L, Chiusano ML "An integrated bioinformatics platform for interpreting and exploiting plant genome data" Plant Genome Evolution Conference 2011- Amsterdam- the Netherlands- 4-6 Settembre (Traini oral presentation)

Convegni Nazionali:

- 93) Vigilante A, Sangiovanni M , Frusciante L, Chiusano ML "Intriguing issues from a highly duplicated genome: an example from transcription factor gene paralogs" in Joint Meeting AGI-SIBV-SIGA - Assisi - Italia - 19/22 September, 2011 (Poster section)
- 94) Miraglia V, Traini A, Bradeen JM, Iorizzo M, Mann H, Chiusano ML, Carputo D "Structural genomics of wild potato species based on dart alignments" in Joint Meeting AGI-SIBV-SIGA - Assisi - Italia - 19/22 September, 2011 (Poster section)

2012:

Convegni Nazionali:

- 95) Marconi G, Pace R, Raggi L, Traini A, Guiducci M, Falcinelli M, Benincasa P, Chiusano ML, Albertini E "Genes differentially expressed under salt stress revealed by a dna methylation approach (MSAP) in rapeseed (brassica napus var. oleifera del.)" in SIGA (Società italiana di genetica agraria) 56° Congresso Annuale 2012 - Perugia - Italia - 17-20 Settembre 2012 (Marconi oral presentation)
- 96) Di Salle P, Colantuono C, Gallo C, Traini A, Frusciante L, Chiusano ML "Modeling molecular pathways based on gene expression and social network analyses: an example from *Arabidopsis thaliana*" in SIGA (Società italiana di genetica agraria) 56° Congresso Annuale 2012 - Perugia - Italia - 17-20 Settembre 2012 (Di Salle oral presentation)

2013:

Convegni Internazionali:

- 97) Marconi G, Pace R, Traini A, Benincasa P, Guiducci M, Falcinelli M, Chiusano ML, Albertini E "Genes Differentially Expressed Under Salt Stress Revealed by a DNA Methylation Approach (MSAP) in Rapeseed (Brassica napus var. oleifera Del.)" Plant and Animal Genome XXI Conference 2013 -San Diego - California (USA) - 12-16 Gennaio (Marconi oral presentation)
- 98) Bostan H and Chiusano ML "Developing a Gene Network for Modelling Pollen Thermotolerance" The First SPOT-ITN Symposium Conference - Francoforte - 28-29 January 2013 (Bostan oral presentation)

- 99) Ruggieri V, Bostan H, Di Salle P, Barone A, Frusciante L, Chiusano ML "Integrated bioinformatics: a key step towards the annotation of metabolic pathways An example for ascorbic acid in tomato" 2nd Annual Conference Fleshy Fruit Development & Ripening, COST Action FA1106 "Quality fruit" - Chania (Crete)- Greece - 22-25 September 2013 (Poster section)
- 100) Bostan H and Chiusano ML "Development of a bioinformatics platform for gene expression analysis in tomato: a first step to investigate pollen peculiarities" The 2nd SPOT-ITN Symposium Conference, 4-8 November 2013 Wageningen, Netherlands (Bostan oral presentation)

Convegni Nazionali:

- 101) Marconi G, Pace R, Raggi L, Traini A, Lutts S, Guiducci M, Falcinelli M, Benincasa P, Chiusano ML, Albertini E "DNA methylation influence rapeseed (*Brassica napus* var. *oleifera* Del.) gene expression in response to salt stress conditions" in SIGA (Società italiana di genetica agraria) 57° Congresso Annuale 2013 - Foggia - Italia - 16-19 Settembre 2013, ISBN 978-88-904570-3-6 (Marconi oral presentation)
- 102) Iovieno P, Batelli G, Mistretta C, Punzo P, Guida G, Colantuono C, Bostan H, Chiusano ML, Nurcato R, Oliva, M, Albrizio R, Giorio P, Grillo S "An integrated view of gene expression, physiological and metabolic changes triggered in tomato by drought and rehydration" in SIGA (Società italiana di genetica agraria) 57° Congresso Annuale 2013 - Foggia - Italia - 16-19 Settembre 2013, ISBN 978-88-904570-3-6 (Poster section)
- 103) Ruggieri V, Bostan H, Barone A, Frusciante L, Chiusano ML "Integrated bioinformatics strategies for the annotation of metabolic pathways" in *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania*, 8a edizione 2013- CNR-ISA di Avellino, Italia- 15 Novembre (Poster section)
- 104) Bostan H and Chiusano ML "Development of a bioinformatics platform for gene expression analysis in tomato: a first step to investigate pollen peculiarities" in *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania*, 8a edizione 2013- CNR-ISA di Avellino, Italia- 15 Novembre (Poster section)
- 105) Di Salle P, Colantuono C, Frusciante L, Chiusano ML "How to survive into the *Arabidopsis thaliana* jungle" in *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania*, 8a edizione 2013- CNR-ISA di Avellino, Italia- 15 Novembre (Poster section)
- 106) Ambrosino L, Chiusano ML "In quest of orthologs" in *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania*, 8a edizione 2013- CNR-ISA di Avellino, Italia- 15 Novembre (Poster section).

2014:

Convegni Internazionali:

- 107) Rombauts S, Chiusano ML, Zouine M, Adam-Blondon AF, Sterck L, Van de Peer Y "Integrative Approach to Generate High Profile Gene Prediction, the *Vitis* Genome Case", Plant and Animal Genome XXII Conference 2014 -San Diego - California (USA) - 11-15 Gennaio (Rombauts oral presentation)
- 108) Bostan H, Ambrosino L, Ruggieri V, Chiusano ML Characterization of derivative relationship between tomato and grapevine: a key step to investigate fruit development in the two species Annual Conference COST FA1106 Quality Fruit - Chania (Crete) - Greece - 21-24 Settembre 2014 (Ambrosino oral presentation)
- 109) Chiusano ML "Intriguing issues on a reference plant species", Convegno "Genome Evolution in the Genomic Era", Università degli Studi Roma 3 e International Union of Biological Sciences - Roma - Italia - 29 Settembre - 1 Ottobre 2014 (**Relatore invitato**)
- 110) Chiusano ML "the "Omics" era in plant genomics: meeting the challenge of integration" BMTL 2014: Bringing Math to Life 2014 - Napoli - Italia - 27-29 Ottobre (**Relatore invitato**)
- 111) Iovieno P, Punzo P, Batelli G, Nurcato R, Guida G, Mistretta C, Bostan H, Colantuono C, Albrizio R, Chiusano ML, Giorio P, Grillo S "A deep characterization of the response to water stress and rehydration in tomato" 11th Solanaceae Conference - Porto Seguro (Bahia) - Brazil - 2-6 Novembre 2014, (Poster section)

Convegni Nazionali:

- 112) Bostan H, Colantuono C, Chiusano ML "Tomato genome annotation: genome peculiarity or miss-annotation" BITS 2014: Annual Meeting - Roma - Italia - 26-28 Febbraio (Poster section)
- 113) Ruggieri V, Bostan H, Barone A, Frusciante L, Chiusano ML "Integrating "omics" for tomato ascorbic acid pathway" SIGA (Società italiana di genetica agraria) 58° Congresso Annuale 2014- Alghero-Italia - 15-18 Settembre. ISBN 978-88-904570-4-3 (Poster section)
- 114) EPITOM Consortium. "EPITOM: an integrated study of epigenomics in tomato fruit during post-harvest" (Poster section) (Società italiana di genetica agraria) 58° Congresso Annuale 2014- Alghero- Italia - 15-18 Settembre. ISBN 978-88-904570-4-3 (Poster section)

2015:

Convegni Internazionali:

- 115) Bostan H and Chiusano ML "Reconciliation and Integration: an essential step towards the modelling of biological systems starting from omics data" in The 3rd SPOT-ITN conference: Stress biology and crop fertility, 18-22 Marzo 2015, Sorrento, Italy (Bostan oral presentation & Poster Section) *poster winner of price*
- 116) Colantuono C, Ambrosino L, Chiusano ML "Omics for Plant Sciences: where are the reference resources?" in The 3rd SPOT-ITN conference: Stress biology and crop fertility, 18-22 Marzo 2015, Sorrento, Italy (Poster section)
- 117) Iovieno P, Punzo P, Batelli G, Nurcato R, Guida G, Mistretta C, Bostan H, Colantuono C, Albrizio R, Chiusano ML, Giorio P, Grillo S "How tomato responses to water stress and rehydration" in The 3rd SPOT-ITN conference: Stress biology and crop fertility, 18-22 Marzo 2015, Sorrento, Italy (Poster section)
- 118) Rigano MM, Ruggieri V, Raiola A, Bostan H, Chiusano ML, Barone A "Detection of wild alleles to engineer ascorbic acid metabolic pathway in tomato" COST Action FA1006, Plant Engine -Sorrento (Napoli) - Italy - 15-17 Aprile 2015 (Poster Section)

Convegni Nazionali:

- 119) Ambrosino L, Bostan H, Ruggieri V, Frusciante L, Chiusano ML "*Solanum lycopersicum* versus *Vitis vinifera*: a multilevel gene comparison from freshly fruit species" in convegno congiunto SIBV-SIGA (Società Italiana di Biologia Vegetale-Società italiana di genetica agraria) 2015 - Milano- Italia -9-11 Settembre. ISBN 978-88-904570-5 (Ambrosino oral presentation)
- 120) Bostan H and Chiusano ML "Modelling the heat stress response in tomato pollen" in convegno congiunto SIBV-SIGA (Società Italiana di Biologia Vegetale-Società italiana di genetica agraria) 2015 - Milano-Italia -9-11 Settembre. ISBN 978-88-904570-5 (Poster section)
- 121) Colantuono C, Bostan H, Chiusano ML "Tomato genome annotation: genome peculiarities or miss-annotations?" in convegno congiunto SIBV-SIGA (Società Italiana di Biologia Vegetale-Società italiana di genetica agraria) 2015 - Milano- Italia -9-11 Settembre. ISBN 978-88-904570-5 (Poster section)
- 122) Chiusano ML, Colantuono C, Ambrosino L "Omics for crop improvement: meeting the challenge of integration in a still young, multifaceted world" in convegno congiunto SIBV-SIGA (Società Italiana di Biologia Vegetale-Società italiana di genetica agraria) 2015 - Milano- Italia -9-11 Settembre. ISBN 978-88-904570-5-0 (Poster section)
- 123) EPITOM Consortium "Coding and non-coding RNAs in a long shelf-life tomato variety" in convegno congiunto SIBV-SIGA (Società Italiana di Biologia Vegetale-Società italiana di genetica agraria) 2015 - Milano- Italia -9-11 Settembre. ISBN 978-88-904570-5-0 (Poster section)
- 124) Chiusano ML "Making a genome reference a reference in the fast evolving genomics era", in *Bioinformatica e Biologia Computazionale in Campania 2015- CNR-ISA- Avellino - Italia- 4 Dicembre (Relatore selezionato)*

2016:

Convegni Nazionali:

- 125) Ambrosino L, Bostan H, Ruggieri V, Chiusano ML "An integrated multi-level comparison highlights common aspects and specific features between distantly-related species: Tomato and Grapevine" BITS 2016: Convegno della Società Italiana di Bioinformatica - Salerno- Italia - 15-17 Giugno (Ambrosino oral presentation)

- ATTIVITÀ DIDATTICA -

Indicazioni: si autocertificano i corsi istituzionali per supplenza o affidamento.

SUPPLENZE IN CORSI UNIVERSITARI ISTITUZIONALI

Sintesi: è supplente incaricata per 42 corsi istituzionali dell'Università degli Studi di Napoli Federico II, per laurea triennale, specialistica/magistrale, per corsi di specializzazione, per insegnamenti della Facoltà di Scienze e della Facoltà di Agraria, dal 2013 Dipartimento di Agraria. Se ne riporta l'elenco dettagliato anche nel modulo richiesto dal bando.

aa. 2002/2003:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 1) Corso: "Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche" (2CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II" - aa 2002/2003; supplenza a titolo gratuito

aa. 2003/2004:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 2) Corso: "Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche in Biologia Molecolare" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2003/2004; supplenza a titolo gratuito

aa. 2004/2005:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 3) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico TECNII"; aa 2004/2005; supplenza a titolo gratuito
- 4) Corso: "Applicazioni in Biologia: Tecniche di clonaggio ed espressione di proteine ricombinanti" (1CFU=10 ore) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2004/2005; supplenza a titolo gratuito
- 5) Corso: "Bioinformatica" (4CFU) per la magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2004/2005; supplenza a titolo gratuito
- 6) Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II"; aa 2004/2005; supplenza a titolo retribuito

aa. 2005/2006:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 7) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2005/2006; supplenza a titolo gratuito
- 8) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche campus campania" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2005/2006; supplenza a titolo retribuito
- 9) Corso: "Laboratorio di Biologia Applicata (genoma trascrittoma e proteoma)" (1CFU=10 ore) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2005/2006; supplenza a titolo gratuito
- 10) Corso: "Bioinformatica" (4CFU) per la magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2005/2006; supplenza a titolo gratuito

- 11) Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II"; aa 2005/2006; supplenza a titolo retribuito

aa. 2006/2007:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 12) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2006/2007; affidamento a titolo gratuito
- 13) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche gruppo 3" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2006/2007; per affidamento a titolo gratuito
- 14) Corso: "Laboratorio di Biologia Applicata (genoma trascrittoma e proteoma)" (1CFU=10 ore) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2006/2007; supplenza a titolo gratuito
- 15) Corso: "Bioinformatica" (4CFU) per la magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2006/2007; per affidamento a titolo gratuito
- 16) Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II"; aa 2006/2007; supplenza a titolo retribuito

Per la Facoltà di Agraria:

- 17) Corso: "Laboratorio di Informatica" (4CFU) per il corso di Laurea in Viticoltura ed Enologia, Agraria - Università "Federico II"; aa 2006/2007; supplenza a titolo retribuito

aa. 2007/2008:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 18) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche; gruppo 2" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2007/2008; per affidamento a titolo gratuito
- 19) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche; gruppo 3" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2007/2008; supplenza a titolo retribuito
- 20) Corso: "Laboratorio di Biologia Applicata (genoma trascrittoma e proteoma)" (1CFU=10 ore) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2007/2008; per affidamento a titolo gratuito
- 21) Corso: "Bioinformatica" (4CFU) per la magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2007/2008; supplenza a titolo retribuito
- 22) Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II"; aa 2007/2008; supplenza a titolo retribuito

Per la Facoltà di Agraria:

- 23) Corso: "Laboratorio di Informatica" (4CFU) per il corso di Laurea in Viticoltura ed Enologia, Agraria - Università "Federico II"; aa 2007/2008; supplenza a titolo retribuito

aa. 2008/2009:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 24) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche gruppo 2" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II" - aa 2008/2009; affidamento a titolo gratuito
- 25) Corso: "Biologia Molecolare e Laboratorio di Applicazioni bioinformatiche: modulo di Laboratorio di Applicazioni Bioinformatiche gruppo 3" (3CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II" - aa 2008/2009; supplenza a titolo retribuito
- 26) Corso: "Laboratorio di Biologia Applicata (genoma trascrittoma e proteoma)" gruppo 1A 1B 2A 2B (4CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II" - aa 2008/2009; affidamento a titolo gratuito
- 27) Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II"; aa 2008/2009; supplenza a titolo retribuito

aa. 2009/2010:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 28) Corso: "Laboratorio di Biologia Applicata (genoma trascrittoma e proteoma)" gruppo 1A 1B 2A 2b (4CFU, 32 ore) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2009/2010; affidamento a titolo gratuito
- 29) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica: modulo Applicazioni in Bioinformatica" (4CFU) per la magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2009/2010; supplenza a titolo retribuito

Per la Facoltà di Agraria:

- 30) Corso: "Laboratorio di Informatica" (4CFU) per il corso di Laurea in Viticoltura ed Enologia, Agraria - Università "Federico II"; aa 2009/2010; supplenza a titolo retribuito

aa. 2010/2011:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 31) Corso: "tecniche biomolecolari: modulo Laboratorio di Applicazioni in Bioinformatica" (4CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2010/2011; affidamento a titolo gratuito

aa. 2011/2012:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 32) Corso: "Tecniche biomolecolari: modulo Laboratorio di Applicazioni in Bioinformatica" (4CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2011/2012; affidamento a titolo retribuito
- 33) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica: modulo Applicazioni in Bioinformatica" (4 CFU) laurea magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2011/2012; affidamento a titolo retribuito

Per la Facoltà di Agraria:

- 34) Corso: "Laboratorio di Informatica" (4CFU) per il corso di Laurea in Viticoltura ed Enologia, Agraria - Università "Federico II"; aa 2011/2012; supplenza a titolo retribuito

aa. 2012/2013:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 35) Corso: "Tecniche biomolecolari: Laboratorio di Applicazioni in Bioinformatica" (4CFU) per il corso di laurea in Biologia Generale ed Applicata, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2012/2013; affidamento a titolo retribuito
- 36) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica: Applicazioni in Bioinformatica" (4CFU) laurea magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2012/2013; affidamento a titolo retribuito

Per la Facoltà di Agraria:

- 37) Corso: "Laboratorio di Informatica" (4CFU) per il corso di Laurea in Viticoltura ed Enologia, Agraria - Università "Federico II"; aa 2012/2013; supplenza a titolo retribuito

aa. 2013/2014:

Per la Facoltà di Scienze MFN:

- 38) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica: applicazioni in bioinformatica lm in biologia" (4 CFU) laurea magistrale in Biologia, Scienze MFN - Università "Federico II"; aa 2013/2014 - affidamento a titolo retribuito

Per il Dipartimento di Agraria:

- 39) Corso: "Biologia dei Sistemi Complessi " (6CFU) per il corso di laurea specialistica in Biotecnologie Agrarie, Agraria - Università "Federico II"; aa 2013/2014; supplenza a titolo retribuito

aa. 2014/2015:

Per il Dipartimento di Agraria:

- 40) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica " (12CFU) per la laurea magistrale in BioTecnologie Agroalimentari, Agraria - Università "Federico II"; aa 2014/2015; supplenza a titolo retribuito

aa. 2015/2016:

Per il Dipartimento di Agraria:

- 41) Corso: "Biologia Molecolare e Bioinformatica " (12CFU) per la laurea magistrale in Biotecnologie Agroalimentari, Agraria - Università "Federico II"; aa 2014/2015; supplenza a titolo retribuito
- 42) Corso: "Biologia Avanzata " (6 CFU) per la laurea magistrale in Biotecnologie Agroalimentari, Agraria - Università "Federico II"; aa 2015/2016; supplenza a titolo gratuito

DOTTORATO

Partecipazione a collegi dei docenti

- Dal 2003 alla conclusione dell'ultimo ciclo del dottorato, è membro del collegio dei docenti del dottorato in Biologia Computazionale, Seconda Università di Napoli.
- Dal 2008 alla conclusione dell'ultimo ciclo del dottorato, è membro del collegio dei docenti del dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica dell'Università degli Studi di Napoli Federico II.

Partecipazione a commissione d'esame

- Università degli Studi di Verona: Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina anno 2012. È membro di Commissione di Esame per il conseguimento del titolo di Dottore di Ricerca. (Già documentato per attività di servizio All.8.6 pag.1-2)

Lezioni e seminari su invito in dottorati nazionali ed internazionali

- Dottorati in Biochimica Cellulare (Seconda Università di Napoli) e Chimica Biologica, Biochimica e Tecnologie Biomediche (Università degli Studi di Napoli Federico II), Napoli, Lezione: "Ricerca di regioni codificanti mediante metodi computazionali", 22 Maggio 1997
- Dottorato Internazionale di Ricerca "Insect Science and Biotechnology", Napoli: è responsabile del corso "Bioinformatics" 2-6 ottobre 2006
- Dottorato in Biotecnologie, Università di Parma, Lezione: "Bioinformatica applicata allo studio dell'espressione genica" Luglio 2007
- Dottorato in Agrochimica e Agrobiologia, Università degli Studi di Napoli Federico II, Napoli, Lezione: "Introduzione alla Bioinformatica nell'era della Post Genomica" 10 Ottobre 2011
- Dottorato Internazionale Open University, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli: Course in Bioinformatics, Lezione: "Bioinformatics in the "omics" era: meeting the challenge of integration in the young multifaceted world of Plant genomics" 3-6 Novembre 2015

SCUOLE DI SPECIALIZZAZIONE

- Napoli - Italia - Corso: "Laboratorio di Biologia Cellulare e Molecolare", Classe di Abilitazione A060 per la Scuola Interuniversitaria di Specializzazione all'Insegnamento - Università "Federico II" - aa 2004/05; 2005/2006; 2006/2007; 2007/2008: supplenza a titolo retribuito. (già documentata in attività didattica istituzionale)
- Napoli - Italia - Corso di Specializzazione in Applicazioni Biotecnologiche, Facoltà di Scienze M. F. N. - Università "Federico II" - anni 1995-1996-1997: ha tenuto lezioni riguardanti i metodi matematico-computazionali alla base del confronto di sequenze biologiche, nell'ambito del corso di Biologia e Genetica Molecolare della Prof. Laura Fucci del Dip. di Genetica, Biologia Generale e Molecolare.

- Napoli - Italia - Corso di Bioinformatica, Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM) TIGEM - Università "Federico II" - aa 2004/05: responsabile dei corsi "Bioinformatic resources"; "Sequence Alignments".

MASTER

- Napoli - Italia - Corso di metodologie computazionali Corso-Master in Scienze dell'Alimentazione e Biotecnologie Innovative - Istituto di Scienze dell'Alimentazione (CNR) - Maggio-Novembre 1997: è stata docente nell'ambito della disciplina "Metodologie Informatiche", per lezioni su: "I Data Base e i Sistemi di Interrogazione"; "Le Banche Dati e il Software di Interesse Biotecnologico".
- Ariano Irpino (Av) - Italia - Corso Master Universitario in Bioinformatica-Università degli Studi del Sannio - 2002-03: è stata docente del modulo di 72 ore "Analisi di Sequenze".
- Salerno - Italia - Master "Ricerca e Innovazione in Scienze della Salute" RISS- Università di Salerno - aa. 2011-2012: responsabile del corso: "Algoritmi per allineamento di sequenze" 2 CFU

ALTRI CORSI DI FORMAZIONE, SCUOLE ESTIVE, CORSI BREVI:

Sintesi: è organizzatore, responsabile scientifico e docente su invito di corsi di livello internazionale e nazionale. Se ne riportano dettagli dei principali.

Organizzazione di Corsi internazionali

- Montevideo- Uruguay - Organizza il corso internazionale "Next Generation Sequencing (NGS) data analysis", 15- 22 Novembre 2010
- Napoli - Area di Ricerca CNR Napoli - Italia - Fa parte del comitato organizzatore del corso "Bioinformatics for Omics Sciences", 25-27 Settembre 2012

Organizzazione di Corsi Nazionali

- Napoli - Italia - Organizzatore, responsabile scientifico e docente del Corso Bioinformatica I Livello. Nell'ambito della formazione nel Progetto Agronotech, 13-16 Luglio 2004
- Napoli - Italia - Organizzatore, responsabile scientifico e docente del Corso Bioinformatica II Livello. Nell'ambito della formazione nel Progetto Agronotech, 16-20 Gennaio 2006
- Porto Conte (Sassari)- Italia - Responsabile scientifico e docente della Scuola Estiva di Bioinformatica "In Green Biotech" 4 CFU, organizzata nell'ambito della Laurea Specialistica in Biotecnologie Agrarie e Ambientali, Facoltà di Agraria, Università di Sassari, 26 al 30 Maggio 2008
- Volterra - Italia - Organizzatore, responsabile scientifico e docente del corso della Società Italiana di Genetica Agraria: "Strumenti bioinformatici per l'analisi della struttura e della funzione del genoma", 15-19 Giugno 2009
- Vico Equense (Napoli)- Italia - È organizzatore e responsabile scientifico del corso di aggiornamento: "Le nuove tecnologie per la genomica strutturale e funzionale" nell'ambito del Progetto Agronotech 2, 16-18 Febbraio 2009
- Napoli - Italia - È membro del comitato organizzatore del corso di alta formazione del progetto Genopom-PRO aa. 2013/2014, PON-Miur Competitività e Ricerca 2007-2013

Docente su invito in corsi internazionali

- Toulouse - Francia - Corso di Formazione COST ACTION FA1106 Quality Fruit "RNAseq daa analysis" 5-8 Marzo 2013: Docente del corso

Docente su invito in corsi nazionali

- Monsampolo del Tronto- Italia -Società Italiana di Genetica Agraria 27-31 Agosto 2007: Docente del Corso Estivo di Bioinformatica
- Napoli- Laboratorio pubblico privato Genopom (MIUR), Coordinatore Prof. L. Monti, Napoli, anno 2007. Docente di bioinformatica per il corso di formazione.
- Foggia - Laboratorio pubblico privato Agrogen (MIUR), Coordinatore Dott. L. Cattivelli, Foggia. Docente per il corso di formazione
- Assisi - VIII Plant Genetics Course - 8-11 June, 2009 Docente della lezione "Towards Systems Biology: Novel challenges in Bioinformatics"

- Napoli- Laboratorio pubblico privato Genopom-PRO (MIUR), Coordinatore Prof. L. Frusciante, anno 2014 Docente per il corso di formazione.
- Trento- Fondazione Edmund Mach di S. Michele all'Adige- scuola estiva: "Bioinformatica con le Piante", Società Italiana di Botanica, Ottobre 2013 Docente del corso
- Napoli -Istituto Profilattico del Mezzogiorno, Corso di accreditamento "Lo studio di sequenza e la Bioinformatica" 3 Marzo 2014 Docente del corso

RIEPILOGO DEI CORSI ORGANIZZATI O TENUTI DI VALENZA INTERNAZIONALE

Corsi Organizzati

- Montevideo- Uruguay - Organizza il corso internazionale "Next Generation Sequencing (NGS) data analysis", 15- 22 Novembre 2010
- Napoli - Area di Ricerca CNR Napoli - Italia - Fa parte del comitato organizzatore del corso "Bioinformatics for Omics Sciences", 25-27 Settembre 2012

Corsi tenuti

- Dottorato Internazionale di Ricerca "Insect Science and Biotechnology", Napoli: è responsabile del corso "Bioinformatics" 2-6 ottobre 2006
- PhD course in Bioinformatics, Dottorato Internazionale Open University, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli: "Bioinformatics in the "omics" era: meeting the challenge of integration in the young multifaceted world of Plant genomics" 3-6 Novembre 2015
- Napoli - Italia - Corso di Bioinformatica per la Scuola Europea di Medicina Molecolare (SEMM) TIGEM - Università "Federico II" - aa 2004/05: responsabile dei corsi: "Bioinformatic resources"; "Sequence Alignments"
- Toulouse - Francia - Corso di Formazione COST ACTION FA1106 Quality Fruit "RNAseq daa analysis" 5-8 Marzo 2013. Docente del corso

ATTIVITÀ TUTORIALE PER TESI

*Sintesi:*dall'anno accademico 2002 svolge attività tutoriale per tesi di laurea triennale, specialistica/magistrale, tesi di dottorato, formando Biologi, Informatici, Matematici e Fisici nell'ambito della Bioinformatica e della Biologia Molecolare.

Relatore di Tesi di laurea triennale

- 1) Valentina Testa (Scienze Biologiche) "Introduzione alla Bioinformatica ed applicazioni per il confronto di sequenze" aa.2003/2004. Relatore di tesi di laurea triennale
- 2) Ivano Di Meo (Biologia generale ed applicata) "Applicazioni Bioinformatiche per la predizione di Geni codificanti proteine" aa.2003/2004. Relatore di tesi di laurea triennale
- 3) Federico di Gestore (Biologia generale ed applicata) "Analisi bioinformatica per l'annotazione di un BAC da Solanum lycopersicum" aa.2004-2005. Relatore di tesi di laurea triennale
- 4) Monica Nunziata (Biologia generale ed applicata) "Analisi di EST per l'identificazione di geni non codificanti proteine" aa.2004/2005. Relatore di tesi di laurea triennale
- 5) Paola Francesco (Biologia generale ed applicata) "Organizzazione dei pathway metabolici per la mappatura dinamica di sequenze espresse" aa.2004/2005. Relatore di tesi di laurea triennale
- 6) Maria Grazia Adelfi (Biologia generale ed applicata) "Analisi di regioni "vettore" in sequenze ottenute da librerie di cDNA" aa.2004/2005. Relatore di tesi di laurea triennale
- 7) Vincenzo Pennone (Biologia generale ed applicata) "Analisi di EST per l'identificazione di RNA non codificanti proteine" aa.2005/2006. Relatore di tesi di laurea triennale
- 8) Esposito Emilia (Biologia generale ed applicata) "Analisi di una libreria di ESTs di Pomodoro per l'identificazione di geni resistenza" aa.2005/2006. Relatore di tesi di laurea triennale
- 9) Bonavita Roberta (Biologia generale ed applicata) "Amplificazione genica e complessità genomica" aa. 2007/2008. Relatore di tesi di laurea triennale
- 10) Colantuono Chiara (Biologia generale ed applicata) "Colinearità tra il genoma di *A. thaliana* ed il genoma di *S. lycopersicum*" aa.2007/2008. Relatore di tesi di laurea triennale

- 11) Vecchione Stefano (Biologia generale ed applicata) “Analisi di risultati da settantatré esperimenti di microarray effettuati per *Arabidopsis thaliana*” aa. 2010/2011. Relatore di tesi di laurea triennale
- 12) Amendola Annalisa (Biologia generale ed applicata) “Analisi di regioni sintetiche in *Arabidopsis thaliana*” aa. 2010/2011. Relatore di tesi di laurea triennale
- 13) Di Bernardo Noemi (Biologia generale ed applicata) “Caratterizzazione di sequenze EST derivate da una libreria sottrattiva di *Solanum lycopersicum* mediante confronto in banche dati” aa. 2012/2013. Relatore di tesi di laurea triennale
- 14) Monticolo Francesco “Analisi di sequenze derivate da una libreria sottrattiva di *Solanum lycopersicum* infettato con il fungo *Tricoderma longibrachiatum*” aa. 2012/2013. Relatore di tesi di laurea triennale

Relatore di Tesi di laurea specialistica o magistrale

- 15) Francesco Paola (Biologia) “Analisi mediante microarray degli effetti molecolari della inattivazione di ARX, un gene coinvolto nello sviluppo del sistema nervoso” aa. 2006/2007. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 16) Federico Di Gestore (Biologia) “Analisi mediante microarray del trascrittoma del mesotelioma pleurico” aa. 2007/2008. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 17) Alessandra Vigilante (Biologia) “Integrazione tra i dati di sequenza genomica e dati di microarray: applicazione per l’analisi dell’espressione genica estrogeno-responsiva nel Cancro alla Mammella.” aa.2007/2008. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 18) Domenico Maione (Biologia) “Genomica comparativa nella piante: analisi di geni mediante approcci bioinformatici” aa. 2008/2009. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 19) Colantuono Chiara (Biologia) “Metodologie per l’annotazione di famiglie geniche: analisi dei fattori trascrizionali in *Arabidopsis thaliana* e *Solanum lycopersicum*” aa. 2009/2010. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 20) Ianniello Crescenzo (Biologia) “Costruzione di linee silenziata per geni coinvolti nelle modifiche della cromatina in pomodoro” aa. 2013/2014. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 21) Centola Gerardo (Biologia) “*Allele mining* in pomodoro: cattura e risequenziamento mirato di geni appartenenti alla via biosintetica dei carotenoidi” aa. 2014/2015. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 22) Cimmino Claudia (Biologia) “Analisi di dati RNA-seq per l’identificazione dei geni differenzialmente espressi durante la maturazione e l’appassimento in post raccolta della bacca del pomodoro del Piennolo del Vesuvio” aa. 2014/2015. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 23) Monticolo Francesco (Biologia) “Analisi bioinformatica per la caratterizzazione delle GST nei genomi vegetali” aa. 2014/2015. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 24) de Franchis Francesca Romana (Biologia) “Caratterizzazione della risposta a stress salino nella specie da biomassa *Arundo donax* ed identificazione dei determinanti genici coinvolti” aa. 2014/2015. Relatore di tesi di laurea magistrale

Correlatore di Tesi

- 25) Ersilia Maddalena (Laurea in Scienze Biologiche) “L’analisi delle strutture geniche e proteiche delle innesse di *D. melanogaster* suggerisce un meccanismo di “late-intron addition” aa.2003/2004. Relatore di tesi di laurea quinquennale
- 26) Anna Rana (Specialistica in Biologia) “Geni per varianti istoniche H3.3: Analisi Bioinformatica e Molecolare” aa.2006/2007. Correlatore di tesi di laurea magistrale
- 27) Paolo Angiolillo (Informatica) “Analisi di sequenze biologiche e ricerca di pattern” aa.2004/2005. *Tutor per stage* tesi di laurea triennale

Tesi in corso

- 28) Aprile Anna Maria (Biologia generale ed applicata) aa. 2015/2016. Relatore di tesi di laurea triennale
- 29) Impradice Carlo (Magistrale in Biologia) aa. 2015/2016. Relatore di tesi di laurea magistrale
- 30) Del Monaco Daniele (Magistrale in Informatica) aa. 2015/2016. *Tutor per stage* di tesi di laurea magistrale.

Controrelatore di Tesi di laurea specialistica o magistrale (Si riporta una selezione)

- 1) Silvestro Giustina (Scienze biologiche) aa. 2002/2003. Controrelatore di tesi di laurea.
- 2) Papa Veronica (Scienze biologiche) aa. 2003/2004. Controrelatore di tesi di laurea.
- 3) Giacomelli Stefano (Scienze biologiche) aa. 2004/2005. Controrelatore di tesi di laurea.
- 4) Carotenuto Sara (Scienze biologiche) aa. 2005/2006. Controrelatore di tesi di laurea.
- 5) Di Meo Ivano (Biologia) aa. 2005/2006. Controrelatore di tesi di laurea.
- 6) Vassillo Mauro (Scienze biologiche) aa. 2005/2006. Controrelatore di tesi di laurea.
- 7) Esposito Giuseppina (Biologia) aa. 2007/2008. Controrelatore di tesi di laurea.

Responsabile di tesi di dottorato

Relatore

- 8) Remo Sanges (Biologo) Titolo della tesi: “Shuffling di elementi regolatori, un evento comune nei genomi dei vertebrati” dottorato in Biologia Computazionale, Seconda Università di Napoli, aa.2005/2006. Relatore
- 9) Traini Alessandra (Fisico) Titolo della tesi: “Metodologie Computazionali per l’analisi di Genomi” dottorato in Biologia Computazionale, Seconda Università di Napoli aa. 2007/2008. Relatore
- 10) Enrico Raimondo (Matematico) Titolo della tesi: “Metodologie Computazionali per l’analisi di dati molecolari” dottorato in Biologia Computazionale, Seconda Università di Napoli aa. 2008/2009. Relatore
- 11) Alessandra Vigilante (Biologa) Titolo della tesi: “Genome-complexity in terms of gene amplification: intriguing issues from reference species” dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica, Università degli Studi di Napoli “Federico II” aa. 2010/2011. Relatore
- 12) Pasquale di Salle (Biotecnologo) Titolo della tesi: “Analisi di co-espressione in *A.thaliana*” dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica, Università degli Studi di Napoli “Federico II” aa. 2013/2014. Relatore
- 13) Chiara Colantuono (Biologa) Titolo della tesi: “Plant omics: on the importance of suitable resources” dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica, Università degli Studi di Napoli “Federico II” aa. 2014/2015. Relatore
- 14) Hamed Bostan (Informatico) Titolo della tesi: “Bioinformatics Strategies for Genomics: Examples and Approaches for Tomato” dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica, lavoro di tesi finanziato da Marie Curie Actions: International Training Network-EU aa. 2014/2015. Relatore
- 15) Luca Ambrosino (Biotecnologo) Titolo della tesi: “Comparative Genomics approaches to unravel “Intra” and “Inter” species relationships in plants” dottorato in Biologia Computazionale e Bioinformatica (2015), Università degli Studi di Napoli “Federico II” aa. 2015/2016. Relatore

Correlatore

- 16) Nunzio D’Agostino (Biologo) PhD “Bioinformatics analyses for the genomic investigation of Plants of agronomic importance” dottorato in Agrochimica ed Agrobiologia, Università degli Studi di Napoli “Federico II”, aa.2006/2007. Correlatore, *responsabile del lavoro, finanzia con i suoi fondi la borsa di studio*
- 17) Sara Torre (Biologa) “Sequenziamento di cloni BAC del cromosoma 12 di pomodoro e analisi funzionale di geni espressi nel frutto” dottorato in Scienze Biotecnologiche, Università degli Studi di Napoli “Federico II” aa. 2007/2008. Correlatore, *ha supportato e guidato gli aspetti bioinformatici della ricerca*

Supervisore di post-docs

- 1) Nunzio D’Agostino (Biologo) Post-doc dal 2007 al 2012. Supervisore
- 2) Miriam Di Filippo (Biologo) Post-doc (2010-2012). Supervisore
- 3) Alessandra Traini (Fisico) Post-doc (2008-2013). Supervisore
- 4) Vincenza Maselli (Biologo) Post-doc (2010-2011). Supervisore
- 5) Valentino Ruggieri (Biotecnologo) Post-doc (2013-2015). Supervisore
- 6) Guido Incerti (Biologo) Post-doc (2014-ad oggi). Supervisore

- 7) Alfonso Esposito (Biologo) Post-doc (2015-2016). Supervisore
- 8) Chiara Colantuono (Biologa) Post-doc (2016 ad oggi). Supervisore
- 9) Luca Ambrosino (Biotecnologo) Post-doc (2016 ad oggi). Supervisore

Supervisore di borsisti post laurea

- 10) Raffaele Cassandra (Informatico) borsista post-laurea (2010-2011). Supervisore
- 11) Mara Sangiovanni (Informatico) borsista post-laurea (2010-2012). Supervisore
- 12) Enrico Raimondo (Matematico) borsista post-laurea (2005) Supervisore

Ospitalità come supervisore per stage

Nell'ambito di collaborazioni scientifiche la dott. Chiusano ospita ricercatori e studenti interessati ad esperienze in bioinformatica nel suo laboratorio. Si riporta una selezione di ospiti:

- Florian Mueller, Radboud University, Nijmegen, The Netherlands (April 15 - 21, 2015) (Dottorando), attività di *stage* come distacco, progetto internazionale SPOT-ITN, Marie Curie Action, EU

- Marine Paupiere da Wageningen University, The Netherlands (November 30-December 10, 2015) (Dottoranda), attività di *stage* come distacco, progetto internazionale SPOT-ITN, Marie Curie Action, EU
- YuanYuan Chen da GenEXpro, Frankfurt (May 7-13, 2015) (Post-doc) attività di *stage* come distacco, progetto internazionale SPOT-ITN, Marie Curie Action, EU
- Concetta Licciardello, CRA, Acireale, Catania (Dottoranda) ospitalità per collaborazione
- Isabella Centomani, Università di Bari (Dottoranda)
- Mariangela Coppola, Università degli Studi di Napoli Federico II (Post-doc) ospitalità per collaborazione
- Paolo Gei *Stage* post-laurea

DICHIARAZIONE SOSTITUTIVA DI CERTIFICAZIONE (art. 46 e 47 D.P.R. 445/2000)

La sottoscritta, Maria Luisa Chiusano, consapevole che le dichiarazioni false comportano l'applicazione delle sanzioni penali previste dall'art. 76 del D.P.R. 445/2000, dichiara che le informazioni riportate nel seguente curriculum, corrispondono a verità.

Napoli, 05/03/2017