

Marco Chiapello, PhD

Curriculum Scientifico e Professionale

Tel. 348 9150367 | Email: chiapello.m@gmail.com

Sito: <https://mchiapello.netlify.app/>

OrcID: <https://orcid.org/0000-0001-7768-3047>

LinkedIn: <https://www.linkedin.com/in/marco-chiapello-20b58750/>

GitHub: <https://github.com/mchiapello/>

Keywords

Plant Biology, Plant-microbe interaction, Computational Biology, OpenScience, Reproducible research

Dati personali

Indirizzo Via Sant'Antonino 7, 10014, Caluso (TO)
Nazionalità Italiana
Nato il 12 aprile 1980
C.F. CHPMRC80D12L219D
Stato civile Convivente con 2 figli

Posizione attuale

Qualifica Ricercatore di terzo livello a tempo determinato
Data Dal 3 novembre 2019
Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante
Supervisore Dott. Massimo Turina
Progetto Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection (VIROPLANT - H2020)
Project ID: 773567

Esperienze lavorative

Dal 04-07-2018

Al 02-11-2019

Qualifica Assegnista di ricerca (Tipologia Senior)
Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante
Supervisore Dott. Massimo Turina
Progetto Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection (VIROPLANT - H2020)
Project ID: 773567

Dal 10-05-2018

Al 09-06-2018

Qualifica Professore di Chimica e Scienze
Ente Scuola superiore "E. Majorana", Torino
Progetto Supplenza

Dal 01-04-2018

Al 30-09-2018

Qualifica Consulente (Remoto)
Azienda ProteiQ Biosciences GmbH
Supervisore Dott. Arnoud Groen
Progetto Sviluppo di una pipeline per l'automatizzazione dell'analisi di dati di proteomica

Dal 01-02-2018

Al 30-04-2018

Qualifica Data scientist
Azienda Evo Pricing
Supervisore Dott. Giuseppe Craparotta
Progetto Analisi di big-data, sviluppo modelli statistici e previsione di vendite con il fine di orientare le scelte imprenditoriali dei clienti

Dal 12-01-2016

Al 31-12-2017	Qualifica	Research data technician
	Ente	University of Cambridge, United Kingdom
	Dipartimento	Cambridge Centre for Proteomics
	Supervisore	Dott. Mike Deery
	Progetti	Sviluppo di pipelines riproducibili e automatizzazioni delle analisi. Analisi bioinformatiche per i ricercatori e clienti del Cambridge Centre for Proteomics. Progetti di ricerca in collaborazione con i ricercatori del Cambridge Centre for Proteomics che si occupavamo di biologia delle piante (PhD Claudius Marondedze e PhD May Alqurashi).

Dal 01-10-2015

Al 31-12-2015	Qualifica	Assegnista di ricerca
	Ente	Univeristà dell'Insubria
	Dipartimento	Dipartimento di Biotecnologie e Scienza della vita
	Supervisore	Prof.ssa Marcella Bracale
	Progetti	Mic-Ceres: Microbial eco-compatible strategies for improving wheat quality traits and rhizospheric soil sustainability (Agropolis Fondation Fondazione Cariplo) (FC Project ID2013-1888, AF project ID 1301-003)

Dal 01-10-2013

Al 30-09-2015	Qualifica	Borsista Post-Dottorato
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze delle Vita e Biologia dei Sistemi
	Supervisore	Prof. Andrea Genre
	Progetti	REPROGR_AM: Recruitment of preexisting cell programs in arbuscular mycorrhizas. Progetti di Ricerca di Ateneo / CSP 2012 VIPs in early stages of AM symbiosis Key to symbiosis

Dal 01-03-2013

Al 31-05-2013	Qualifica	Postdoctoral research fellow
	Ente	University of Zurich, Switzerland
	Dipartimento	Department of Molecular Plant Physiology
	Supervisore	Prof. Enrico Martinoia
	Progetti	Analisi dei dati di trascrittomica e proteomica prodotti durante il progetto "Towards deciphering plant-fungal dialogues" (dell' University of Lausanne, Switzerland)

Dal 01-02-2010

Al 28-02-2013	Qualifica	Postdoctoral research fellow
	Ente	University of Lausanne, Switzerland
	Dipartimento	Department of Plant Molecular Biology
	Supervisore	Prof. Uta Paszkowski
	Progetti	PolarX: Pioneering in vivo proteomics and in planta live imaging for plant cell polarity Towards deciphering plant-fungal dialogues

Dal 01-05-2009

Al 31-01-2010	Qualifica	Borsista Post-Dottorato
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze delle Vita e Biologia dei Sistemi
	Supervisore	Prof. Silvia Perotto
	Progetti	Interazioni cellulari e molecolari tra funghi e metalli pesanti

Dal 2005

Al 2009

Titolo	Dottorato in Biologia e Biotecnologia dei funghi [Allegato A]
Ente	Università degli Studi di Torino
Supervisore	Prof. Silvia Perotto
Valutazione	Eccellente

Dal 1999

Al 2005

Titolo	Laurea in Biotecnologie Agrarie e Vegetali [Allegato B]
Ente	Università degli Studi di Torino
Supervisore	Prof. Silvia Perotto
Valutazione	104/110

Corsi frequentati

Insegnamento

24 crediti formativi universitari nelle discipline antropo-psico-pedagogiche e metodologie e tecnologie didattiche (24 CFU) [Allegato C]
Data Carpentry instructor training (Carpentry foundation) [Allegato D]
Software Carpentry instructor training (Carpentry foundation) [Allegato E]
Bioinformatics for Core Facility Managers (European Bioinformatics Institute) [Allegato F]
ELIXIR-EXCELERATE Train the Trainer course (ELIXIR-IT) [Allegato G]

Modelli statistici e

machine learning

Machine Learning with caret in R (DataCamp) [Allegato H]
Introduction to Statistical Modeling in R (DataCamp) [Allegato I]
Machine Learning (Coursera) [Allegato L]

Analisi Dati

R object-oriented programming and package development (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
The Data Scientists Toolbox (Coursera) [Allegato N]
R programming (Coursera) [Allegato O]
Reproducible research (Coursera) [Allegato P]
Getting and cleaning data (Coursera) [Allegato Q]
Exploratory data analysis (Coursera) [Allegato R]
The Basics of Data for Analytics (Lynda.com)
Data Visualization for Data Analysts(Lynda.com)

Analisi di serie temporali

ARIMA modeling in R (DataCamp) [Allegato S]
Introduction to time series analysis (DataCamp) [Allegato T]

Analisi bioinformatiche

Analysis of single cell RNA-seq data (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
Molecular Phylogenetics (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
Using the Ensembl Genome Browser (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
An Introduction to Solving Biological Problems with PERL (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
Statistics and R for the Life Sciences (University of Cambridge, United Kingdom)
Exploring Protein Sequence and Functional Information with UniProt (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
International Course in Automated Functional Annotation and Data Mining (BioBam Company)

Database relazionali

Relational Database Design (University of Cambridge, United Kingdom)
MySQL: Implementing a Relational Database Design (University of Cambridge, United Kingdom)
Relational Database Fundamentals (Lynda.com)

Altri corsi

Docker for reproducibility (Elixir Workshop - University of Turin) [Allegato U]
 Working with Containers: Docker & Docker Compose (Educative.io) [Allegato AF]
 Beginners guide to version control with git (University of Cambridge, United Kingdom) [Allegato M]
 Git Essential Training (Lynda.com)
 Up and Running with vi (Lynda.com)
 Foundations of UX: Content Strategy (Lynda.com)
 Falcon: An Introduction for Content and Site Managers (University of Cambridge, United Kingdom)
 Web Authoring: HTML - Cascading Style Sheets (University of Cambridge, United Kingdom)
 Visualizing Geospatial data in R [Allegato V]

Attività di ricerca

La mia attività di ricerca è stata caratterizzata nei primi anni da due forze trainanti: l'interazione e l'utilizzo di tecniche -omiche. Durante il dottorato mi sono concentrato su due interazioni: quella di un fungo ericoide (*Oidiodendron maius*) e due metalli pesanti inquinanti del suolo (Cadmio e Zinco); e quella tra *Fusarium oxysporum* e l'amianto. La tecnica utilizzata per lo studio di entrambi i sistemi sperimentali è stata la proteomica (in particolare l'utilizzo di gel bidimensionali), la difficile messa a punto della metodologia, sia da un punto di vista tecnico che da un punto di vista sperimentale, mi ha permesso di apprendere la tecnica in maniera approfondita e mi ha dato l'opportunità di fare uno stage di perfezionamento di 3 mesi presso il laboratorio della Prof. M. Kapoor all'Università di Calgary, Canada.

Mi sono successivamente interessato ad un altro tipo di interazione: la simbiosi tra piante e funghi micorrizici arbuscolari. Il periodo passato a lavorare sul progetto "Towards deciphering plant-fungal dialogues", presso il laboratorio della Prof.ssa U. Paszkowski all'Università di Losanna (Svizzera) è stato uno dei più formativi, complicati e soddisfacenti della mia carriera. L'ambizioso progetto aveva l'obiettivo di identificare il proteoma della membrana peri-arbuscolare di riso. Sotto la guida scientifica della Prof. Paszkowski e la mia esperienza nella messa a punto di protocolli siamo riusciti a mettere a punto una tecnica che ci ha permesso di identificare molte delle proteine presenti sulla membrana peri-arbuscolare. Durante l'analisi dei dati prodotti dagli esperimenti di spettrometria di massa per l'identificazione proteica, ho cominciato ad interessarmi all'analisi dati, che con il tempo sarebbe diventata la terza forza trainante della mia carriera scientifica.

Rientrato in Italia ho lavorato per due anni nel laboratorio del Prof. A. Genre dell'Università degli Studi di Torino su diversi progetti che avevano l'obiettivo di identificare i proteomi delle primissime fasi della colonizzazione micorrizica arbuscolare. Negli stessi anni ho cominciato a studiare ad utilizzare il software statistico R.

Nel 2015, ho vinto una borsa all'Università degli Studi dell'Insubria sia per lavorare come bioinformatico (su dataset proteomici di dati di interazione tripartita tra: grano, funghi micorrizici e batteri patogeni) sia per mettere a punto il nascente laboratorio di bioinformatica.

Nei 2 anni successivi ho proseguito la mia formazione da bioinformatico e esperto di proteomica fungina e vegetale presso il Centro di Proteomica dell'Università di Cambridge in Inghilterra (CCP), sotto la guida del Prof. L. Gatto. Presso il CCP mi sono occupato di analisi dati per i ricercatori e i clienti del Centro. Ho collaborato con diversi ricercatori dell'Università che si occupavano di Biologia Vegetale tra cui la Prof. U. Paszkowski che nel frattempo si era spostata all'Università di Cambridge.

Alla fine del 2018 decido di interrompere il contratto presso l'Università di Cambridge e tornare in Italia, dove dopo una breve esperienza nel mondo della business analysis, capisco che l'amore per la biologia vegetale è più forte di qualsiasi sicurezza lavorativa. Ho iniziato a lavorare nel luglio 2018 presso il CNR di Torino, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, nel laboratorio del Dott. M. Turina su un progetto H2020 che mi vede impegnato nell'analisi di dati di metatranscrittomica per identificare il viroma di piante, funghi ed insetti.

Nel novembre 2020 ho ricevuto l'Abilitazione Scientifica Nazionale per il settore 05/A1 [Allegato AC].

Progetti di ricerca

2009-2010

Studio dei meccanismi cellulari e molecolari che regolano l'interazione tra funghi del suolo e metalli pesanti. Come vincitore dell'assegnio di ricerca, svolto presso il Dipartimento di Biologia Vegetale dell'Università degli Studi di Torino, ho svolto il ruolo di principale responsabilità per gli aspetti scientifici studiando i cambiamenti nell'espressione proteica di due funghi (*Oidiodendron maius* e *Fusarium oxysporum*) in condizioni di stress derivato dalla presenza di metalli pesanti. Questi lavori hanno portato alla pubblicazione di un articolo per fungo (*F. oxysporum*: Chiapello et al., 2010; *O. maius*: Chiapello et al., 2015).

2010-2013

PolarX: Pioneering in vivo proteomics and in planta live imaging for plant cell polarity. Università di Losanna, Svizzera. Vincitore di una fellowship della durata di 3 anni con l'obiettivo di decodificare il complesso network molecolare dello sviluppo della polarità cellulare. In particolare mi sono occupato dello studio delle proteine specifiche situate sulla membrana peri-arbuscolare nelle simbiosi micorriziche arbuscolari (progetto Towards deciphering plant-fungal dialogues, di cui

avevo la responsabilità scientifica). La fellowship è stata poi rinnovata per 3 mesi (fino a completamento del progetto), durante i quali sono state effettuate le analisi bioinformatiche dei dati di proteomica raccolti negli anni precedenti.

Towards deciphering plant-fungal dialogues, Università di Losanna, Svizzera. Per questo progetto, parte del più ampio PolarX: Pioneering in vivo proteomics and in planta live imaging for plant cell polarity, sono stato responsabile scientifico delle metodologie di laboratorio e computazionali per lo sviluppo di una tecnica che ci permettesse di identificare le proteine specifiche della membrana peri-arbuscolare. Questo progetto mi ha portato a lavorare con il mais come pianta modello per lo sviluppo della tecnica per via del colore giallo che sviluppa nelle sue radici quando è colonizzata da funghi micorrizici arbuscolari. Successivamente, una volta messo a punto il protocollo sperimentale, su riso, il cui apparato radicale è molto meno esteso rispetto a quello del mais e non producendo alcun pigmento non c'è modo per arricchire il campione con radici sicuramente micorrizzate. Questo lavoro ha posto le basi per la pubblicazione di un articolo come primo autore su Nature Communication (Roth, Chiapello et al., 2018; * equal contribution).

2013-2016

REPROGR_AM - Recruitment of preexisting cell programs in arbuscular mycorrhizas, Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi dell'Università degli Studi di Torino. Come vincitore di una borsa di studio sono stato coinvolto nell'analisi e nello sviluppo di costrutti GUS per il monitoraggio dello sviluppo della polarità cellulare nella simbiosi micorrizica arbuscolare. Ho anche contribuito alla creazione di una nuova linea di ricerca all'interno del progetto, portando la mia esperienza nel campo della proteomica.

VIPs in early stages of AM symbiosis, Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi dell'Università degli Studi di Torino. Coinvolto nel progetto come esperto di proteomica ho avuto la responsabilità di creare un database di oltre 2000 proteine vegetali regolate nelle fasi precoci dell'interazione micorrizica arbuscolare utilizzato per identificare e caratterizzare nuovi marker delle risposte della pianta ospite e per contestualizzare analisi parallele di espressione genica. L'analisi proteomica ha anche identificato un buon numero di proteine fungine.

Key to symbiosis, Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi dell'Università degli Studi di Torino. Il progetto è stato scritto insieme al Prof. Andrea Genre, scopritore del pre-penetration apparatus (PPA) (Genre et al., 2008), e aveva lo scopo di identificare le proteine coinvolte nel meccanismo di accomodamento del fungo all'interno delle cellule vegetali durante le fasi precoci della simbiosi arbuscolare micorrizica.

2015-2016

MIC-CERES (Microbial eco-compatible strategies for improving wheat quality traits and rhizospheric soil sustainability). Project (FC Project ID 2013-1888; AF Project ID 1301-003) jointly supported by Agropolis Fondation (through the Investissements d'avenir programme with reference number ANR-10-LABX-0001-01) and Fondazione Cariplo. Nell'ambito del summenzionato progetto mi sono occupato della parte tecnica per la progettazione e messa in funzione di due postazioni di bioinformatica, dell'iniziale formazione del personale presente (una dottoranda, una tecnica ed uno studente di laurea triennale) alla successiva analisi dei dati. Il progetto ha portato alla pubblicazione di due articoli (Fiorilli et al., 2018; Garcia-Seco et al., 2017 [Co-authorship]).

2017-2018

Presso l'Università di Cambridge (UK), Dipartimento di Biochimica, Unità di Proteomica mi sono occupato dell'analisi dati di proteomica per i ricercatori del gruppo e i clienti del centro. Ero incaricato dello sviluppo del sistema di gestione dati dei clienti, della pianificazione degli esperimenti, dell'analisi e dell'interpretazione dei dati. Ho sviluppato un sistema di report dati, usato tutt'ora, per permettere ai ricercatori di interpretare e comprendere i loro dati.

2018

Ho lavorato come consulente per ProteiQ Biosciences GmbH (<https://www.proteiq.com/>), aiutando l'azienda a sviluppare ad automatizzare alcune analisi proteomiche con R e docker.

2018-2021

Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection, H2020 project, CNR, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Torino. Vincitore di un posto da ricercatore a tempo determinato (1 anno, rinnovato di 9 mesi). Responsabile dell'analisi bioinformatiche volte a identificare il viroma di *Plasmopara viticola* (patogeno causa della peronospora della vite) e di *Erysiphe necator* (patogeno causa dell'oidio della vite). Attraverso collaborazioni internazionali la ricerca ha portato alla pubblicazione di un articolo su nuovi virus di vite identificati (Chiapello et al., 2019), di un articolo sul viroma della peronospora (Chiapello et al., 2020) a uno sul viroma dell'oidio (Rodriguez et al., 2020, in submission).

Sono uno dei promotori e fondatori dell'IBiG (Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante Bioinformatic Group) [Allegato AD]. La missione dell'IBiG prevede: fornire assistenza su misura nella progettazione sperimentale di sequenziamenti NGS, nelle analisi e nell'interpretazione dei dati; formare ed educare studenti e personale accademico su concetti di bioinformatica e buone pratiche di gestione dei dati; partecipare regolarmente a seminari, congressi e riunioni che consentano lo scambio delle migliori pratiche di analisi dei dati e l'aggiornamento sugli ultimi approcci e strumenti di bioinformatica; fare rete con altri gruppi bioinformatici nazionali e internazionali, condividere informazioni ed esperienze e contribuire a formare una vivace comunità di bioinformatica.

Phage search in insect vector microbiome - PHASER, DISBA project, CNR, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Torino. Vincitore con la dott.ssa Marta Vallino del finanziamento di Dipartimento del progetto PHASER per identificare la presenza di batteriofagi in quattro insetti vettori di malattie delle piante con due approcci: un approccio innovativo e

originale basato su analisi di sequenze di RNAseq (di cui sono il responsabile) e un approccio classico, basato su osservazioni al microscopio elettronico.

Prospettive future

Nel futuro vorrei continuare a lavorare con metodologie -omics, utilizzando la biologia computazionale per rispondere a complesse domande biologiche su piante e le loro interazioni con altri microorganismi mutualistici/simbiotici o patogeni. Tecniche recentemente sviluppate come single cell transcriptomics, single cell proteomics, spatial transcriptomics dischiudono le porte ad un nuovo approccio alla studio delle interazioni tra gli organismi: come comunicano, come interagiscono, quali risposte attivano nell'ospite a livello di singola cellula. Ritengo che la mia formazione a cavallo tra wet e dry lab mi renda un candidato qualificato per sviluppare progetti innovativi che richiedano avanzate competenze statistiche, informatiche e di biologia delle interazioni. Negli ultimi anni ho avuto l'opportunità di lavorare in diversi laboratori in Italia e in Europa, questo mi ha permesso di incontrare molti biologi vegetali e a costruire un network di possibili partners per progetti, come è stato per lo sviluppo di un pacchetto statistico di R sviluppato in collaborazione con la Prof. Gutjahr attualmente all'Università di Monaco in Germania, ma conosciuta a Losanna durante il mio primo PostDoc.

Pubblicazioni

- In submission [1] J. Rodriguez-Romero, M. **Chiapello**, M. A. Allon, and M. Turina. Analysis of the virome associated to grapevine powdery mildew lesions. *Virus Evolution*.
- [2] M. **Chiapello**, L. Bosco, M. Ciuffo, S. Ottati, M. Vallino, N. Salem, C. Rosa, L. Tavella, M. Turina. Complexity and local specificity of the virome associated to tospovirus-transmitting thrips species.
- 2020 [1] M. **Chiapello**, J. Rodriguez-Romero, M. A. Allon, and M. Turina. Analysis of the virome associated to grapevine downy mildew lesions reveals new mycovirus lineages. *Virus Evolution*. Volume 6, Issue 2, veaa058
- [2] M. **Chiapello**, J. Rodriguez-Romero, L. Nerva, M. Forgia, W. Chitarra, M. A. Allon, and M. Turina. Putative new plant viruses associated with *plasmopara viticola*-infected grapevine samples. *Annals of Applied Biology*, 176(2):180–19.
- [3] M. **Chiapello**, E. Zampieri, and A. Mello. A small effort for researchers, a big gain for soil metaproteomics. *Frontiers in Microbiology*, 11:88.
- [4] S. Ottati, M. **Chiapello**, L. Galetto, D. Bosco, C. Marzachi, and S. Abba. New viral sequences identified in the flavescence doree phytoplasma vector *scaphoideus titanus*. *Viruses*, 12(3):27.
- [5] N. Procopio, S. Ghignone, S. Voyron, M. **Chiapello**, A. Williams, A. Chamberlain, A. Mello, and M. Buckley. Soil fungal communities investigated by metabarcoding within simulated forensic burial contexts. *Frontiers in Microbiology*, 11.
- 2019 [7] M. **Chiapello**, D. Das, and C. Gutjahr. Ramf: An open-source R package for statistical analysis and display of quantitative root colonization by arbuscular mycorrhiza fungi. *Frontiers in Plant Science*, 10:1184.
- [8] L. Nerva, M. Forgia, M. Ciuffo, W. Chitarra, M. **Chiapello**, M. Vallino, G. Varese, and M. Turina. The mycovirome of a fungal collection from the sea cucumber *Holothuria polii*. *Virus Research*, 273:197737.
- [9] C. Peracchio, M. Forgia, M. **Chiapello**, M. Vallino, M. Turina, and M. Ciuffo. A complex virome that includes two distinct emaraviruses is associated to virus-like symptoms in *Camellia japonica*.
- [10] M. A. S. C. Picarelli, M. Forgia, E. B. Rivas, L. Nerva, M. **Chiapello**, M. Turina, and A. Colariccio. Extreme diversity of mycoviruses present in isolates of *Rhizoctonia solani* ag2-2 lp from *Zoysia japonica* from Brazil. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 9:244.
- [11] R. Roth, S. Hillmer, C. Funaya, M. **Chiapello**, K. Schumacher, L. L. Presti, R. Kahmann, and U. Paszkowski. Arbuscular cell invasion coincides with extracellular vesicles and membrane tubules. *Nature Plants*, 5(2):204–21.
- [12] G. Russo, G. Carotenuto, V. Fiorilli, V. Volpe, A. Faccio, P. Bonfante, M. Chabaud, M. **Chiapello**, D. V. Damme, and A. Genre. TPLATE recruitment reveals endocytic dynamics at sites of symbiotic interface assembly in arbuscular mycorrhizal interactions. *Frontiers in Plant Science*, 10.
- 2018 [13] K. Agboh, C. H. F. Lau, Y. S. K. Khoo, H. Singh, S. Raturi, A. V. Nair, J. Howard, M. **Chiapello**, R. Feret, M. J. Deery, S. Murakami, and H. W. van Veen. Powering the ABC multidrug exporter LmrA: How nucleotides embrace the ion-motive force. *Science advances*, 4(9):eaas9365.
- [14] M. Chialva, A. Salvioli di Fossalunga, S. Daghighi, S. Ghignone, P. Bagnaresi, M. **Chiapello**, M. Novero, D. Spadaro, S. Perotto, and P. Bonfante. Native soils with their microbiotas elicit a state of alert in tomato plants. *New Phytol*, 220: 1296-1308.
- [15] M. **Chiapello**, M. Alqurashi, M. **Chiapello**, C. Bianchet, F. Paolocci, K. S. Lilley, and C. Gehring. Early responses to severe drought stress in the *Arabidopsis thaliana* cell suspension culture proteome. *Proteomes*, 6(4), 38.
- [16] V. Fiorilli, C. Vannini, F. Ortolani, D. Garcia-Seco, M. **Chiapello**, M. Novero, G. Domingo, V. Terzi, C. Morcia, P. Bagnaresi, L. Moulin, M. Bracale, and P. Bonfante. Omics approaches revealed how arbuscular mycorrhizal symbiosis enhances yield and resistance to leaf pathogen in wheat. *Scientific reports*, 8(1):9625.
- [17] R. Roth, M. **Chiapello**, H. Montero, P. Gehrig, J. Grossmann, K. O'Holleran, D. Hartken, F.

Walters, S.-Y. Yang, S. Hillmer, K. Schumacher, S. Bowden, M. Craze, E. J. Wallington, A. Miyao, R. Sawers, E. Martinoia, and U. Paszkowski. A rice serine/threonine receptor-like kinase regulates arbuscular mycorrhizal symbiosis at the peri-arbuscular membrane. *Nature Communications*, 9(1). [Equal contribution of Roth and Chiapello]

[18] G. Russo, G. Carotenuto, V. Fiorilli, V. Volpe, M. **Chiapello**, D. Van Damme, and A. Genre. Ectopic activation of cortical cell division during the accommodation of arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytol*, 221: 1036-1048.

[19] N. M. Thomson, T. Shirai, M. **Chiapello**, A. Kondo, K. J. Mukherjee, E. Sivaniah, K. Numata, and D. K. Summers. Efficient 3-Hydroxybutyrate Production by Quiescent *Escherichia coli* Microbial Cell Factories is Facilitated by Indole-Induced Proteomic and Metabolomic Changes. *Biotechnology journal*, 13(5):e1700571.

2017 [1] D. Garcia-Seco, M. **Chiapello**, M. Bracale, C. Pesce, P. Bagnaresi, E. Dubois, L. Moulin, C. Vannini, and R. Koebnik. Transcriptome and proteome analysis reveal new insight into proximal and distal responses of wheat to foliar infection by *Xanthomonas translucens*. *Scientific reports*, 7(1):10157. [Equal contribution Garcia-Seco and Chiapello]

2016 [1] E. Zampieri, M. **Chiapello**, S. Daghino, P. Bonfante, and A. Mello. Soil metaproteomics reveals an inter-kingdom stress response to the presence of black truffles. *Scientific reports*, 6:25773. [Equal contribution Zampieri and Chiapello]

2015 [1] M. **Chiapello**, R. Balestrini, and S. Perotto. Symbiotic Proteomics - State of the Art in Plant Mycorrhizal Fungi Interactions.

[2] M. **Chiapello**, E. Martino, and S. Perotto. Common and metal-specific proteomic responses to cadmium and zinc in the metal tolerant ericoid mycorrhizal fungus *Oidiodendron maius* Zn. *Metallomics : integrated biometal science*, 7(5):805–81.

2012 [1] C. Gutjahr, D. Radovanovic, J. Geoffroy, Q. Zhang, H. Siegler, M. **Chiapello**, L. Casieri, K. An, G. An, E. Guiderdoni, C. S. Kumar, V. Sundaresan, M. J. Harrison, and U. Paszkowski. The half-size ABC transporters STR1 and STR2 are indispensable for mycorrhizal arbuscule formation in rice. *The Plant journal : for cell and molecular biology*, 69(5):906–92.

2010 [1] M. **Chiapello**, S. Daghino, E. Martino, and S. Perotto. Cellular response of *Fusarium oxysporum* to crocidolite asbestos as revealed by a combined proteomic approach. *Journal of proteome research*, 9(8):3923– 3931.

[2] A. Salvioli, M. **Chiapello**, J. Fontaine, A. L. Hadj-Sahraoui, A. Grandmougin-Ferjani, L. Lanfranco, and P. Bonfante. Endobacteria affect the metabolic profile of their host *Gigaspora margarita*, an arbuscular mycorrhizal fungus. *Environmental microbiology*, 12(8):2083–209.

2009 [1] M. Vallino, E. Martino, F. Boella, C. Murat, M. **Chiapello**, and S. Perotto. Cu₂Zn superoxide dismutase and zinc stress in the metal-tolerant ericoid mycorrhizal fungus *Oidiodendron maius* Zn. *FEMS microbiology letters*, 293(1):48–5.

Relazioni a congressi

- 2006 Proteomics investigation of the response of filamentous fungi to heavy metals. Mycological snapshot. Università degli Studi di Torino, Torino.
- 2015 Proteomics analyses of symbiotic plant-fungus interaction. Giornata del DBIOS, Università degli Studi di Torino, Torino.
- 2019 New viruses and new putative viral species from transcriptomic studies of samples from camellia, tomato and grapevine. Bari CNR. One Virology One Health. Società italiana di virologia.

Collaborazioni

Ramf

Nel 2018 ho collaborato con la Prof. Caroline Gutjahr (University of Munich) per lo sviluppo di un pacchetto R per l'analisi statistica dei dati di micorrizzazione delle radici. La collaborazione che aveva l'obiettivo di promuovere l'utilizzo del software R, la standardizzazione del metodo di analisi e delle visualizzazioni grafiche ha portato alla pubblicazione di un articolo (Chiapello et al., 2019). E' possibile scaricare il pacchetto su Github (<https://github.com/mchiapello/Ramf>).

Rwaves

Nel 2020 ho iniziato una collaborazione con Matteo Ripamonti (Università degli Studi di Torino) e Alberto Fereres Castiel (Instituto de Ciencias Agrarias, Institute of Agricultural Sciences, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Spanish National Research Council) per sviluppare un pacchetto di R da utilizzare per le analisi di dati di electrical penetration graph (EPG), un sistema utilizzato per studiare l'interazione tra insetti (come afidi, cicaline o tripidi) e la pianta da cui si nutrono. Il pacchetto è in attiva fase di sviluppo, ma comunque scaricabile e utilizzabile (al momento solo per insetti floemomizi) da Github (<https://github.com/mchiapello/Rwaves>).

gggenes

Ho contribuito allo sviluppo del pacchetto R gggenes, dedicato alla visualizzazione dell'organizzazioni genomiche.

Dal 2017 al 2020 una collaborazione con il laboratorio della Dr.ssa Noemi Procopio (Northumbria University), il CNR di Torino e l'Università di Manchester ha portato alla recente pubblicazione di un lavoro di ecologia forense (Procopio et al., 2020).

May Alqurashi, PhD

Con la dottoressa May Alqurashi, ricercatore in visita all'Università di Cambridge dall'Università King Abdulaziz in Arabia Saudit, ho collaborato su un progetto legato allo stress idrico in *Arabidopsis thaliana* (Alqurashi et al., 2018).

Revelo

Collaborazione con Revelo (<https://revelodatalabs.com/>), per analisi bioinformatiche e corsi di introduzione all'analisi dei dati e alla visualizzazione grafica con R.

Competenza tecniche

Tecniche di Biologia

Molecolare

Estrazione di acidi nucleici (DNA, RNA)
Tecniche di PCR, RT-PCR, RT-PCR quantitativa, RACE, Tail-PCR
Clonaggio e trasformazione, produzione di vettori RNAi e di overespressione
Trasformazione genetica mediata da *Agrobacterium rhizogenes*

Tecniche di Microbiologia

Preparazione di mezzi di coltura
Isolamento e mantenimento di colture in vitro di batteri e funghi in condizioni di sterilità
Caratterizzazione di ceppi microbici
Tecniche di coltura in vitro di organismi vegetali: colture di calli, di radici trasformate e micorrizazione in vitro.
Propagazione di micelio e di spore di funghi AM in condizione axeniche

Tecniche di biochimica

Estrazioni proteiche da cellule e tessuti vegetali
Analisi di pattern di espressione proteiche mediante gel mono- e bi-dimensionali
Immunomarcatura
Digestione proteica in-gel e gel-free
Purificazione proteiche tramite membrana (FASP e MED-FASP)

Tecniche di microscopia

Preparazione dei campioni
Microscopio ottico (colorazione di radici micorrizzate blu cotone; fucsina acida)

Competenze informatiche

Bioinformatica

Base: Bioconda
Intermedio: Galaxy, ncbi edirect
Avanzato: Trinity, bwa, bowtie2, samtools, CLARK, Kraken2, Diamond, Megan, Mega, Clustalo, IQTree, Bioconductor, Mascot, Protein Discoverer, Scaffold, Blast2GO, KEGG, MaxQuant, NCBI toolbox

Grafica

Avanzato: InkScape, Scribus, Adobe Illustrator, Adobe Photoshop, Adobe Indesign, Adobe Premiere, Adobe After Effects

OPEN SCIENCE

Intermedio: pandoc, Docker, CircleCI, Travis, MySQL
Avanzato: R, Nvim-R, RStudio, Unix Bash, tmux, Rmarkdown

Sistemi operativi

Intermedio: Windows
Avanzato: Linux, MacOS

Editor di testo

Avanzato: Vim, Microsoft Office, LibreOffice, OpenOffice, Atom

Applicazioni web

Intermedio: Shiny, HTML, CSS, Javascript, PHP, blogdown, pkgdown, distill

Software collaborativi

Base: HackMD, Asana

Intermedio: Zoom, GoToMeeting, Meet, Webex, TeamViewer, Trello, Etherpad

Avanzato: Version control (git), GitLab, GitHub, Bitbucket, Google Drive, Dropbox, Mega, Skype, Slack

Competenze linguistiche

Italiano	ILR	5
	CEFR	Madre lingua
	ACTFL	Distinto

Inglese	ILR	3+
	CEFR	C1
	ACTFL	Avanzato

Francese	ILR	1
	CEFR	A1
	ACTFL	Intermedio

Commissario in commissioni per assegni di ricerca

Selezione pubblica (numero di proteocollo IPSP 055 2020 TO) per il conferimento di un assegno di ricerca professionalizzante per lo svolgimento di attività di ricerca nell'ambito del progetto VIROPLANT ("Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection")

Organizzazione congressi

Growing Inclusive, Computational Communities and Leaders, The Carpentries (<https://2020.carpentrycon.org/task-force/>) dal 14-07-2020 al 31-08-2020 (online)

V International Mycovirus Symposium 2020, CNR, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Gargnano. dal 23-09-2020 al 26-09-2020 (Rimandato al 2021)

Comitati editoriali

Dall'aprile del 2020 sono Special Issue Editor della rivista Life (ISSN 2075-1729) per lo special issue "Plant Proteomics" (https://www.mdpi.com/journal/life/special_issues/PlantProteomics). L'uscita è prevista nel 20. [Allegato AE]

Dall'aprile 2020 sono membro dell'Editorial Board di Plant Symbiotic Interactions (special section of Frontiers in Plant Science) in qualità Review Editor.

Da giugno 2020 sono membro dell'Editorial Board di Microbe and Virus Interactions with Plants (special section of Frontiers in Microbiology) in qualità Review Editor.

Attività di insegnamento

Filosofia di insegnamento

Negli ultimi anni ho frequentato diversi corsi per la didattica dell'insegnamento. Nel 2016 ho seguito il "Data Carpentry instructor training program" e il "Software Carpentry instructor training program" della fondazione The Carpentries (<https://carpentries.org/>) e dopo aver sostenuto una prova finale in cui ho dimostrato di conoscere i concetti pedagogici chiave e le tecniche di insegnamento sono stato certificato come istruttore. Nel 2018 ho frequentato il corso "Train the trainers" di Elixir (<https://elixir-europe.org/platforms/training/train-the-trainer>) dove sono stati illustrati i principi dell'apprendimento, come questi principi sono applicati all'insegnamento, tecniche di insegnamento per aumentare la partecipazione degli studenti, come preparare materiale e corsi e come sfruttare in maniera positiva il sistema dei feedback. Nel 2020 ho conseguito i 24 crediti formativi universitari nelle discipline antropo-psico-pedagogiche e metodologie e tecnologie didattiche, sostenendo 4 esami: "pedagogia e didattica dell'inclusione", "psicologia", "antropologia" e "metodologie e tecnologie didattiche".

Vorrei dedicare poche righe a delineare la mia idea di insegnamento, argomento particolarmente importante per la posizione in oggetto di concorso e che ha assunto una progressiva rilevanza negli ultimi anni della mia carriera.

Insegnare e' saper appassione: l'apprendimento e' il risultato di cio' che fa lo studente, l'insegnante puo' pero' potenziare l'apprendimento dello studente facendolo appassionare alla materia di studio. E' la motivazione degli studenti che li orienta e li sostiene ad imparare.

Insegnare e' comunicazione: insegnare e' saper scegliere il giusto registro per ogni tipo di classe, saper tener viva l'attenzione, capire quando spingere sull'acceleratore, e quando sia bene rallentare.

Insegnare e' sostenere: insegnare e' saper aiutare, motivare e spronare gli studenti dopo un fallimento che sia esso un esame o un esperimento non riuscito.

Insegnare e' empatia: lo sviluppo personale degli studenti influenza l'atmosfera dell'intera classe e influenza di conseguenza l'apprendimento. L'interazione e l'atmosfera tra studenti e docente e tra studenti in un'aula universitaria e' fondamentale.

Insegnare e' imparare: insegnare e' mettersi in gioco. A volte bisogna ammettere di non saper qualcosa o di aver sbagliato qualcosa, l'errore e' parte fondamentale del processo di apprendimento, anche per il docente.

Corsi Universitari	Periodo	AA 2020/2021 - 12 ore [In programma]
	Qualifica	Docente
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
	Corso	Corso di Dottorato in Scienze biologiche e Biotecnologie applicate
	Insegnamento	PhDToolbox - Ricerca riproducibile in R
	Periodo	AA 2020/2021 - 8 ore (1 CFU)
	Qualifica	Docente
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
	Corso	Corso di laurea magistrale in Scienze dei Sistemi naturali
	Insegnamento	Biologia delle interazioni [Allegato Z]
	Periodo	AA 2020/2021 - 16 ore (2 CFU)
	Qualifica	Docente
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
	Corso	Corso di laurea magistrale in Biologia dell'ambiente
	Insegnamento	Interazioni tra piante, microrganismi e ambiente [Allegato AA] 1 CFU di questo corso e' mutuato con il corso precedente di Biologia delle interazioni
	Periodo	AA 2019/2020 - 24 ore (3 CFU)
	Qualifica	Professore a Contratto
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Corso	Studenti del master in "Controllo Biologico dei processi e dei prodotti dell'industria"
	Insegnamento	Data Analysis (https://mchiapello.github.io/Controllo-Biologico-dei-processi-e-dei-prodotti-dell-industria-2019/)
	Periodo	Giugno 2020 - 16 ore (Remoto) (2 CFU)
	Qualifica	Docente
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
	Corso	Corso di Dottorato in Scienze biologiche e Biotecnologie applicate
	Insegnamento	PhDToolbox - Ricerca riproducibile in R (https://phd-toolbox-course.github.io/2020_PhD_Toolbox_course/)
	Periodo	AA 2017/2018 - 24 ore (3 CFU)
	Qualifica	Docente
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
	Corso	Corso di Dottorato in Scienze biologiche e Biotecnologie applicate
	Insegnamento	PhDToolbox - Ricerca riproducibile in R (https://phd-toolbox-course.github.io/2018_PhD_Toolbox_course/)

Periodo Gennaio 2017 - 32 ore (4 CFU)
 Qualifica Docente
 Ente Università degli Studi di Torino
 Dipartimento Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
 Corso Corso di Dottorato in Scienze biologiche e Biotecnologie applicate
 Insegnamento PhDToolbox - Ricerca riproducibile in R [https://phd-toolbox-course.github.io/2017_PhD_Toolbox_course/]

Periodo Luglio 2016 - 24 ore (3 CFU)
 Qualifica Docente
 Ente Università degli Studi di Torino
 Dipartimento Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
 Corso Corso di Dottorato in Scienze biologiche e Biotecnologie applicate
 Insegnamento PhDToolbox - Ricerca riproducibile in R [https://github.com/PhD-Toolbox-course/201606_Rcourse/]

Workshop

Periodo Gennaio 2021 - 16 ore (Remoto) [In programma]
 Qualifica Docente
 Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
 Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante
 Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento Corso intermedio di R (<https://ipsp-cnr-bioinformatics.github.io/2020-Intermediate-R-CNR/>)

Periodo Novembre 2020 - 8 ore (Remoto)
 Qualifica Docente
 Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
 Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante
 Studenti Ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento Bioinformatics analysis of fungal viromes (https://mchiapello.github.io/202010_VirusDetection/)

Periodo Settembre 2020 - 18 ore (Remoto)
 Qualifica Docente
 Ente Nord university in Bodø, Norway
 Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento Data Carpentry Social Sciences workshop (<https://mchiapello.github.io/2020-09-16-nord-online/>)

Periodo Maggio 2019 - 16 ore
 Qualifica Docente
 Ente Universite' Catholique de Louvain
 Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento R Data Carpentry [link]

Periodo Febbraio 2019 - 16 ore
 Qualifica Docente
 Ente Università di Napoli
 Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento R Data Carpentry [link]

Periodo Dicembre 2018 - 16 ore
 Qualifica Docente
 Ente University of Debrecen, Hungary
 Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
 Insegnamento R Data Carpentry [link]

Periodo Novembre 2018 - 4 ore
 Qualifica Docente
 Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
 Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante

Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
Insegnamento Introduzione al data management (OSF.io and protocol.io)

Periodo Ottobre 2018 - 4 ore
Qualifica Docente
Ente Consiglio Nazionale delle Ricerche
Dipartimento Istituto per la Protezione Sostenibile delle Pianta
Studenti Ricercatori
Insegnamento Introduzione a git (version control program)

Periodo Settembre 2017 - 16 ore
Qualifica Docente
Ente University of Cambridge, United Kingdom
Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
Insegnamento R Data Carpentry [link] [Allegato AB]

Periodo Settembre 2017 - 8 ore
Qualifica Docente
Ente University of Cambridge, United Kingdom
Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
Insegnamento Data analysis and Visualization in R [Allegato AB]

Periodo Giugno 2017 - 16 ore
Qualifica Docente
Ente The Francis Crick Institute, London, United Kingdom
Studenti Ricercatori e PI
Insegnamento R Data Carpentry [<https://lgatto.github.io/2017-06-21-Crick/>]

Periodo Gennaio 2017 - 16 ore
Qualifica Docente
Ente University of Cambridge, United Kingdom
Studenti Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
Insegnamento R Data Carpentry [link] [Allegato AB]

Attività di Tutorato

Tutorato

AA 2015-2016 Andrea Modica (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)
Lavinia Cagnina (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)
Martina Capozzi (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)

AA 2019-2020 Per il master di primo livello "Controllo Biologico dei processi e dei prodotti dell'industria", ho vinto il concorso per ruolo di tutor accademico per il project work dello studente Mattia Schirrippa per la progettazione e scrittura di un report interattivo per l'analisi direzionale della produzione (in R).

AA 2019-2020 Sono stato "Mentoring chair" della fondazione "The Carpentries". Ho coordinato a livello modiale la selezione, l'organizzazione e la discussione finale degli studenti e dei mentori per hanno partecipato al programma. Maggiori informazioni sul programma possono essere trovate qui: <https://carpentries.org/inst-dev/>

Co-tutoraggio di tesi di

laurea

AA 2009-2010 Beatrice Lace (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)

Co-tutoraggio di

dottorandi

AA 2011-2012 Shui Yang (University of Lausanne-Department of Plant Molecular Biology)

AA 2015-2017

Esercitazioni di

laboratorio

- | | |
|--------------|---|
| AA 2004-2005 | Esercitazioni di laboratorio per il corso di Biologia (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi) |
| AA 2005-2006 | Esercitazioni di laboratorio per il corso di Biologia (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi) |
| AA 2016-2017 | Esercitazioni di laboratorio per studenti di dottorato sulle metodologie di preparazione del campione, analisi statistica e interpretazione dei dati (University of Cambridge, Cambridge Center for Proteomics) |

Torino, il 11/01/2021

Autorizzo il trattamento e la comunicazione dei dati personali ai sensi del D.L. 196/03