

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
Progetto	Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection (VIROPLANT - H2020) Project ID: 773567 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 <i>Plasmopara viticola</i> (peronospora della vite) e di <i>Erysiphe necator</i> (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).
Compiti	Analisi bioinformatiche per l'individuazione di nuovi virus presenti nei due patogeni studiati. Sviluppo automatizzato della pipeline di analisi. Analisi di laboratorio: PCR, qRT-PCR, trasformazioni, mantenimento di virus in diverse specie vegetali.

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)
Compiti	Analisi bioinformatiche per l'individuazione di nuovi virus presenti nei due patogeni studiati. Sviluppo automatizzato della pipeline di analisi. Analisi di laboratorio: PCR, qRT-PCR, trasformazioni, mantenimento di virus in diverse specie vegetali.

Dal 10-05-2018

Al 09-06-2018

Qualifica	Professore di Chimica e Scienze
Ente	Scuola superiore "E. Majorana", Torino
Compiti	Supplenza su 4 classi: una prima, una terza, una quarta e una quinta.

Dal 01-04-2018

Al 30-09-2018

Qualifica	Consulente
Azienda	ProteiQ Biosciences GmbH (https://proteiq.com/)

	Compiti	ProteiQ Biosciences combina machine learning, cloud computing e proteomica. 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 Azienda di consulenza sul pricing e supply chain
	Compiti	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
	Compiti	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 nell'ambito della biologia vegetale (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
	Progetto	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)
	Compiti	Creazione e messa a punto della nuova piattaforma bioinformatica per l'analisi dei dati proteici. Analisi bioinformatiche su dati proteici
Dal 01-10-2013 Al 30-09-2015	Qualifica	Borsista Post-Dottorato
	Ente	Università degli Studi di Torino
	Dipartimento	Scienze della 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 (Very Important Protein) in early stages of AM symbiosis. Progetti di Ricerca di Ateneo. Key to symbiosis. Progetti di Ricerca di Ateneo.
	Compiti	Analisi di laboratorio Pianificazione degli esperimenti Analisi bioinformatiche Tutoraggio di studenti in stage
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
	Progetto	Towards deciphering plant-fungal dialogues
	Compiti	Analisi dei dati di trascrittomica e proteomica Stesura articolo
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

Compiti	Pianificazione e realizzazione degli esperimenti Analisi dati proteomici su piante di riso e mais Sviluppo di un protocollo per identificazione di proteine rare di membrana Analisi molecolari Analisi bioinformatiche
---------	---

Dal 01-05-2009
Al 31-01-2010

Qualifica	Borsista Post-Dottorato
Ente	Universita' degli Studi di Torino
Dipartimento	Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi
Supervisore	Prof. Silvia Perotto
Progetto	Interazioni cellulari e molecolari tra funghi e metalli pesanti
Compiti	Analisi di laboratorio Coltivazione di funghi Estrazione e separazione di proteine su gel bidimensionali Immunoblotting

Formazione

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
Tesi	A Proteomic approach to investigate fungal interaction with soluble and insoluble heavy metal forms.

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
Tesi	Uno studio proteomico della tolleranza ai metalli in un fungo endomicorrizico ericoide.

Attività di insegnamento

Filosofia di insegnamento

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 appassionare: 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	Universita' 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	Universita' 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 (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 [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
	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
	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 [https://uclouvain-cbio.github.io/2019-05-20-UCLouvain/]
	Periodo	Febbraio 2019 - 16 ore
	Qualifica	Docente
	Ente	Istituto di Genetica e Biofisica - CNR Napoli
	Studenti	Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
	Insegnamento	R Data Carpentry [https://mchiapello.github.io/2019-02-11-Naples/]
	Periodo	Dicembre 2018 - 16 ore
	Qualifica	Docente
	Ente	University of Debrecen, Hungary
	Studenti	Studenti di dottorato, ricercatori, postDoc e PI
	Insegnamento	R Data Carpentry [https://fpsom.github.io/2018-12-01-elixir-debrecen/]
	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 Piante
	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 [https://tavareshugo.github.io/2017-09-11-cambridge/] [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 [https://lgatto.github.io/2017-01-18-CAM/] [Allegato AB]

Corsi frequentati

Pegaso - Università telematica

Descrizione	24 crediti formativi universitari nelle discipline antropo-psico-pedagogiche e metodologie e tecnologie didattiche (24 CFU) [Allegato C]
-------------	--

Corsi	Antropologia culturale Didattica dell'inclusione Psicologia generale Tecnologie dell'istruzione e dell'apprendimento
-------	---

The Carpentry	Descrizione	Il progetto "The Carpentry" (https://carpentries.org) comprende le comunità di istruttori "Software Carpentry", "Data Carpentry" e "Library Carpentry". La missione di questo progetto è l'insegnamento delle abilità di base di analisi dati e programmazione. In particolare il "Data Carpentry instructor training" e il "Software Carpentry instructor training" insegnano i concetti pedagogici chiave e le tecniche base di insegnamento.
---------------	-------------	---

Corsi	Data Carpentry instructor training (Carpentry foundation) - 16 ore [Allegato D] Software Carpentry instructor training (Carpentry foundation) - 16 ore [Allegato E]
-------	--

European Bioinformatics Institute (EBI)

Descrizione	L'Istituto Europeo di Bioinformatica, che fa capo al Laboratorio Europeo di Biologia Molecolare, è un centro di ricerca e servizi di bioinformatica.
-------------	--

Corso	Bioinformatics for Core Facility Managers - 24 ore [Allegato F]
-------	---

Elixir	Descrizione	ELIXIR è un'iniziativa che consente ai laboratori di scienze della vita in tutta Europa di condividere e archiviare i propri dati di ricerca nell'ambito di una rete organizzata. Il corso "Train the trainers" di Elixir (https://elixir-europe.org/platforms/training/train-the-trainer) illustra i principi dell'apprendimento, come questi principi sono applicati all'insegnamento, le tecniche di insegnamento per aumentare la partecipazione degli studenti, come preparare il materiale dei corsi e come sfruttare in maniera positiva il sistema dei feedbacks.
--------	-------------	--

Corsi	ELIXIR-EXCELERATE Train the Trainer course (ELIXIR-IT) - 16 ore [Allegato G] Docker for reproducibility - 16 ore [Allegato U]
-------	--

Datacamp

	Descrizione	DataCamp e' una piattaforma online per l'apprendimento e lo studio dell'analisi dati (https://www.datacamp.com/).
	Corsi	Machine Learning with caret in R - self-paced [Allegato H] Introduction to Statistical Modeling in R - self-paced [Allegato I] ARIMA modeling in R - self-paced [Allegato S] Introduction to time series analysis - self-paced [Allegato T] Visualizing Geospatial data in R - self-paced [Allegato V]
Coursera	Descrizione	Coursera e' azienda statunitense che opera nel campo delle tecnologie didattiche fondata da docenti d'informatica dell'Universita' di Stanford.
	Corsi	Machine Learning - self-paced [Allegato L] The Data Scientists Toolbox - self-paced [Allegato N] R programming - self-paced [Allegato O] Reproducible research - self-paced [Allegato P] Getting and cleaning data - self-paced [Allegato Q] Exploratory data analysis - self-paced [Allegato R]
University of Cambridge (UK)	Descrizione	Corsi seguiti presso la Bioinformatics Training Facility [Allegato M]
	Corsi	R object-oriented programming and package development - 8 ore Analysis of single cell RNA-seq data - 8 ore Molecular Phylogenetics - 24 ore Using the Ensembl Genome Browser - 8 ore An Introduction to Solving Biological Problems with PERL - 8 ore Statistics and R for the Life Sciences - 16 ore Exploring Protein Sequence and Functional Information with UniProt - 8 ore Relational Database Design - 16 ore MySQL: Implementing a Relational Database Design - 16 ore Beginners guide to version control with git - 16 ore Falcon: An Introduction for Content and Site Managers - 16 ore Web Authoring: HTML - Cascading Style Sheets - 8 ore
Lynda	Descrizione	Lynda era un sito di apprendimento online. Nel 2015 e' stato acquistato da LinkedIn e rinominato LinkedIn Learning.
	Corsi	The Basics of Data for Analytics - self-paced Data Visualization for Data Analysts - self-paced Relational Database Fundamentals - self-paced Git Essential Training - self-paced Up and Running with vi - self-paced Foundations of UX: Content Strategy - self-paced
BioBam	Descrizione	BioBam e' una compagnia di analisi bioinformatiche per la promozione di studi Next Generation Sequencing (NGS) in campo genetico, microbiologico e ambientale (https://www.biobam.com).
	Corso	International Course in Automated Functional Annotation and Data Mining (Blast2GO) - 24 ore.
Educative.io	Descrizione	Educative.io e' una piattaforma di apprendimento online (https://www.educative.io).
	Corso	Working with Containers: Docker & Docker Compose - self-paced [Allegato AF]
Swiss Institute for Bioinformatics (SIB)	Descrizione	SIB conduce e coordina il campo della bioinformatica in Svizzera (https://www.sib.swiss/).
	Corso	Version Control with Git - Advanced Topics - 8 ore [Allegato AG].

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. Manju 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 Uta Paszkowski all'Università di Losanna (Svizzera) e' stato uno dei piu' 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 dalla 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. Andrea Genre dell'Università degli Studi di Torino su diversi progetti che avevano l'obiettivo di identificare il proteoma 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 proteomico di dati di interazione tripartita tra: grano, funghi micorrizici a 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. Laurent 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.

Alla fine del 2018 decido di interrompere il contratto presso l'Università di Cambridge e rientrare in Italia, dove dopo una breve esperienza nel mondo della business analysis, capisco che l'amore per la biologia vegetale e' 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. Massimo 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'assegno di ricerca, svolto presso il Dipartimento di Biologia Vegetale dell'Università degli Studi di Torino, ho svolto il ruolo di principale responsabilita' 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 due articoli scientifici (*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 polarita' 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 responsabilita' scientifica). La fellowship e' 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 piu' 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 polarita' cellulare nella simbiosi micorrizica arbuscolare. Ho anche contribuito alla creazione di una nuova

	<p>linea di ricerca all'interno del progetto, portando la mia esperienza nel campo della proteomica.</p> <p>Very Important Proteins (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 elevato numero di proteine fungine.</p> <p>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.</p>
2015-2016	<p>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. Nel'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, un tecnico di laboratorio 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]).</p>
2017-2018	<p>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.</p>
2018	<p>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.</p>
2018-2021	<p>Sono stato promotore e fondatore dell'IBiG (Istituto per la Protezione Sostenibile delle Pianta Bioinformatic Group) [Allegato AD] con alcuni colleghi del IPSP-CNR. La missione dell'IBiG prevede: l'assistenza 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.</p> <p>Phage search in insect vector microbiome - PHASER, DISBA project, CNR, Istituto per la Protezione Sostenibile delle Pianta, 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.</p>
Prospettive future	<p>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 in collaborazione con la Prof. Caroline Gutjahr attualmente all'Università di Monaco in Germania, ma conosciuta a Losanna durante il mio primo PostDoc.</p>
Pubblicazioni	<p>Il percorso di ricerca scientifica mi ha portato alla pubblicazione di 26 articoli scientifici su riviste peer reviewed e il capitolo di un libro. L'impatto della ricerca è stato valutato dalla</p>

comunita' scientifica con i seguenti indici bibliometrici (aggiornato a gennaio 2021):
Scopus: h-index 10, citazioni totali 337 (mancano le pubblicazioni di Virus Evolution)
Publons (WoS): h-index 10, citazioni totali 315 (mancano le pubblicazioni di Virus Evolution)
Google scholar: h-index 14, citazioni totali 502

Per ogni articolo viene indicata la referenza ed alcuni parametri bibliometrici (aggiornato a gennaio 2021):

IF: L'Impact Factor è un indice sintetico che misura il numero medio di citazioni ricevute in un particolare anno da articoli pubblicati in una rivista scientifica (Journal) nei due anni precedenti.

SJR: SCImago Journal Rank. Questo indice e' una misura dell'influenza scientifica di una rivista che tiene conto sia del numero delle citazioni ricevute sia dell'importanza e del prestigio della rivista dove le citazioni vengono fatte.

CiteScore: Il CiteScore misura la media delle citazioni ricevute per documento pubblicato.

Quartiles: Le riviste vengono ordinate secondo il loro indice SJR e poi divise in quattro gruppi uguali (Q1, Q2, Q3 e Q4).

Rank: La posizione della rivista rispetto alle riviste presenti nella stessa categoria scientifica. Viene riportata sia la categoria che la posizione della rivista sulla totalita' delle riviste nella stessa categoria.

Citazioni: Numero di citazioni dell'articolo fino a gennaio 2021.

In sottomissione

J. Rodriguez-Romero, M. **Chiapello**, M. A. Allon, and M. Turina. Analysis of the virome associated to grapevine powdery mildew lesions.

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] S. Sutela, M. Forgia, E. J. Vainio, M. **Chiapello**, S. Daghighi, M. Vallino, E. Martino, M. Girlanda, S. Perotto, M. Turina, The virome from a collection of endomycorrhizal fungi reveals new viral taxa with unprecedented genome organization, *Virus Evolution*, Volume 6, Issue 2, veaa076, <https://doi.org/10.1093/ve/veaa076>.
 IF: 5.549 - SJR: 0.737 - CiteScore: 7 - Quartiles: Q3 - Rank: Virology (4/37) - Citazioni: 1

[2] 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. 10.1093/ve/veaa058.
 IF: 5.549 - SJR: 0.737 - CiteScore: 7 - Quartiles: Q3 - Rank: Virology (4/37) - Citazioni: 3

[3] 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):180-1, 10.1111/aab.12563.
 IF: 2.037 - SJR: 0.713 - CiteScore: 3.5 - Quartiles: Q1 - Rank: Agronomy and Crop Science (67/334) - Citazioni: 9

[4] M. **Chiapello**, E. Zampieri, and A. Mello. A small effort for researchers, a big gain for soil metaproteomics. *Frontiers in Microbiology*, 11:88. 10.3389/fmicb.2020.00088.
 IF: 4.235 - SJR: 1.690 - CiteScore: 6.4 - Quartiles: Q1 - Rank: Microbiology (34/147) - Citazioni: 4

[5] 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. 10.3390/v12030287.
 IF: 3.816 - SJR: 1.633 - CiteScore: 4.3 - Quartiles: Q1 - Rank: Virology (33/66) - Citazioni: 1

[6] 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. 10.3389/fmicb.2020.01686.
 IF: 4.235 - SJR: 1.690 - CiteScore: 6.4 - Quartiles: Q1 - Rank: Microbiology (34/147) - Citazioni: 0

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. 10.3389/fpls.2019.01184.
 IF: 4.402 - SJR: 1.691 - CiteScore: 7.8 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (20/431) - Citazioni: 2

[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. 10.1016/j.virusres.2019.197737.
 IF: 2.934 - SJR: 1.194 - CiteScore: 5.3 - Quartiles: Q2 - Rank: Virology (23/66) -

Citazioni: 16

- [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*. *Virus Research*, Volume 286s. 10.1016/j.virusres.2020.197964. IF: 2.934 - SJR: 1.194 - CiteScore: 5.3 - Quartiles: Q2 - Rank: Virology (23/66) - Citazioni: 1
- [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. 10.3389/fcimb.2019.00244. IF: 4.123 - SJR: 1.626 - CiteScore: 5.4 - Quartiles: Q1 - Rank: Microbiology (42/147) - Citazioni: 18
- [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. 10.1038/s41477-019-0365-4. IF: 10.330 - SJR: 5.517 - CiteScore: 19.4 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (3/431) - Citazioni: 20
- [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: 1628. 10.3389/fpls.2019.01628. IF: 4.402 - SJR: 1.691 - CiteScore: 7.8 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (20/431) - Citazioni: 1
- 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. 10.1126/sciadv.aas9365. IF: 13.116 - SJR: 6.062 - CiteScore: 25.2 - Quartiles: Q1 - Rank: Multidisciplinary (3/111) - Citazioni: 4
- [14] M. Chialva, A. Salvioli di Fossalunga, S. Daghino, 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. 10.1111/nph.15014. IF: 8.512 - SJR: 3.702 - CiteScore: 13 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (9/431) - Citazioni: 43
- [15] Alqurashi, M. **Chiapello**, C. Blanchet, F. Paolucci, K. S. Lilley, and C. Gehring. Early responses to severe drought stress in the *Arabidopsis thaliana* cell suspension culture proteome. *Proteomes*, 6(4), 38. 10.3390/proteomes6040038. IF: 2.77 - SJR: 1.189 - CiteScore: 7.2 - Quartiles: Q2 - Rank: Biochemistry (68/407) - Citazioni: 11
- [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. 10.1038/s41598-018-27622-8. IF: 3.998 - SJR: 1.341 - CiteScore: 7.2 - Quartiles: Q1 - Rank: Multidisciplinary (8/111) - Citazioni: 28
- [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). 10.1038/s41467-018-06865-z. [Equal contribution of Roth and Chiapello] IF: 12.121 - SJR: 5.569 - CiteScore: 18.1 - Quartiles: Q1 - Rank: General Biochemistry, Genetics and Molecular Biology (8/197) - Citazioni: 15
- [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. 10.1111/nph.15398. IF: 8.512 - SJR: 3.702 - CiteScore: 13 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (9/431) - Citazioni: 12
- [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. 10.1002/biot.201700571. IF: 4.235 - SJR: 1.089 - CiteScore: 6.6 - Quartiles: Q1 - Rank: Applied Microbiology and Biotechnology (17/105) - Citazioni: 6

2017	[20] 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 <i>Xanthomonas translucens</i> . Scientific reports, 7(1):10157. 10.1038/s41598-017-10568-8. [Equal contribution Garcia-Seco and Chiapello] IF: 3.998 - SJR: 1.341 - CiteScore: 7.2 - Quartiles: Q1 - Rank: Multidisciplinary (8/111) - Citazioni: 19
2016	[21] 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. 10.1038/srep25773. [Equal contribution Zampieri and Chiapello] IF: 3.998 - SJR: 1.341 - CiteScore: 7.2 - Quartiles: Q1 - Rank: Multidisciplinary (8/111) - Citazioni: 29
2015	[22] M. Chiapello , E. Martino, and S. Perotto. Common and metal-specific proteomic responses to cadmium and zinc in the metal tolerant ericoid mycorrhizal fungus <i>Oidiodendron maius</i> Zn. Metallomics : integrated biometal science, 7(5):805–81 10.1039/C5MT00024F. IF: 4.069 - SJR: 1.014 - CiteScore: 5.2 - Quartiles: Q1 - Rank: Chemistry (miscellaneous) (4/31) - Citazioni: 24
2012	[23] 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, 69(5):906–92 10.1111/j.1365-313X.2011.04842.x. IF: 6.141 - SJR: 3.161 - CiteScore: 9.8 - Quartiles: Q1 - Rank: Plant Science (12/431) - Citazioni: 119
2010	[24] M. Chiapello , S. Daghino, E. Martino, and S. Perotto. Cellular response of <i>Fusarium oxysporum</i> to crocidolite asbestos as revealed by a combined proteomic approach. Journal of proteome research, 9(8):3923– 393. 10.1021/pr100133d. IF: 4.074 - SJR: 1.539 - CiteScore: 6.7 - Quartiles: Q1 - Rank: Biochemistry (81/407) - Citazioni: 15 [25] 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 <i>Gigaspora margarita</i> , an arbuscular mycorrhizal fungus. Environmental microbiology, 12(8):2083–209.10.1111/j.1462-2920.2010.02246.x. IF: 4.933 - SJR: 2.180 - CiteScore: 9.1 - Quartiles: Q1 - Rank: Ecology, Evolution, Behavior and Systematics (26/629) - Citazioni: 38
2009	[26] M. Vallino, E. Martino, F. Boella, C. Murat, M. Chiapello , and S. Perotto. Cu,Zn superoxide dismutase and zinc stress in the metal-tolerant ericoid mycorrhizal fungus <i>Oidiodendron maius</i> Zn. FEMS microbiology letters, 293(1):48–5.10.1111/j.1574-6968.2009.01503.x. IF: 1.987 - SJR: 0.840 - CiteScore: 2.4 - Quartiles: Q2 - Rank: Microbiology (104/147) - Citazioni: 36
Book chapter	[1] M. Chiapello , R. Balestrini, and S. Perotto. Symbiotic Proteomics - State of the Art in Plant Mycorrhizal Fungi Interactions. (2015). Recent Advances in Proteomics Research. 10.5772/61331.

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 University of Munich

Nel 2018 ho collaborato con la Prof. Caroline Gutjahr 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>).

Universita' degli Studi di
Torino - Instituto de Ciencias
Agrarias

Nel 2020 ho iniziato una collaborazione con Matteo Ripamonti (Universita' 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>).

Northumbria University -
CNR - Università di
Manchester

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).

Università King Abdulaziz

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

Revelo Datalabs

Collaborazione con Revelo (<https://revelodatalabs.com/>), per analisi bioinformatiche e corsi di introduzione all'analisi dei dati e alla visualizzazione grafica con R. Revelo Datalabs è una start up di accademici e professionisti delle life science.

gggenes R package

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

**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
Immuno-marcatore
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

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

Sviluppo tools bioinformatici

Ramf: un pacchetto di R per l'analisi statistica e la visualizzazione dei dati di colonizzazione dei funghi micorrizici arbuscolari (<https://github.com/mchiapello>)

/Ramf).

Rwaves: un pacchetto R per l'analisi statistica e l'automatizzazione dei dati di elettropenetrazione (<https://github.com/mchiapello/Rwaves>).

Grafica

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

OPEN SCIENCE

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

Sistemi operativi

Avanzato: Linux, MacOS
Intermedio: Windows

Editor di testo

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

Applicazioni web

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

Software collaborativi

Avanzato: Version control (git), GitLab, GitHub, Bitbucket, Google Drive, Dropbox, Mega, Skype, Slack
Intermedio: Zoom, GoToMeeting, Meet, Webex, TeamViewer, Trello, Etherpad
Base: HackMD, Asana

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 protocollo 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/>). Coinvolto in due sotto-gruppi: Content/Communications Subcommittee e Program Subcommittee.
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 di 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 di Review Editor.

Attività di revisore per diverse riviste: New Phytologist; ISME journal, Plant Cell and Environment; Mycorrhiza, Environmental Microbiology, Plos On, BMC genomics, Scientific Reports, Pedosphere, Archives of Virology.

Attività di Tutoraggio

Tutoraggio	AA 2015-2016	Andrea Modica (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi - stage universitario per studenti magistrali) Lavinia Cagnina (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi - stage universitario per studenti magistrali) Martina Capozzi (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi - stage universitario per studenti magistrali)
	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 mondiale 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	Giulia Russo (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)
Esercitazioni di laboratorio	AA 2004-2005	Esercitazioni di laboratorio per l'insegnamento di Botanica Generale + Istologia Vegetale (corso A) (B8510) (Università degli Studi di Torino - Dipartimento di Scienze della vita e Biologia dei Sistemi)
	AA 2005-2006	Esercitazioni di laboratorio per l'insegnamento di Botanica Generale + Istologia Vegetale (corso A) (B8510) (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)

Competenze trasversali

Competenze comunicative e interpersonali

Propensione all'ascolto acquisita grazie all'esperienza di volontariato presso Comune di Torino e servizi sociali della circoscrizione 7, nell'ambito dei progetti "Provaci ancora Sam" e "Tutoraggio". Entrambi progetti coinvolgevamo minori e le loro famiglie con situazioni educative e economiche problematiche. Quest'esperienza mi ha permesso di imparare l'ascolto e l'empatia, nonché la gestione di situazioni estremamente conflittuali sia in famiglia sia tra le famiglie e le istituzioni.

Ottimo **capacità comunicative verbali** acquisite in ambito universitario e internazionale. Sono in grado di parlare in pubblico grazie all'esperienza maturata durante gli ultimi anni in cui ho tenuto svariati workshop in diverse Università e centri di ricerca Europei. Anni di esperienza come allenatore di pallavolo (in Italia, Svizzera e Inghilterra) mi hanno permesso di migliorare la **capacità di sintesi**: spiegare concetti complessi in poche e semplici parole.

Ho acquisito la capacità di **comunicare in modo scritto** grazie all'esperienza nella stesura di articoli scientifici, relazioni e progetti in ambito scientifico.

Ottima capacità di adattamento grazie all'esperienze lavorative e sociali in ambito internazionale. Negli ultimi 11 anni ho lavorato in diverse Università Europee e ogni volta ho dovuto ricreare relazioni lavorative e sociali.

Capacita' di lavorare in autonomia. Negli ultimi anni ho svolto per diverse aziende (ProteiQ, Evo Pricing e Revelo Datalab) il lavoro di consulente su specifici progetti. Queste esperienze mi hanno permesso di maturare la capacita' di lavorare in autonomia, **rispettare le tempistiche** e **organizzare e gestire il tempo lavorativo**.

Capacita' di lavorare in gruppo. Tutte le esperienze lavorative all'interno di gruppi di ricerca, hanno invece contribuito a migliorare la mia capacita' di lavorare in gruppo: collaborazione, empatia, supporto, confronto e disponibilita' sono le parole con cui descrivo la mia presenza all'interno di un gruppo di lavoro. Piu' di 10 anni di esperienza lavorativa in ambito scientifico universitario mi hanno permesso di sviluppare sotto la guida di diversi mentori (italiani e stranieri) spiccate capacita' di **pianificazione e gestione** di progetti ed esperimenti di ricerca.

L'esperienza di allenatore di pallavolo mi ha permesso di allenare squadre giovanili femminili e maschili; squadre di adulti maschili e femminili; nonche' squadre di adulti miste con giocatori provenienti da diverse nazionalita'. La grande eterogeneita' delle squadre allenate mi ha permesso di sviluppare **adattabilita'** (saper modificare il proprio comportamento a seconda di quanto richiesto dalla situazione), **flessibilita'** (saper non irrigidirsi sulla propria posizione) e **capacita' gestionali di gruppi complessi in situazioni di stress** (come le due finali nazionali del campionato under 18 Svizzero).

Competenze cognitive e
intellettuali

Durante i primi anni della mia carriera universitaria mi sono spesso trovato a lavorare su progetti nuovi o con l'utilizzo di tecniche nuove per il laboratorio di riferimento. Queste situazioni mi hanno aiutato ad accrescere le mie capacita' di **problem solving** per imparare a sviluppare nuovi protocolli o apprendere in autonomia tecniche nuove.

In particolare, durante il mio postDoc in Svizzera, ho dovuto sviluppare un protocollo per estrazione ed l'identificazione di rare proteine di membrana. La messa appunto del protocollo ha richiesto due anni e innumerevoli fallimenti. Quest'esperienza mi ha fatto capire la mia **propensione al risultato**, la capacita' di non mollare e il tenace **spirito di iniziativa**.

Torino, il 18/01/2021

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

