

CURRICULUM VITAE

di **MASSIMO DELLEDONNE**

Professore Ordinario di Genetica

Università degli Studi di Verona

Dipartimento di Biotecnologie

Strada le Grazie 15, 37134 Verona

Tel. 045 8027962 -

massimo.delledonne@univr.it

<http://profs.scienze.univr.it/delledonne>

INFORMAZIONI PERSONALI

FORMAZIONE

- | | |
|------|--|
| 1988 | Laurea in Scienze Agrarie (Università Cattolica S.C., Piacenza) |
| 1994 | Dottorato di Ricerca in Biotecnologie molecolari (Università Cattolica S.C.) |

SOGGIORNI DI STUDIO ALL'ESTERO

- | | |
|------|---|
| 1990 | Department of Genetics, Iowa State University, Ames, Iowa (USA), maggio - giugno. |
| 1991 | Department of Genetics, Iowa State University, Ames, Iowa (USA), febbraio - agosto |
| 1992 | Department of Genetics, Iowa State University, Ames, Iowa (USA), giugno - luglio, |
| 1995 | Plant Biology Laboratory, Salk Institute for Biological Studies, La Jolla, CA (USA), marzo - dicembre |
| 1997 | Plant Biology Laboratory, Salk Institute for Biological Studies, La Jolla, CA (USA), marzo - agosto |
| 1998 | Plant Biology Laboratory, Salk Institute for Biological Studies, La Jolla, CA (USA), aprile - luglio |
| 1999 | Institute of Cellular and Molecular Biology, University of Edinburgh, Scozia (UK), luglio - settembre |

POSIZIONI ACCADEMICHE

- 1994 - 2001 *Ricercatore* di Genetica Agraria (SSD AGR/07), Istituto di Genetica, Università Cattolica S.C., Piacenza
- 2001 - 2011 *Professore Associato* di Genetica Agraria (SSD AGR/07) presso la Facoltà di Scienze MM. FF. NN. dell'Università degli Studi di Verona.
- 2012 - oggi *Professore Ordinario* di Genetica (Macrosettore 05/I, SSD BIO/18) presso il Dipartimento di Biotecnologie (Area Scienze MM. FF. NN.) dell'Università degli Studi di Verona.

ATTIVITA' ACCADEMICA ALL'ESTERO

- 2002 Invited professor, Università de Nice (Francia), luglio-agosto

ATTIVITA' ISTITUZIONALI

- 2003 - oggi Membro (e dal 2014 al 2018 Presidente Vicario) della Commissione Scientifico-Amministrativa della Biblioteca di Ateneo A. Meneghetti
- 2007 -2010 Rappresentante dei Professori Associati della Facoltà di Scienze MM FF NN nel *Senato Accademico Allargato* dell'Università degli Studi di Verona
- 2004 - 2012 Coordinatore del Corso di Dottorato di Ricerca in Biotecnologie Applicate dell'Università degli Studi di Verona
- 2013 - 2015 Direttore della Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina dell'Università degli Studi di Verona
- 2015 - 2018 Coordinatore del Corso di Dottorato di Ricerca in Biotecnologie dell'Università degli Studi di Verona
- 2015 - 2018 Direttore del Centro Piattaforme Tecnologiche dell'Università degli Studi di Verona

ESPERIENZE GESTIONALI

- 2012 - 2017 Socio fondatore, Amministratore Delegato e Direttore Scientifico di Personal Genomics SRL, Spin-off dell'Università degli Studi di Verona con lo status di Startup innovativa ai sensi del decreto legge 179/2012. Sede legale: via Roveggia 43b, 37136 Verona
- 2014 - 2016 Socio fondatore di Biodiversa SRL con lo status di Startup innovativa ai sensi del decreto legge 179/2012. Sede legale: via Rialto 73, Rovereto, TN
- 2015 - 2018 Direttore del Centro Piattaforme Tecnologiche, centro autonomo di spesa dell'Università degli Studi di Verona

2019 - Socio fondatore e Presedente di Genartis SRL, Spin-off dell'Università degli Studi di Verona con lo status di Startup innovativa ai sensi del decreto legge 179/2012. Sede legale: via IV Novembre, 24 – 37126 – Verona

BREVETTI

Delledonne M. (2019) Method for the production of kits for the enrichment of genomic regions. EP3524695A1

Rossato M. e Delledonne M. (2022) Methods for determining the presence or risk of developing myotonic dystrophy type 1 (DM1) or myotonic dystrophy type 2 (DM2). P022912EP-01

COLLABORAZIONE CON ISTITUZIONI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

Esperto valutatore di progetti di ricerca per:

- ANR (French National Research Agency)
- BARD (US-Israel Binational Agricultural Research and Development Fund)
- BBSRC (Biotechnology and Biological Sciences Research Council, UK)
- EMBO
- ERA-NET
- Unione Europea
- Leverhulme Trust (UK)
- DFG (Deutsche Forschungsgemeinschaft, DE)
- Provincia autonoma di Trento
- The Research Foundation - Flanders (FWO; BE)

2009 - 2012 Delegato italiano nell'ambito del programma Europeo StatSeq (2009-2012) per lo sviluppo di strumenti statistici ed informatici e strategie per produrre, analizzare ed integrare i dati di sequenziamento massivo parallelo

2010 - 2016 Esperto italiano nominato dal Ministero della Salute, nel gruppo di valutazione del rischio OGM dell'European Food Safety Agency (EFSA)

2011 - 2013 Membro del Gruppo di Esperti ANVUR Area CUN 07 per la Valutazione del sistema Universitario e della Ricerca nel settennio 2004-2010 (VQR 2004-2010)

2015 - 2016 Membro del Gruppo di Esperti ANVUR Area CUN 05 per la Valutazione del sistema Universitario e della Ricerca nel periodo 2011-2014 (VQR 2011-2014)

2019-2021 Membro della Commissione per l'Abilitazione Scientifica Nazionale per il settore concorsuale 05/I1-GENETICA

2019 - Membro del Working Group 4 "Good Genomic Practice", 1+ Million Genomes Initiative

2021 - Delegato nazionale del Working Group 7 "Involvement of the private sector", 1+

RICONOSCIMENTI

2003	EMBO Young Investigator per il periodo 2003-2005
2008	Premio Assunta Baccarini Melandri della Società Italiana di Biologia Vegetale
2011	Premio Antico Fattore dell' Accademia del Georgofili
2013	Premio Assoenologi per la ricerca scientifica in viticoltura ed enologia

APPARTENENZA A SOCIETA' SCIENTIFICHE

E' membro della Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA), dell'Associazione Genetica Italiana (AGI) e dell'American Society of Human Genetics (ASHG)

ATTIVITA' EDITORIALE

E' stato membro dell'Editorial Board di BMC Plant Biology per il periodo 2010-2015, dell'Advisory Board di *The Plant Journal* per il periodo 2004-2007, dell'Editorial Board di *Biotechnology Journal* per il periodo 2006-2008, ed ha collaborato come *referee* per le seguenti riviste scientifiche: Journal of Experimental Botany, Molecular Plant-Microbe Interactions, Plant Physiology and Biochemistry, The Plant Cell, Plant Physiology, The Plant Journal, Trends in Plant Science, BMC Genomics, PLoS ONE, Science, Nature Genetics, Nature

ATTIVITA' DIDATTICA (1999 = AA 1999/2000)

1999 - 2002	Insegnamento di Biotecnologie Genetiche (AGR07, 150 ore) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali (vecchio ordinamento).
2002	Insegnamento di Bioinformatica (40 ore) presso il Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali dell'Università Cattolica del S. C.
2003 - 2006	Insegnamento di Biotecnologie Genetiche (AGR07, 150 ore) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali (vecchio ordinamento). Insegnamento di Tecnologie Biomolecolari (AGR07, 4 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali dell'Università di Verona.
2007 - 2009	Insegnamento di Tecnologie Biomolecolari (AGR07, 4 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali dell'Università di Verona.

Insegnamento di Biotecnologie Genetiche (AGR/07, 5 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea specialistica in Biotecnologie Agro-Industriali.

Insegnamento di Elementi di Genetica (BIO18, 5 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Bioinformatica dell'Università di Verona.

Insegnamento di Elementi di Genetica (BIO18, 5 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Bioinformatica dell'Università di Verona.

2009 Insegnamento di Struttura e Funzione dei Genomi (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea magistrale in Biotecnologie Agro-Industriali dell'Università di Verona.

Insegnamento di Elementi di Genetica (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Bioinformatica dell'Università di Verona

Insegnamento di Genetica (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali dell'Università di Verona.

2010 - 2014 Insegnamento di Struttura e Funzione dei Genomi (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea magistrale in Biotecnologie Agro-Industriali (LM7) dell'Università di Verona.

Insegnamento di Genomica e Trascrittomica (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea magistrale in Bioinformatica e Biotecnologie Biomediche (LM9) dell'Università di Verona

2010 - oggi Insegnamento di Elementi di Genetica (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Bioinformatica dell'Università di Verona

Insegnamento di Genetica (BIO18, 6 crediti) nell'ambito del Corso di Laurea in Biotecnologie dell'Università di Verona.

2015 – oggi Insegnamento di Human Genome Sequencing and Interpretation nell'ambito del Corso di Laurea magistrale LM9 in Molecular and medical biotechnology

2016 – 2020 Insegnamento di Genetics nell'ambito del Corso di Laurea magistrale LM18 in Medical bioinformatics

2021 – oggi Insegnamento di Human Genomics and Epigenomics nell'ambito del Corso di Laurea magistrale LM18 in Medical bioinformatics

2022 – oggi Insegnamento di Genetica nell'ambito della Scuola di Specializzazione in Farmacologia e Tossicologia Clinica

DIREZIONE DI TESI E TUTORATO

Dal 1 novembre 2001 a oggi, è stato relatore di oltre 30 tesi di Dottorato di Ricerca e di numerose tesi sperimentali di studenti del Corso di Laurea in Biotecnologie Agro-Industriali vecchio ordinamento, del Corso di Laurea in Biotecnologie, del Corso di Laurea in Bioinformatica, del Corso di Laurea Magistrale in Biotecnologie Agro-alimentari e del Corso di Laurea Magistrale in Bioinformatica e Biotecnologie Mediche

- 1999 *Stazione Zoologica di Napoli*, Lab. biologia molecolare vegetale.
Università di Napoli "Federico II", Dip. Agron. e Genetica vegetal.
Università degli Studi di Padova, Dip. Di Biologia.
Società Italiana Fisiologia Vegetale, Maratea nell'ambito del corso "Biologia delle interazioni tra le piante e i microorganismi patogeni"
John Innes Centre, U.K.
Università degli studi di Milano, Facoltà di Scienze MM FF NN.
Università di Friburgo, Istituto di Biologia, Germania.
- 2000 *Sainsbury Laboratory*, U.K.
- 2002 *Commissariat a l'énergie atomique*, Cadarache, Francia.
Dip. di Scienze e Tecnologie Biologiche e ISPA-IRBA, CNR, Lecce.
Università di Nizza, Lab. di Biologia Vegetale e Microbiologia, Francia
- 2003 *Università di Friburgo*, Dip. Biologia Vegetale, Svizzera
Laboratorio Gruppi Sanguigni, Cremona
Istituto S. Michele all'Adige, Trento
Università degli Studi di Torino, Dipartimento di Biologia Vegetale.
Azienda ULSS 20, Dipartimento di Prevenzione, Verona.
- 2004 *Scuola di Fisiopatologia Vegetale*, Lucca
Università di Wurzburg, Dipartimento di Botanica, Germania.
Università di Gent, Dipartimento di Biologia dei Sistemi Vegetali, Belgio.
- 2005 *Università di Bielefeld*, Lehrstuhl für Biochemie und Physiologie der Pflanzen, Germania.
Istituto di Genetica e Biofisica "Adriano Buzzati Traverso" CNR , Napoli.
UMR Plante-Microbe-Environnement INRA/CNRS/Université de Bourgogne, Dijon, Francia.
- 2006 *Hemoglobins modulates nitric oxide bioactivity in plants*. International PhD programme in Agrobiodiversity, Scuola Superiore Sant'Anna.
Nitric oxide functions in the plant hypersensitive disease resistance response. Instituto Gulbenkian de Ciência, Lisbon, Portugal.
Analysis of gene expression with Combimatrix technology: a new grape microarray platform? Genoplant, Evry, France.
- 2007 *DNA chip technology*. Università degli Studi di Udine
Nitric oxide signaling in plant defense. Summer school in "Plant Hormones in Action". Società Italiana di Fisiologia Vegetale, Maratea.
Analisi espressione genica mediante microarray . Corso estivo in "Strumenti bioinformatici per l'analisi e la gestione dei dati di sequenza, di annotazione genomica e di espressione

genica". Società Italiana di Genetica Agraria, Monsampolo del Tronto.

- 2008 *Nitric oxide signaling in plant-pathogen interaction*. Finnish Graduate School in Plant Biology & Viikki Graduate School in Biosciences. Helsinki, Finland

Ossido nitrico in pianta. Giornata di studio "Stress ossidativo: segnale di morte o di sopravvivenza cellulare". Università degli Studi di Salerno.

- 2009 *Nitric oxide signaling functions in plant disease resistance*. Universidade Estadual de Campinas. Campinas, Brazil

The plant hypersensitive disease resistance response. , Scuola di Dottorato in Scienze Biologiche e Molecolari. Università degli Studi di Milano.

Analisi funzionale dei genomi. Corso estivo in "Strumenti bioinformatici per l'analisi e la gestione dei dati di sequenza, di annotazione genomica e di espressione genica". Società Italiana di Genetica Agraria, Volterra

Nitric oxide signaling functions in plant disease resistance. University of Nanjing,, Cina

- 2010 *Analisi globale dell'espressione genica mediante microarray e RNA-Seq*. CRA, Centro di ricerca per la genomica e la postgenomica animale e vegetale. Fiorenzuola d'Arda.

Nitric oxide signaling functions in plants. Stazione Zoologica Anton Dohrn. Napoli

Nitric oxide signaling functions in disease resistance. RIKEN Plant Science Center. Yokohama, Japan.

Characterization of Transcriptional Complexity During Berry Development in Vitis Vinifera Using RNA-Sequencing. Illumina Sequencing Seminars. Roma.

Next generation sequencing for next generation scientists? NO way! Unité Mixte de Recherche CNRS – INRA Nice, France

- 2011 *Grapevine genome reveals wine's flavour secrets*. E. & J. Gallo Winery, Modesto, CA, USA

Nuove tecnologie genomiche a supporto dell'analisi dei genomi vegetali. Università degli Studi di Napoli Federico II

Impatto delle nuove tecnologie di sequenziamento sull'analisi strutturale e funzionale dei genomi di interesse agrario. Corso SIGA:"Bioinformatica applicata alla genomica agraria", Salsomaggiore (PR)

Nitric oxide signaling functions in plants. Università degli Studi mediterranea di Reggio Calabria

Impatto delle nuove tecnologie di sequenziamento sull'analisi strutturale e funzionale dei genomi. Lezione seminariale nell'ambito del corso "Tecnologie innovative e strumenti bioinformatici per l'analisi dei viventi" per il dottorato in Scienze Genetiche e Biomolecolari della Università degli Studi di Pavia

Deep sequencing. Dipartimento XX. Università degli Studi di Bologna

Analisi dell'espressione genica e dei suoi meccanismi di controllo nelle piante. Università degli Studi di Napoli Federico II

The power of next generation sequencing on the Illumina platform. Syddansk Universitet, Vejle, Denmark

La genomica personalizzata. Federfarma Vicenza, Bolzano Vicentino, Vicenza

- 2012 *Assembly the diversity: reconstruction and characterization of ecotypes' proprietary set of genes by RNA-Seq.* Alp Nano bio International School 3. Vipiteno, Bolzano
- Microarray or RNA-Seq: what to use if you are "just" a biologist.* Genopole, Evry, France
- The sequencing and characterization of the Tannat genome.* Camara de Comercio, Montevideo, Uruguay
- Impatto delle nuove tecnologie di sequenziamento sull'analisi strutturale e funzionale dei genomi.* Dipartimento di Scienze Biomediche e Biotecnologie, Università degli Studi di Brescia.
- Comparison of Next Generation Sequencing technologies for genomics and transcriptomics.* Workshop on Bioinformatics for Omics Sciences. Area di Ricerca, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Napoli
- Next generation Sequencing technologies for rare diseases.* DEM-CHILD Teaching Day, Verona
- 2013 *RNA-Seq: the Doctor Jekyll and Mister Hyde of gene expression analysis.* Scuola di Fisiopatologia Vegetale, Pieve Tesino, Trento
- GATTACA: from science fiction to reality (tecnologie di oggi e di domani).* Istituto di Ricerche Farmacologiche Mario Negri, Bergamo
- La genomica personalizzata.* Azienda Ospedaliera Integrata, Verona
- Le nuove frontiere del next generation sequencing ed i risvolti in campo biomedico.* Dipartimento di Scienze e Tecnologie, Università del Sannio, Benevento
- The high polyphenol content of grapevine (Vitis vinifera) cultivar Tannat berries is conferred primarily by genes that are not shared with the reference genome.* Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Universidad Politécnica de Valencia (UPV)-CSIC, Valencia, Spain
- 2014 *GATTACA: from NextGen Sequencing to NextGen Diagnostics and Therapy.* Spedali Civili di Brescia e Dipartimento di Scienze Cliniche e Sperimentali, Università degli Studi di Brescia.
- My beautiful genome.* TEDx Verona
- Il genoma della vite.* GENOPOM, Università degli Studi di Napoli
- Dal naturale al coltivato.* Infinitamente, Verona
- I genomi vegetali e la loro caratterizzazione,* Università degli Studi di Bari
- From Next Generation sequencing to Next Generation Start-ups.* Custodi di Successo, Vicenza
- Il DNA del Vialone Nano veronese: progetto di mappatura del genoma del riso di Isola della Scala.* Il riso fa bene, 48° Fiera del Riso, Isola della Scala, Verona
- Perché conoscere il nostro genoma.* TEDx Como
- Sequenziato il genoma di tre cloni di Nebbiolo.* Nebbiolo genomics: Genomica strutturale-funzionale su aspetti patologici e qualitativi. Alba, Cuneo
- 2015 *Next generation diagnostic and clinics.* MBC Centro di Biotecnologie Molecolari, Università degli Studi di Torino
- My Beautiful genome.* Darwin day 2015, UAAR Verona

My beautiful genome: alla scoperta del nostro DNA. Incontro con la scienza. Cortemaggiore (PC)

Understanding your own genome. Rotary Club Vejlen, Denmark

Next Generation Sequencing for this generation scientists. Dipartimento di Scienze, Università degli Studi Roma tre

Next Generation Sequencing for next generation medicine. Università degli Studi di Firenze e Ospedale pediatrico Meyer

Next Generation Sequencing for next generation medicine. Scuola Superiore S. Anna, Pisa

Le biotecnologie e gli organismi geneticamente modificati. Federazione Italiana Dottori in Agraria e Forestali, Associazione di Verona, Verona

2016 *Addressing the biodiversity knowledge gap in tropical countries using mobile nanopore sequencing.* Istituto di Tecnologie Biomediche, CNR, Milano

Siamo tutti geni. Alla scoperta del nostro DNA. Pensiero in evoluzione 2016. Borgo Val Sugana

My beautiful genome: alla scoperta del nostro DNA. I Giovedì della Scienza. Accademia dell'Agricoltura Scienze e Lettere di Verona

My beautiful genome: alla scoperta del nostro DNA. Rotary Club Vicenza

2017 *Favorevoli e Contrari agli OGM in agricoltura.* Colognola ai Colli, Verona

Dal DNA alle nanotecnologie: la farmacia del futuro. Distretto della Scienza e della Tecnologia, Schio, Vicenza

Il mio genoma. Innovation day, Torino

L'oracolo del DNA. Festival della Scienza Medica, Bologna

(Im)precision Genomics. La bellezza nascosta nel DNA. Università Politecnica delle Marche, Ancona

Next Generation Sequencing in clinical settings. Italian Institute for Genomic Medicine, Torino

2018 *NGS: introduzione alle piattaforme.* Corso Avanzato di Biologia Molecolare, CISEF Gaslini, Genova

Geni e genomi. Scienza Oggi, Maglie, Lecce

Superuomini. Caro mostro, 200 anni di Frankenstein. Verona

Superuomini. Impactscool, Milano

L'ultima frontiera della genetica. TEDx Foggia

2019 *Genomics: the future is here.* Master di II livello in Scienze e Tecnologie Alimentari per la Nutrizione Umana - Michele Ferrero, Alba

Siamo tutti geni. Alla scoperta del nostro DNA. I venerdì della Scienza, Piacenza

Alla scoperta del DNA. Università per la Terza Età, Cortemaggiore (PC)

Innovative genomics tools for conservation genetics. Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università Politecnica delle Marche, Ancona

Superuomini? Quali scenari per migliorare geneticamente l'uomo. Festival della Scienza Medica, Bologna

La genetica ci spiega chi siamo: come il DNA e l'ambiente determinano la diversità inter- ed intra-specifica. Giornate di autogestione, Liceo Classico Maffei, Verona

Le nuove frontiere della genetica e della genomica. Spedali Civili di Brescia

Sequenziamento di prossima generazione": la tecnologia deve crescere o è maggiorenne? IRCCS Policlinico San Martino. IANUA - Scuola Superiore, Università di Genova.

(Im)Precision Medicine. PhD week, School of Reproduction and Development Sciences. IRCCS Burlo Garofolo, Trieste

2020 *Portable Genomic Lab for water monitoring.* Istituto Superiore di Sanità, Roma

Siamo tutti "Geni". Cortemaggiore, Piacenza

Il nostro DNA: impariamo a conoscerlo, e a conoscerci. Licei Fiorenzuola d'Arda, Piacenza

L'ultima frontiera della genetica. Ospedale San Raffaele, Milano

Genome (sequencing) evolution. Università degli Studi di Milano Bicocca

Siamo tutti geni. Informatici senza frontiere, Rovereto (TN)

2021 *Enhanced targeted resequencing by optimization of DNA insert length.* 1+ Million Genome Initiative, virtual meeting

Genes and genomes: the hidden beauty of our DNA. DNA day 2021, Genova, virtual meeting

Advanced technologies for metabarcoding and metagenomics. Università degli Studi di Milano, virtual meeting

La mappa del DNA: cosa riusciamo a leggere nel genoma di una persona? Festival della Scienza, Genova

2022 *Siamo tutti GENI.* MateXplora, Treviglio (BG)

On site sequencing for biodiversity studies. National Academy of Sciences, Ulan Bator, Mongolia

On-site sequencing for biodiversity studies. Mongolian National University of Medical Sciences, Ulan Bator, Mongolia

On-site sequencing for biodiversity studies. CREA Genomica e Bioinformatica, Fiorenzuola d'Arda, (PC)

2023 *Sequencing (r)evolution.* SIGU Winter School Academy, Vipiteno (BZ)

Genoma: ultima frontiera. Unistem day 2023, Milano

Sequenziamento di frontiera per lo studio dell'agro-biodiversità. Università Politecnica delle Marche, Ancona

KAPA HyperExome V2 shows high performance in the real-world setting. Webinar Roche

2024 *Sequencing (r)evolution.* Genomica: tecnologie avanzate. Corso FISV per i giovani ricercatori, Milano

Geni e genomi la bellezza nascosta del nostro DNA. CusMiBio Le Nuove Frontiere della Ricerca, Milano

The Encyclopedia of DNA Elements (ENCODE). SIGU Winter School Academy, Vipiteno (BZ)DE. SIGU Winter School Academy, Vipiteno (BZ)

Sequencing (r)evolution. Dipartimento di Biotecnologie Mediche e Medicina Traslazionale, Università degli Studi di Milano

Genoma, ultima frontiera. Associazione MatExplora e Museo scientifico di Treviglio (BG)

Geni e genomi: il viaggio. Unistem day 2024, Università degli Studi La Sapienza, Roma

Dalla genetica alla biologia sintetica: come reinventare la natura e noi stessi. Verso il futuro (prossimo). Tra rivoluzione scientifica e innovazione tecnologica. Centro Studi Militari Marittimi, Marina Militare, Venezia

Il pangenoma di fagiolo. Livestock pangenomics: how to construct and exploit whole genome information, Università Cattolica SC, Piacenza

La genetica e il cuore. Il cuore tra arte, simbolismo e scienza. 30 anni di trapianto di cuore a Verona. Verona

Next-Generation Sequencing (NGS). Aspetti teorici e sperimentali. La Genomica e le nuove frontiere della medicina. Roma

2025 *Single cell: un'altra rivoluzione nella ricerca scientifica*. Advanced Technologies in Single Cell Omics. Corso FISV per I giovani ricercatori, Milano

Attività scientifica

L'attività di ricerca è descritta alla seguente pagina web:

<http://profs.sci.univr.it/delledonne/Research.html>

PARTECIPAZIONE A PROGETTI DI RICERCA

in parentesi il finanziamento assegnato a Massimo Delledonne

2022 INTERACT: Understanding evolution of common bean plant-plant interactions to develop a more sustainable agriculture . Bando PRIN 2022 PNRR (c.a. 150.000 euro)

SYMPHONY - Development of a SYntenic pangenome of PHaseOlus vulgaris: studiNg a complex evolutionarY history. Progetti di Ricerca di Rilevante Interesse Nazionale Bando PRIN 2022 (c.a. 160.000 euro)

“Development of an integrated tool based on genetic, epigenetic and clinical analysis to optimize the diagnosis, prognosis and treatment of myotonic dystrophies (GEPINDM)” PNRR Malattie rare (c.a. 115.000 euro)

- 2021 "Innovative technologies to unravel the complexity of myotonic dystrophy repeats". Muscular Dystrophy Association USA. Idea Grant Program (25.000 \$)
RESO - RESilienza e SOstenibilità delle filiere ortofrutticole e cerealicole per valorizzare i territori. PON Agrifood (c.a. 65.000 euro)
- 2020 GARDING - "GENI BARCODING: diagnosi di patogeni per un verde sicuro". Regione Lombardia (c.a. 550.000 euro)
- 2018 Sensory decays and aging. Progetti di Ricerca di Rilevante Interesse Nazionale MIUR bando 2017 (c.a. 250.000 euro)
- 2016 Valorization of Italian Olive products through INnovative analytical tools – VIOLIN. Fondazione in Rete per la Ricerca Agroalimentare – AGER (c.a. 100.000 euro)
"Development and application of Novel, Integrated Tools for monitoring and managing Catchments – INTCATCH". EU project 689341-2 (c.a. 350.000 euro)
- 2015 "The continuum between healthy ageing and idiopathic Parkinson Disease within a propagation perspective of inflammation and damage: the search for new diagnostic, prognostic and therapeutic targets — PROPAG-AGEING". EU project 634821 (c.a. 650.000 euro)
"Physical Activity and Nutrition INfluences In ageing – PANINI". EU project 675003 (c.a. 200.000 euro)
- 2014 "Sequenziamento massivo (next-generation sequencing) del genoma umano: verso una interpretazione "sartoriale" della variabilità individuale della risposta al farmaco. Una proposta trasversale". Fondazione Cariverona. (c.a. 250.000 euro)
"Sequenziamento massivo (NEXT-GENERATION SEQUENCING) del genoma umano: verso una interpretazione personalizzata della variabilità individuale della risposta al farmaco". Programma per la Ricerca, l'Innovazione e l'Health Technology Assessment (PRITHA), Regione Veneto (Resp. Scientifico prof. Oliviero Olivieri, c.a. 152.000 euro)
"The Italian Eggplant Genome Sequencing Consortium", Eggplant Seed Companies Party (c.a. 80.000 euro)
"Epidemiologia della sclerosi multipla nella rete Hub&Spoke delle province di Verona, Vicenza e Treviso: studio clinico, neuroradiologico e genetico. Ricerca Sanitaria Finalizzata 2014 (c.a. 72.000 euro)
- 2012 "Analisi globale dell'interazione nesto-portinnesto in vite" (RINGO), MiPAAF (43.000 euro)
"Point of Care Diagnostics for rapid and cheap pathogen detection of companion animals". [SME-2012-1]. 7th Framework Program EU (c.a. 200.000 euro)
"Nebbiolo genomics: genomica strutturale e funzionale su aspetti patologici e qualitativi". Fondazione Cassa di Risparmio di Cuneo, Bando ricerca scientifica 2011 - Sezione innovazione tecnologica (c.a. 110.000 euro)
"Next Generation Sequencing platform for targeted Personalized Therapy of Leukemia" [HEALTH.2012.1.2-1]. 7th Framework Program EU (c.a. 800.000 euro)
- 2011 "Valorizzazione dei principali vitigni autoctoni italiani e dei loro "terroir"" MiPAAF (400.000 euro assieme al prof. Mario Pezzotti)
Verona Nanomedicine Initiative. Fondazione Cariverona. (c.a. 200.000 euro)

- 2010 “Nuove tecnologie per il made in Italy” Industria 2015 (da rimodulare, stimato in c.a. 200.000 euro)
- “Studio dei meccanismi di risposta e resistenza della pianta al perossinitrito”. Programmi di ricerca scientifica di rilevante interesse nazionale (PRIN 2008), MIUR (c.a. 50.000 euro).
- 2009 “Sequenziamento del genoma del pesco ed utilizzo della sequenza in programmi di miglioramento della qualità del frutto del pesco e della resistenza alle malattie”. MiPAF (40.000 euro)
- “Large scale re-sequencing in the Vitis genus for identification of resistance genes, SNP discovery and high throughput genotyping (GrapeReSeq)” PLANT-KBBE Initiative, European Union
- 2008 “Completamento e attività del Centro di Genomica Funzionale Vegetale dell’Università degli Studi di Verona. Fondazione CARIVERONA (1.790.000 euro assieme al prof. Mario Pezzotti)
- “Sintesi e caratterizzazione di materiali nanostrutturati luminescenti “upconverter” per applicazioni in Medicina e nelle Scienze della Vita”. Fondazione CARIVERONA (40.000 euro)
- “Valorizzazione della tipicità dei vitigni autoctoni e dei vini veneti”. Regione Veneto: Legge Regionale "Disciplina dei distretti produttivi del Veneto e interventi di politica industriale locale" (c.a. 110.000 euro)
- 2006 “Costituzione di un centro di genomica funzionale vegetale”. Fondazione CARIVERONA (450.000 euro assieme al prof. Mario Pezzotti)
- “Indagini sui meccanismi di virulenza/resistenza alla fusariosi per la selezione e costituzione di varietà resistenti di melone” (FUSAMELO). MiPAF, Progetto a sportello (c.a. 65.000 euro)
- “Studio dell'accumulo ossido nitrico-dipendente e segnalazione del cGMP durante l'interazione pianta-patogeno *Arabidopsis thaliana*”. Programmi di ricerca scientifica di rilevante interesse nazionale, MIUR (c.a. 50.000 euro).
- 2005 “Decodifica del genoma della vite (VIGNA)”. MiPAF. (425.000 euro)
- “Laboratorio di Tecnologie Elettrobiochimiche Miniaturizzate per l'Analisi e la Ricerca (LATEMAR)”. Fondo per gli Investimenti della Ricerca di base (FIRB) Area Scientifica di riferimento: Nanobioteχνologie per dispositivi e sensori innovativi applicabili a genomica e postgenomica quali ad esempio dispositivi opto-elettronici e nano-biosensori ibridi a lettura ottica e/o elettronica (c.a. 350.000 euro)
- “Caratterizzazione del processo di maturazione e di sovraturazione della bacca dei vitigni veronesi”. Regione Veneto: Legge Regionale "Disciplina dei distretti produttivi del Veneto e interventi di politica industriale locale" Bando 2004. (c.a. 140.000 euro)
- 2004 “Definizione di strumenti diagnostici avanzati e di target per molecole antifungine di origine naturale per la riduzione dell’impatto ambientale da fitofarmaci nel comprensorio viticolo veneto”. Fondazione CARIVERONA: Bando “Tutela e difesa dell’ambiente nei territori di azione della Fondazione”. (c.a. 100.000 euro)
- 2002 “Post genomica di leguminose foraggere”, Programma Strategico: Post-genoma, Fondo per gli Investimenti della Ricerca di Base (FIRB) (c.a. 75.000 euro)
- “Geni e loro funzioni: un approccio integrato (GENEFUN)”, Fondo Speciale per lo Sviluppo della Ricerca di Interesse Strategico, MIUR . (c.a. 50.000 euro)

“Approcci genomici per la definizione di parametri biologici correlabili alle caratteristiche qualitative delle uve e dei lieviti impiegati nei processi di vinificazione”, Fondo speciale per lo sviluppo della ricerca di interesse strategico, MIUR. (c.a. 45.000 euro)

“Emoglobine e ossido nitrico nelle risposte di difesa della pianta”. Programmi di ricerca scientifica di rilevante interesse nazionale, MIUR (c.a. 20.000 euro).

“Analisi del profilo di espressione di *Medicago truncatula* durante la patogenesi e la simbiosi”. Programmi di ricerca scientifica di rilevante interesse nazionale, MIUR (c.a. 20.000 euro).

2001 “Caratterizzazione della resistenza sistemica indotta da *Sinorhizobium meliloti* in *Medicago sativa*”. Progetto speciale “Risorse genetiche di organismi utili per il miglioramento di specie di interesse agrario e per un' agricoltura sostenibile”, MiPAF. (c.a. 85.000 euro)

“Protezione delle piante mediante l'uso di marcatori molecolari (PROMAR)”. Progetto speciale “Tecnologie innovative per il settore agricolo e forestale”, MiPAF. (c.a. 31.000 euro)

2000 “Caratterizzazione funzionale del ruolo svolto dall'ossido nitrico nella risposta ipersensibile durante l'interazione pianta-patogeno”. Programmi di ricerca scientifica di rilevante interesse nazionale, MURST biennio 2000-2001 (c.a. 60.000 euro)

PARTECIPAZIONE A COMITATI SCIENTIFICI E ORGANIZZAZIONE CONVEGNI

- XLVII Convegno della Società Italiana di Genetica Agraria. Verona, 24-27 Sept 2003 (Organizer)
- Nitric oxide in plants. Verona, 28-29 August 2006 (Organizer)
- ROS in plants 2007: A SFFR Plant Oxygen Group meeting on reactive oxygen and nitrogen species. Gent, 12-14 Sept 2007
- XIII International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions. Sorrento, 21-27 July 2007
- Second International Plant Nitric Oxide Club Workshop, Dijon, 21-22 July 2008
- Gli aspetti biologici dell'ossido nitrico. Rimini, 4-6 Ottobre 2008
- 3rd International Plant NO Meeting. Olmolouc, Czech Republic, 15-16 July 2010
- 1st iNOS (Italian Nitric Oxide Society) meeting. Rimini, 14-15 Ottobre 2011
- 4th STATSEQ Workshop. Verona, 18-19 Aprile 2012 (COST Action, organizer)
- 4th International Plant NO Club, Edinburgh, Scotland, July 26-27, 2012
- 2nd iNOS (Italian Nitric Oxide Society) meeting. Verona, 19 Marzo 2013 (organizer)
- Solanaceae Conference 2016, Davis, CA, 13-16 Sept 2016
- Dall'esoma per tutti al genoma di tutti. Verona 19 Aprile 2017 (organizer)

- LXII Convegno della Società Italiana di Genetica Agraria. Verona, 25-28 Sept 2018 (Organizer)

CHAIRMAN

- Keystone Meeting on Plant Biology: Function and Control of Cell Death - Snowbird, Utah, USA, 10-15 aprile 2003
- Cell biology and instrumentation: UV radiation, nitric oxide and cell death in plants, Yalta, Ukraine, 7-11 settembre 2004
- Society of Experimental Biology (SEB) Meeting, Barcelona, Spain, 11-15 luglio 2005
- Meeting on Oxygen metabolism, ROS and redox signalling in plants of the Society for Free Radical Research, Bristol UK, 18-20 dicembre 2005
- COST 858 Grape Genome Bioinformatics Workshop. Bordeaux, 16-17 novembre 2006
- ROS in plants: A SFFR Plant Oxygen Group meeting on reactive oxygen and nitrogen species. Ghent, Belgium, 12-14 settembre 2007
- XIII International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions. Sorrento, 21-27 luglio 2007
- XLVII Convegno della Società Italiana di Fisiologia Vegetale. Pisa, 30 giugno - 2 luglio 2008
- Gli aspetti biologici dell'ossido nitrico. Rimini, 4-6 Ottobre 2008
- 1st International Winter School on Nano and Biotechnology, Sterzing, Bozen, Italy January 26 - 30, 2009
- Plant ROS 2009: SFRR Plant Oxygen Group meeting on reactive oxygen and nitrogen species. Helsinki, Finland, 8-10 July 2009
- 6th International Conference on the Biology, Chemistry, and Therapeutic Applications of Nitric Oxide. Kyoto, Japan, 14-18 June 2010
- 3rd International Plant NO Meeting. Olmolouc, Czech Republic, 15-16 July 2010
- International Union of Microbiological Societies (IUMS) Congress 2011, Sapporo, Japan, 6-10 September 2011
- Emerging analytical tools to quantify the plant-insect-environment interaction: new science for the next generation integrated bio/sensors and probes. Bucarest, Romania, 16-18 November 2011
- 4th STATSEQ Workshop. Verona, 18-19 April 2012
- 5th International Plant NO Meeting, Munich, Germany, 24-25 July 2014
- 58mo Convegno della Società Italiana di Genetica Agraria. Alghero, 15-18 Settembre 2014
- London Calling. Nanopore sequencing. London, 14-15 May 2015
- II International Symposium on Postharvest Pathology: Using Science to Increase Food Availability. Bari (Italy), 7 - 11 June 2015

- 12th International Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants: from model systems to field. Verona, 22-24 June 2015
- Solanaceae Conference 2016, GENOMES & GENOME TECHNOLOGIES Session, Davis, CA, 13-16 Sept 2016
- The Future of Medicine Starts Now: how science and new technology are reshaping health science. Genova, Italy, 29-30 June 2017
- Corso avanzato di biologia molecolare, Genova, 25 January 2018
- Joint meeting AGI -SIMAG, Cortona, 14-16 September 2023
- XXVI Convegno nazionale Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) Rimini, 4-6 October 2023

COMUNICAZIONI AD INVITO A CONGRESSI

2000 La risposta di resistenza ai patogeni è modulata dall'interazione ossido nitrico – specie reattive dell'ossigeno. *XLIV Conv. Soc. Ital. Gen. Agraria*, Bologna, 20-23 settembre

2001 La risposta di resistenza ai patogeni è modulata dall'interazione ossido nitrico – specie reattive dell'ossigeno. *VII Conv. Aspetti Biologici dell'Ossido di Azoto*, Urbino 20-22 settembre

Signal interactions between nitric oxide and reactive oxygen intermediates in the plant hypersensitive disease resistance response. *Oxygen free radicals and oxidative stress in plants*. Nice – France, 19-21 novembre

2002 Nitric oxide-mediated signaling functions during the hypersensitive cell death. *Workshop on cell death in plants and animal systems*. Madrid, Spain, 27 giugno

Signal interactions between nitric oxide and reactive oxygen intermediates in the plant hypersensitive disease resistance response. *XIth Meeting of the Society for Free Radical Research International*. Paris, France, 16-20 luglio

2003 The Balancing Act Between Reactive Oxygen Intermediates And Nitric Oxide Controls Hypersensitive Cell Death. *Keystone Meeting on Plant Biology: Function and Control of Cell Death* - Snowbird, Utah, USA, 10-15 aprile

Nitric oxide signaling in plant-microbe interactions. *International Symposium 'Nitric Oxide: a Janus Molecule'*, Roma, Italy 13-14 giugno

La morte cellulare ipersensibile nella risposta di resistenza ai patogeni. *98th Annual Congress of the Italian Society of Botany*, Catania, Italy – 24-26 settembre

2004 Non-symbiotic plant hemoglobin modulates nitric oxide bioactivity. *12th Biennial Meeting of the Society for Free Radical Research International*, Buenos Aires, Argentina, 5-9 maggio

Cell signalling during plant-pathogen interaction. *XXVII European Society of Nematologists*, Roma, Italy, 14-18 giugno

Plant hypersensitive disease resistance response? NO way!. *NATO Advance Workshop. Cell biology and instrumentation: UV radiation, nitric oxide and cell death in plants*, Yalta,

Ukraine, 7-11 settembre

Nitric oxide and salicylic acid-mediated signaling in defense responses. *II Reunião brasileira sobre indução de resistência em plantas & IV simpósio de controle de doença de plantas*, Lavras, M.G., Brasil, 9-11 settembre

2005 Nitric oxide function in functions in plant disease resistance. *The first symposium on plant neurobiology*, Firenze, Italy, 17-20 maggio

Cell death and hypersensitive reaction of plants. *31st National Congress of the Italian Society of Histochemistry*, Pisa, 15-17 giugno

Modulation of nitric oxide bioactivity by non-symbiotic haemoglobins **EMBO Young Investigator Lecture, sponsored by EMBO**. *Society of Experimental Biology (SEB) Meeting*, Barcelona, Spain, 11-15 luglio

Signaling through the plant hypersensitive disease resistance response? NO way! 7° *Convegno FISV*, Riva del Garda, 22-25 settembre

Nitric oxide, superoxide and hydrogen peroxide crosstalk during the hypersensitive cell death. *Meeting on Oxygen metabolism, ROS and redox signalling in plants of the Society for Free Radical Research*, Bristol UK, 18-20 dicembre

2006 Nitric oxide functions in the plant hypersensitive disease resistance response. *First Academia Belgica-Francqui Foundation conference "Plants for the Future"*, Roma, Italy 19 maggio

Proteomic analysis of S-nitrosylated proteins in *Arabidopsis thaliana* undergoing hypersensitive cell death reveals a crucial function of nitric oxide in modulating peroxynitrite bioactivity. *13th Biennial Meeting of the Society for Free Radical Research International*, Davos, Switzerland, 15-19 agosto

Toward a new Grape microarray platform. *COST 858 Grape Genome Bioinformatics Workshop*. Bordeaux, 16-17 novembre

2007 S-nitrosylation inhibits peroxiredoxin II E functions during the plant hypersensitive disease resistance response. *Society of Experimental Biology Meeting 2007*. Glasgow (UK). 31 marzo 4 aprile

Nitric oxide inhibits peroxiredoxin II E functions during the plant hypersensitive disease resistance response. *XIII International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions*. Sorrento, 21-27 luglio

S-nitrosylation of peroxiredoxins during the plant hypersensitive disease resistance response boosts peroxynitrite activity. *ROS in plants: A SFFR Plant Oxygen Group meeting on reactive oxygen and nitrogen species*. Ghent (Belgium) 12-14 settembre

S-nitrosylation of peroxiredoxin II E promotes peroxynitrite-mediated tyrosine formation. *European Meeting of the Society for Free Radical Research*, Vilamoura (Algarve, Portugal) 10-13 ottobre

2008 Nitric oxide functions in plant-pathogen interactions. *International Symposium on Molecular models associated with the plant-pathogen interaction*. Salamanca (Spain) 28-29 febbraio

DNA chips for transcriptomics analysis in grapevine. *Tuning the taste of wine*. Udine, 7 marzo

Le biotecnologie e gli organismi geneticamente modificati. *MosaicoScienze 2008*. Ponti sul Mincio, Mantova, 28-31 maggio

Gli alimenti OGM. *X° Congresso nazionale ANSISA: Cibo del futuro, futuro del cibo*. Vicenza, 5-7 giugno

Il trascrittoma della vite. *Simposio: Genomica delle piante in Italia*. Accademia dei Lincei, Roma, 17 giugno

Nitric oxide signaling functions in the plant hypersensitive disease resistance response. *XLVII Congresso Società Italiana di Fisiologia Vegetale*. Pisa, 30 giugno – 2 luglio

Transcriptomics analysis in grapevine. *The future of green biotechnology*. Bioforum, Milano, 1-2 Ottobre

Ossido nitrico in pianta: conoscenze attuali e orientamento delle ricerche future. *Gli Aspetti Biologici dell'Ossido Nitrico*, Rimini, 4-6 Ottobre

2009 Transcriptomics Analysis In Grapevine. *Plant and Animal Genome XVIII Conference*, San Diego, January 10-14

Nitric oxide signalling functions in plant disease resistance. *XXXVIII Annual Meeting of the Brazilian Biochemistry and Molecular Biology Society*. Aguas de Lindoia, Sao Paulo, Brazil, May 16-19

Nitric oxide signalling functions in plant disease resistance. *Advanced Topics in Plant Biochemistry*, Institute of Botany, Sao Paulo, Brazil, May 21

Next-generation sequencing technologies: potential application for environmental studies. *Advances in molecular sciences for environmental studies, linking biotechnological research and spin-off activities*, Piacenza, UCSC, 24 Giugno.

RNA-Seq analysis of *Vitis vinifera* transcriptome. *COST TD0801 Statistical challenges on the 1000€ genome sequences in plants*. Barcelona, 4-5 October

La decodifica del genoma della vite. *BergamoScienza*. Bergamo, 5 ottobre

Grapevine genome reveals wine's flavour secrets. *Italy-Japan Symposium on "Food and Health: past, present and future"*. Tokyo, 22-23 October

2010 RNA-Seq analysis of berry development in *Vitis vinifera*. *Plant and Animal Genome XIX Conference*, San Diego (CA) USA, January 9-14

Plants fighting against pathogens: war school at the Salk Institute. *Memorial Symposium for Professor Chris Lamb*. Norwich, UK, March 4th

Deep sequencing. *Primo Congresso di Oncoematologia molecolare: risvolti clinici e terapeutici*. Torino, March 26-27

Nitric oxide functions in the plant hypersensitive disease resistance response. *6th International Conference on the Biology, Chemistry, and Therapeutic Applications of Nitric Oxide*. Kyoto, Japan, June 14-18

Comparative analysis of different NGS platforms. *iDSDn2010 - Next-generation Sequencing for Biomedical Omics 2010*. Trento, September 20-21

RNA-Seq analysis of Next Generation Sequencing data. *Next Generation Sequencing Workshop*, Montevideo Uruguay, 13-20 November

2011 How RNA-Seq is changing the functional characterization of plants. *Illumina Scientific Summit 2011*. Chantilly, France, June 6-8

Nitric oxide is a central starting point for multiple signaling cascades during the disease resistance response. *10th International Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants*. Budapest, Hungary, July 5-8

Nitric oxide signaling functions in plant-pathogen interactions. *IUMS 2011*, Sapporo, Japan, September 6-10

Nitric oxide signaling functions in plants. *International Symposium on "Signaling Functions of Reactive Oxygen Species"*. Kumamoto, Japan, September 11

L' ossido nitrico nella fisiopatologia vegetale. *1° Meeting Nazionale iNOS – Italian Nitric Oxide Society*. Rimini, October 14-16

Nitric oxide functions in plant disease resistance. *Emerging analytical tools to quantify the plant-insect-environment interaction: new science for the next generation integrated bio/sensors and probes*. Bucarest, Romania, November 16-18

Next Generation Sequencing. *Conoscere il genoma per curare le leucemie*. Brescia, November 25

- 2012 Assembling the diversity: variety-specific reconstruction and characterization of berries transcriptome in *Vitis vinifera* cv. *Corvina*. *Plant and Animal Genome XX Conference*, San Diego (CA) USA, January 14-18

Microarray or RNA-Seq: what to use if you are "just" a biologist. *Illumina Seminar Series - Using RNA Sequencing to Study the Transcriptome*, Istituto Nazionale Tumori Milano, March 16

Microarray or RNA-Seq: what to use if you are "just" a biologist. *MACPROGEN Conference*, Ohrid, Republic of Macedonia, March 29 - April 1

Next Generation Sequencing: tecnologia e applicazioni. *Next Generation Sequencing. Nuovi traguardi per la diagnostica e le terapie personalizzate delle leucemie*. Bologna, May 11

Microarray or RNA-Seq: what to use if you are "just" a biologist. *Illumina Seminar Series - Using RNA Sequencing to Study the Transcriptome*, Policlinico Umberto I, Roma, June 27

Grape Genome Sequencing and Assembly. *4th Annual Grape Research Conference*, Corvallis (OR) USA, July 15-18

Nitric oxide produced during the hypersensitive response modulates the plant signaling network and inhibits the pathogen's virulence machinery. *7th International Conference on the Biology, Chemistry, and Therapeutic Applications of Nitric Oxide*. Edinburgh, Scotland, July 22-26

Le nuove metodologie di analisi del DNA e dell'RNA. *XXII Congresso nazionale della Società Italiana di Ematologia Sperimentale*, Rome, October 17-19

New strategies for NGS. *Next Generation Sequencing for targeted personalized therapy of leukemia*. Bologna, Nov. 30 - Dec. 1

- 2013 Genome reconstruction of *Vitis vinifera* cv. *Tannat*, the red wine variety with the highest polyphenol content and remarkable antioxidant properties. *Plant and Animal Genome XXI Conference*, San Diego (CA) USA, January 12-16

Genome reconstruction of *Vitis vinifera* cv. *Tannat*, the red wine variety with the highest polyphenol content and remarkable antioxidant properties. *The Plant Genomics Congress*, London May 13 - 14

What we can do now (and next) to understand grapevine genomes: Genome reconstruction of *Vitis vinifera* cv. Tannat, the red wine variety with the highest polyphenol content and remarkable antioxidant properties. *Grape Research Coordination Network*, Davis, CA, USA July 9-13

The high polyphenol content of *Vitis vinifera* cv. Tannat berries is conferred mostly by genes that are not shared with the reference genome. *COST Action FA1106 "QualityFruit"*, Chania, Crete Sept 22-25

Emerging sequencing technologies: what's next? *15th International Conference on Chronic Myeloid Leukemia - Biology and Therapy*. Estoril, Portugal Sept 26-29

Nitric oxide signaling functions in plant disease resistance. *Legacy of Nitric Oxide Discovery: Impact on Disease Biology*. Kerala, India Nov 5-6

2014 An Eggplant High Quality Genome Draft. *Plant and Animal Genome XXII Conference*, San Diego (CA) USA, January 11-15

From Dispensable to Private: the Contribution of the Variety-specific Genome to the Plant Phenotype. *Food, Nutrition and Agriculture Genomics Congress*. London, UK, April 7-8

From NextGen Sequencing to NextGen Diagnostics and Therapy. *3G (Genes, Genetics, Genomics) Symposium 2014*. Prague, Czech Republic April 11

Interpreting Next Generation Sequencing data in the clinic. *The European Iron Club Meeting 2014*, Verona, September 11-14

Plants can disarm pathogen's virulence machinery by S-nitrosylation of bacterial effectors. *Oxygen and nitrogen reactive species and environment: a new vision for 2020*, Baeza, Spain, October 15-17

The high polyphenol content of *Vitis vinifera* cv. Tannat berries is conferred mostly by genes that are not shared with the reference genome. *GRACious, First Israel-Italy Symposium*, Sede Boquer, Israel, October 29-31

2015 Pipeline bioinformatiche del Whole-Exome Sequencing e software di interpretazione dei dati NGS. *NGS-PTL for Personalized Therapy of Leukemia: Bioinformatic Tools for NGS Data Analysis*, Bologna, January 29

My beautiful genome. *SAS Forum 2015 – Analytics for everyone*, Milano, April 22

An Eggplant (*Solanum melongena* L.) High Quality Genome Draft. *3rd Plant Genomic Congress*. London, May 11-12

Sequencing in the field. *London Calling. Nanopore sequencing*. London, May 14-15

Sequencing your own genome. *Danish Congress in Clinical Biochemistry 2015*, Vejle, Denmark, May 27-29

Next Generation Sequencing for next generation crops. *II International Symposium on Postharvest Pathology: Using Science to Increase Food Availability*. Bari (Italy), June 7 - 11

Genetic predisposition of grapevine to polyphenols accumulation. *Redox biology meets nutrition*. Stuttgart (DE), September 1-4

From next generation sequencing to next generation diagnostic and therapy. *Anticipation and Medicine*. Delmenhorst (DE), September 28-30

Tecnologie di Nuova Generazione per una Medicina di Nuova Generazione. 5° workshop nazionale di Ematologia Traslazionale. Pisa (Italy), October 29-30

2016 *(Im)precision Genomics*. 18^a Giornata di Studio sulle Cellule Staminali. Milano (Italy), January 22

Geni e genomi: la bellezza nascosta del nostro DNA. SAP Executive Summit. Cernobbio, Como (Italy) March 11-12

MinION: a portable experience. Oxford Nanopore Sequencing. Keygene, Wageningen, (NL) April 14, 2016

Next Generation Sequencing. La sclerosi multipla: nuove prospettive. Verona (Italy) April 15

Solanum melongena: an Illumina/BioNano Genomics integrated approach for a high quality assembly of the Eggplant genome. 4th Plant Genomic Congress. London, May 9-10

Genomica: quali applicazioni e quale futuro. XLI Congresso Nazionale Associazione Italiana Ematologia Oncologia Pediatrica. Verona, May 22-24

La ricerca genetica per il miglioramento della qualità della vita. XXXIX Congresso Associazione Nazionale Direttori Amministrativi e Finanziari. Catania, October 22-23

(Im)Precision Genomics. XIX Congresso Nazionale Società italiana Genetica Umana. Torino, November 23-26

2017 *(Im)precision Genomics*. Illumina User Group Meeting. Malaga (Spain), March 2-3

Le mappe ottiche nella caratterizzazione strutturale dei genomi, nell'assemblaggio de novo e nel miglioramento genetico. Oltre il Transgenico: Nuovi approcci sostenibili per una Moderna Agricoltura. Palermo, March 27

Next generation sequencing for next generation medicine. Meeting on standard NGS protocols for clinical tissues, CRO Aviano, Pordenone, April 26-27

Methods, Instruments and Results: the relevance of governing the machinery to address the right question. The Future of Medicine Starts Now: how science and new technology are reshaping health science. Genova, Italy, June 29-30

2018 *Dai geni ai genomi*. Stati Generali della ricerca. Piacenza, Italy, June 15-16

Enhanced targeted resequencing by optimization of DNA insert length. European Human Genetics Conference. Milan, June 16-19

From medical genetics to medical genomics. The fourth Edition of The pelvis as a Mother International Meeting on "Journey to the Center of A.R.T.". Bari, Italy, September 24-25

From medical genetics to medical genomics. XXI Congresso Nazionale Società Italiana Genetica Umana. Catania, Italy, October 25-27

2019 *Enhanced targeted resequencing by optimization of DNA insert length*. Advances in Genome Biology and Technology (AGBT). Marcos Island, Florida February 27th March 2nd

Superuomini: come modificare geneticamente l'uomo. Stati Generali della ricerca. Piacenza, Italy, May 31 – June 1

Development of a portable genomic laboratory for water metagenomic analysis. International Conference on Smarter Catchment Monitoring: Cleaner Water. London, UK, Sept 4-6

One reference genome is not enough: integration of multiple technologies for de-novo assembly of individuals. LXIII Conv. Soc. Ital. Gen. Agraria, Napoli, 10-13 Sept.

Genome Sequencing Technology Assessment. The Future of Medicine Starts Now: how science and new technology are reshaping health science. Genova, 25-27 Sept.

Integration of multiple technologies for de-novo assembly of complex genomes. Joint Meeting AGI - SIMAG. Cortona (Ar) 26-28 Sept.

Medical genetics and genomics in IVF laboratory. 3rd Med Alpregio Congress 2019, Bolzano, 11-12 Oct.

Genomics goes (in the) wild: on site sequencing for biodiversity studies. International Conference on Bioinformatics, Montevideo, UY, 28-30 Oct.

Integration of multiple technologies for de-novo genome assembly. 11th Annual Next Generation Sequencing & Clinical Diagnostics and 7th Annual Single Cell Analysis Congress, London, UK, 7-8 Nov.

The effect of fragment size on whole exome sequencing efficiency using Twist Target Capture kits. XXII Congresso Soc. Ital. Gen. Umana, Roma, 13-16 Nov.

(Im)precision genomics. ELIXIR INNOVATION AND SME FORUM. Data management in the life sciences - a driver for innovation. Milan, Ita, 27 - 28 Nov.

2020 *Characterization of long DNA regions by short and long reads.* Oxford Global Digital Workshop on Long and short read sequencing. NextGen Omics UK Series, 30 Sept.

Accurate genome reconstruction of Sars-Cov-2 for the analysis of intrahost and interhost viral populations. 12th Annual Next Generation Sequencing & Clinical Diagnostics Congress. Virtual, 4-6 Nov.

2021 *Sequencing (re)volution in genomics screening.* Meet in Italy for Life Sciences 2021. Genova, 29 Sept – 1 Oct.

Big data e analytics trasformeranno il Sistema Sanitario Nazionale. Forum PA Sanità. Virtual 27-28 Oct.

Cooperation of short and long reads in genome de novo assembly, targeted resequencing and transcript reconstruction. 13th Annual Next Generation Sequencing & Clinical Diagnostics Congress, London, UK, 4-5 Nov.

No fragments left behind: increased WES performance of the new Twist Bioscience Enrichment Protocol v2.0. XXIV Congresso Soc. Ital. Gen. Umana, Virtual, 17-19 Nov.

WES performance of Roche KAPA HyperExome. XXIV Congresso Soc. Ital. Gen. Umana, Virtual, 17-19 Nov.

2022 *No Fragment left behind - Performance Evaluation of the Twist Exome 2.0.* 11emes Assises de Genetique Humaine et Medicale, Rennes, F, 1-3 Feb.

Characterization of CNBP expansions in Myotonic Dystrophy type 2 patients using nanopore Cas9-targeted sequencing. Advance in Genome Biology and Technology (AGBT) General Meeting 2022, Orlando FL – USA (selected from abstract)

Genomic technologies. NextGen Omics UK, Oxford Global. 14 June, virtual

De novo genome assembly across multiple species. Italian Society of Bioinformatics annual meeting, Verona, 24-27 June

Characterization of CNBP expansions in Myotonic Dystrophy type 2 patients by Cas9-enrichment and nanopore sequencing. American Society of Human Genetics 2022, Los Angeles, USA 25-29 October

On site sequencing for biodiversity studies. Philippine Symposium on Freshwater Biodiversity and Ecosystems (PSFBE) 2022, Manila, Philippines, 09-11 November

2023 *On-site racehorses whole genome sequencing with the P2 suggests a need for a horse pangenome.* Plant Animal Genome Conference 30, 13-17 January

High quality racehorses genome assemblies pave the way to the horse pangenome construction. Nanopore Day, Bologna 2023, 19 September

Le tecnologie NGS. Nuove sfide, prospettive e soluzioni nella diagnostica fitopatologica nel florovivaismo. Padova, 22 September

Sequencing (r)evolution. XXVI Convegno nazionale Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) Rimini, 4-6 October

Le prospettive del sequenziamento in Italia. III Annual meeting rete IRCCS delle neuroscienze e della neuroriabilitazione. Roma, 30 November – 1 December

2024 *Adaptive gene loss shapes the evolution of the Phaseolus vulgaris pan-genome during species range expansion and dual domestications.* (selected from abstract). Advance in Genome Biology and Technology (AGBT) General Meeting 2024, Orlando FL – USA Feb 4-8.

Decoding the Future: Advances in Sequencing Technologies and Research Adaptation. XVII FISV Congress – Padua, Sept 18-20

Validazione del nuovo kit GENEQUALITY Whole Exome Sequencing per il sequenziamento dell'esoma umano. XXVII Convegno nazionale Società Italiana di Genetica Umana (SIGU) Padua, Oct 2-4

Sequencing Technologies: Opportunities From Large Genome Assemblies To Small Targeted Analysis. NextGen Omics 2024, London, UK Oct 23-25

Le tecniche di sequenziamento e le elaborazioni necessarie. La genomica nella prevenzione: nuove frontiere. LA SPEZIA Nov 30

Lista completa delle pubblicazioni di Massimo Delledonne

Statistiche Web of Science aggiornate al 02/02/2024:

- h index: 67
- citazioni: 20.402

Massimo Delledonne è nel 2% world top scientists 2023
(<https://elsevier.digitalcommonsdata.com/datasets/btchxktzyw/6>)

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE INTERNAZIONALI

1. Xu X., Dietrich C.R., Delledonne M., Xia Y., Wen T., Robertson D., Nikolau B., Schnable P. (1997). Sequence analysis of the cloned *glossy8* gene of maize suggests that it may code for a β -ketoacyl reductase required for the biosynthesis of cuticular waxes. **Plant Physiol.** 115:501-510.
2. Confalonieri M., Allegro G., Balestrazzi A., Fogher C. & Delledonne M. (1998). Regeneration of *Populus nigra* transgenic plants expressing a Kunitz proteinase inhibitor (*KTi₃*) gene. **Mol. Breed.** 4:137-145.
3. Delledonne M., Xia Y., Dixon R. and Lamb C. (1998). Nitric oxide functions as a signal in plant disease resistance. **Nature** 394:585-558.
4. Solomon M., Belenghi B., Delledonne M., Levine A. (1999) The involvement of cysteine proteases and protease inhibitor genes in the regulation of programmed cell death in plants. **Plant Cell** 11:431-443.
5. Tosca A., Delledonne M., Furini A., Belenghi B., Fogher C., Frangi P. (2000). Transformation of Korean chrysanthemum (*Dendranthema zawadskii* X *D. X grandiflorum*) and insertion of the maize autonomous element *Ac* using *Agrobacterium tumefaciens*. **J. Genetics and Breed.** 54: 19-24.
6. Confalonieri M., Belenghi B., Balestrazzi A., Negri S., Facciotto G., Schenone G., Delledonne M. (2000). Transformation of elite white poplar (*Populus alba* L.) cv. 'Villafranca' and evaluation of herbicide resistance. **Plant Cell Rep.** 19: 978-982
7. Marchetti S., Delledonne M., Fogher C., Chiabà C., Chiesa F., Savazzini F., Giordano A. (2000). Soybean Kunitz, C-II and Pi-IV inhibitor genes confer different levels of insect resistance to tobacco and potato transgenic plants. **Theor. Appl. Genet.** 101: 519-526
8. Delledonne M., Allegro G., Belenghi B., Balestrazzi A., Picco F., Levine A., Zelasco S., Calligari P., Confalonieri M. (2001) Transformation of white poplar (*Populus alba* L.) with a novel *Arabidopsis thaliana* cysteine proteinase inhibitor and analysis of insect pest resistance. **Mol. Breed.** 7: 35-42
9. Caccia R., Delledonne M., Levine A., De Pace C. and Mazzucato A. (2001). Apoptosis-like DNA fragmentation in leaves and floral organs precedes their developmental senescence. **Plant Biosystems** 135: 183-190
10. Delledonne M., Zeier J., Marocco A., Lamb C. (2001). Signal interactions between nitric oxide and reactive oxygen intermediates in the plant hypersensitive disease resistance response. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 98:13454-13459
11. Delledonne M., Murgia I., Ederle D., Sbicego P.F., Biondani A., Polverari A., Lamb C. (2002). Reactive oxygen intermediates modulate nitric oxide signaling in the plant hypersensitive disease resistance response. **Plant Physiol. Biochem.** 40: 605-610
12. Murgia I., Delledonne M., Soave C. (2002). Nitric oxide mediates iron-induced ferritin

accumulation in *Arabidopsis thaliana*. **Plant J.** 30: 521-528

13. Delledonne M., Polverari A., Murgia I. (2003). Nitric oxide-mediated signaling functions and change in genes expression during the plant hypersensitive response. **Antioxid. Redox Signal.** 5: 33-42
14. Belenghi B., Acconcia F., Trovato M., Perazzolli M., Bocedi A., Polticelli F., Ascenzi P., Delledonne M. (2003). AtCYS1, a cystatin from *Arabidopsis thaliana*, suppresses hypersensitive cell death. **Eur. J. Biochem.** 270: 2593-2604
15. Polverari A., Molesini B., Pezzotti M., Buonauro R., Marte M., Delledonne M. (2003). Nitric oxide-mediated transcriptional changes in *Arabidopsis thaliana*. **Mol. Plant-Microbe Interact.** 16: 1094-1105
16. Romero-Puertas M.C., Delledonne M. (2003). Nitric oxide signaling in plant-pathogens interaction. **IUBMB Life.** 55: 579-583
17. Murgia I., de Pinto M.C., Delledonne M., Soave C., De Gara L. (2004) Comparative effects of various nitric oxide donors on ferritin regulation, programmed cell death and cell redox state in plant cells. **J. Plant Physiol.** 161: 777-783.
18. Romero-Puertas M.C., Perazzolli M., Zago E., Delledonne M. (2004) Nitric oxide signaling functions in plant-pathogen interactions. **Cell. Microbiol.** 6: 795-803
19. Zeier J., Delledonne M., Severi E., Sonoda M., Lamb C. (2004) Genetic elucidation of nitric oxide signaling in incompatible plant-pathogen interactions. **Plant Physiol.** 136: 2875-2886.
20. Perazzolli M., Dominici P., Romero-Puertas M., Zago E., Zeier J., Sonoda M., Lamb C., Delledonne M. (2004) *Arabidopsis* non-symbiotic hemoglobin AHb1 modulates nitric oxide bioactivity. **Plant Cell** 16: 2785-2794.
21. Delledonne M. (2005) NO news is good news for plants. **Curr. Opin. Plant Biol.** 8: 390-396
22. Boccara M., Mills C., Zeier J., Anzi C., Lamb C., Poole R., Delledonne M. (2005) Flavohaemoglobin HmpX from *Erwinia chrysanthemi* confers nitrosative stress tolerance and affects the plant hypersensitive reaction by intercepting nitric oxide produced by the host. **Plant J.** 43:226-237
23. Perazzolli M., Romero-Puertas M., Delledonne M. (2006). Modulation of nitric oxide bioactivity by plant haemoglobins. **J. Exp. Bot.** 57:479-488
24. Zaninotto F., La Camera S., Polverari A., Delledonne M. (2006). Cross-talk between reactive nitrogen and oxygen species during the hypersensitive disease resistance response. **Plant Physiol.** 141: 379-383
25. Zago E., Morsa S., Dat J.F., Alard P., Ferrarini A., Inzè D., Delledonne M., Van Breusegem F. (2006) Nitric oxide- and hydrogen peroxide-responsive gene regulation during cell death induction in tobacco. **Plant Physiol.** 141: 404-411

26. Belenghi B., Romero-Puertas M., Vercammen D., Brackenier A., Inzé D., Delledonne M., Van Breusegem F. (2007). Metacaspase activity of *Arabidopsis thaliana* is regulated by S-nitrosylation of a critical cysteine residue. **J Biol. Chem.** 282: 1352-1358
27. Innocenti G, Pucciariello C, Le Gleuher M, Hopkins J, de Stefano M, Delledonne M, Puppo A, Baudouin E, Frendo P. (2007). Glutathione synthesis is regulated by nitric oxide in *Medicago truncatula* roots. **Planta** 225: 1597-1602
28. Jaillon O, Aury JM, Noel B, Policriti A, Clepet C, Casagrande A, Choisne N, Aubourg S, Vitulo N, Jubin C, Vezzi A, Legeai F, Hugueney P, Dasilva C, Horner D, Mica E, Jublot D, Poulain J, Bruyère C, Billault A, Segurens B, Gouyvenoux M, Ugarte E, Cattonaro F, Anthouard V, Vico V, Del Fabbro C, Alaux M, Di Gaspero G, Dumas V, Felice N, Paillard S, Juman I, Moroldo M, Scalabrin S, Canaguier A, Le Clainche I, Malacrida G, Durand E, Pesole G, Laucou V, Chatelet P, Merdinoglu D, Delledonne M, Pezzotti M, Lecharny A, Scarpelli C, Artiguenave F, Pè ME, Valle G, Morgante M, Caboche M, Adam-Blondon AF, Weissenbach J, Quétier F, Wincker P. (2007). The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. **Nature** 449: 463-467
29. Romero-Puertas M.C., Laxa M., Mattè A., Zaninotto F., Finkemeier I., Jones A.M.E., Perazzolli M., Vandelle E., Dietz K.J., Delledonne M. (2007). S-nitrosylation of peroxiredoxin II E promotes peroxynitrite-mediated tyrosine nitration. **Plant Cell** 19: 4120-4130
30. Romero-Puertas M.C., Campostrini N., Mattè A., Righetti P.G., Perazzolli M., Zolla L., Roepstorff P., Delledonne M. (2008). Proteomic analysis of S-nitrosylated proteins in *Arabidopsis thaliana* undergoing hypersensitive response. **Proteomics** 8: 1459-1469
31. Ferrarini A., De Stefano M., Baudouin E., Pucciariello C., Polverari A., Puppo A., Delledonne M (2008). Expression of *Medicago truncatula* genes responsive to nitric oxide, in pathogenic and symbiotic conditions. **Mol. Plant-Microbe Interact.** 21: 781-790
32. Vandelle E. and Delledonne M. (2008). Methods for nitric oxide detection during plant-pathogen interactions. **Methods in Enzymol.** 437: 575-594
33. Haegi A., Bonardi V., dall'Aglio E., Glissant D., tumino G., Collins N., bulgarelli D., Infantino A., Stanca M., Delledonne M., Valè G. (2008) Histological and molecular analysis of Rdg2a barley 1 resistance to leaf stripe. **Mol. Plant Pathol.** 9: 463-478
34. Denoeud F., Aury JM., Da Silva C., Noel B., Rogier O., Delledonne M., Morgante M., Valle G., Wincker P., Scarpelli C., Jaillon O., Artiguenave F. (2008) Annotating genomes with massive-scale RNA-sequencing. **Genome Biology** 9: R175
35. Zamboni A., Minoia L., Ferrarini A., Tornielli G.B., Zago E., Delledonne M. and Pezzotti M. (2008) Molecular analysis of post-harvest withering in grape by AFLP transcriptional profiling. **J. Exp. Bot.** 59: 4145-4159
36. De Michele R., Formentin E., Todesco M., Toppo S., Carimi F., Zottini M., Barizza E., Ferrarini A., Delledonne M., Fontana P., Lo Schiavo F. (2009) Transcriptome analysis of *Medicago*

truncatula leaf senescence: similarities and differences in metabolic and transcriptional regulations as compared to *Arabidopsis*, nodule senescence, and nitric oxide signalling. **New Phytol.** 181: 563-575

37. Omrane S., Ferrarini A., D'Apuzzo E., Rogato A., Delledonne M., Chiurazzi M. (2009) Nitrogen status and symbiotic competence, a transcriptomic analysis in *Lotus japonicus*. **New Phytol.** 183: 380-394
38. Cecconi D., Orzetti S., Vandelle E., Rinalducci S., Zolla L., Delledonne M. (2009) Protein nitration during defence response in *Arabidopsis thaliana*. **Electrophoresis** 14: 2460-2468
39. Leitner M., Vandelle E., Gaupels F., Bellin D., Delledonne M. (2009) NO signals in the haze. **Curr. Opin. Plant Biol.** 12: 451-458
40. Mica E., Piccolo V., Delledonne M., Ferrarini A., Pezzotti M., Casati C., Del Fabbro C., Valle G., Policriti A., Morgante M., Pesole G., Pè M.E., Horner D.S. (2009). High throughput approaches reveal splicing of primary microRNA transcripts and tissue specific expression of mature microRNAs in *Vitis vinifera*. **BMC Genomics** 10: 558
41. Bellin D., Ferrarini A., Chimento A., Kaiser O., Levenkova N., Bouffard P., Delledonne M. (2009). Combining next-generation pyrosequencing with microarray for large scale expression analysis in non-model species. **BMC Genomics** 10: 555
42. Ventura M., Turrone F., Zomer A., Foroni E., Giubellini V., Bottacini F., Canchaya C., Claesson M.J., He F., Mantzourani M., Mulas L., Ferrarini A., Gao B., Delledonne M., Henrissat B., Coutinho P., Oggioni M., Gupta R.S., Zhang Z., Beighton D., Fitzgerald G.F., O'Toole P.W., van Sinderen D. (2009). The *Bifidobacterium dentium* Bd1 genome sequence reflects its genetic adaptation to the human oral cavity. **PLoS Genetics** 5 (12): e1000785
43. Polesani M., Bortesi L., Ferrarini A., Zamboni A., Fasoli M., Zadra C., Lovato A., Pezzotti M., Delledonne M., Polverari A. (2010). General and species-specific transcriptional responses to downy mildew infection in a susceptible (*Vitis vinifera*) and a resistant (*V. riparia*) grapevine species. **BMC Genomics** 11: 117
44. Zenoni S., Ferrarini A., Giacomelli E., Xumerle L., Fasoli M., Malerba G., Bellin D., Pezzotti M., Delledonne M. (2010). Characterization of transcriptional complexity during berry development in *Vitis vinifera* using RNA-Seq. **Plant Physiol** 152: 1787-1795
45. The International Cancer Genome Consortium. (2010). International network of cancer genome projects. **Nature** 464: 993-998
46. Turrone F., Foroni E., O'Connell Motherway M., Bottacini F., Giubellini V., Zomer A., Ferrarini A., Delledonne M., Zhang Z., van Sinderen D., Ventura M. (2010). Characterization of the serpin-encoding gene of *Bifidobacterium breve* 210B. **Appl. Environ. Microbiol.** 76: 3206-19
47. Zamboni A., Di Carli M., Guzzo F., Stocchero M., Zenoni S., Ferrarini A., Tononi P., Toffali K., Desiderio A., Lilley K., Pè E., Benvenuto E., Delledonne M., Pezzotti M. (2010). Identification of putative stage-specific grapevine berry biomarkers and omics data integration into networks.

48. De Matteo A., Sacco A., Anacleria M., Pezzotti M., Delledonne M., Ferrarini A., Frusciante L., Barone A. (2010). The ascorbic acid content of tomato fruits is associated with the expression of genes involved in pectin degradation. **BMC Plant Biology** 10: 163
49. Turrone F., Bottacini F., Foroni E., Mulder I., Kim J.H., Zomer A., Garcia B.S., Bidossi A., Ferrarini A., Giubellini V., Delledonne M., Henrissat B., Coutinho P., Oggioni M., Fitzgerald G.F., Mills D., Margolles A., Kelly D., van Sinderen D., Ventura M. (2010). Genome analysis of *Bifidobacterium bifidum* PRL2010 reveals metabolic pathways for host-derived glycan foraging. **Proc Natl Acad Sci. USA** 107: 19514–19519
50. Soverini S., Score J., Iacobucci I., Poerio A., Lonetti A., Gnani A., Colarossi S., Ferrari A., Castagnetti F., Rosti G., Cervantes F., Hochhaus A., Delledonne M., Ferrarini A., Sazzini M., Luiselli D., Baccarani M., Cross N.C., Martinelli G. (2011). IDH2 somatic mutations in chronic myeloid leukemia patients in blast crisis. **Leukemia** 25:178-181
51. Sestili S.I., Polverari A., Luongo L., Ferrarini A., Scotton M., Hussain J., Delledonne M., Ficcadenti N., Belisario A. (2011). Distinct colonization patterns and cDNA-AFLP transcriptome profiles in compatible and incompatible interactions between melon and different races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*. **BMC Genomics** 12:122
52. Gaupels F., Spiazzi-Vandelle E., Yang D., Delledonne M. (2011). Detection of peroxynitrite accumulation in *Arabidopsis thaliana* during the hypersensitive defense response. **Nitric Oxide** 25:222-228
53. Malacarne G., Vrhovsek U., Zulini L., Cestaro A., Stefanini M., Mattivi F., Delledonne M., Velasco R., Moser C. (2011) Resistance to *Plasmopara viticola* in a grapevine segregating population is associated with stilbenoid accumulation and with specific host transcriptional responses. **BMC Plant Biol.** 2011 11:114
54. Mele C., Iatropoulos P., Donadelli R., Calabria A., Maranta R., Cassis P., Buelli S., Tomasoni S., Piras R., Krendel M., Bettoni S., Morigi M., Delledonne M., Pecoraro C., Abbate I., Capobianchi M.R., Hildebrandt F., Otto E., Schaefer F., Macciardi F., Ozaltin F., Emre S., Ibsirlioglu T., Benigni A., Remuzzi G. and Noris M. (2011). MYO1E mutations and childhood familial focal segmental glomerulosclerosis. **New Engl J Med** 365:295-306
55. Zenoni S., D'Agostino N., Tornielli GB, Quattrocchio F, Chiusano ML, Koes R, Zethof J, Guzzo F, Delledonne M, Frusciante L, Gerats T, Pezzotti M. (2011). Revealing impaired pathways in the an11 mutant by high-throughput characterization of *Petunia axillaris* and *Petunia inflata* transcriptomes. **Plant J.** 68: 11-27
56. Turrone F., Foroni E., Serafini F., Viappiani A., Montanini B., Bottacini F., Ferrarini A., Bacchini PL, Rota C, Delledonne M, Ottonello S, van Sinderen D, Ventura M. (2011). Ability of *Bifidobacterium breve* to grow on different milk types: exploring milk metabolism through genome analysis. **Appl Environ Microbiol.** 77:7408-7417
57. Vandelle E., Delledonne M. (2011). Peroxynitrite formation in plants. **Plant Sci** 181: 534-539

58. Turrone F., Foroni E., Montanini B., Viappiani A., Strati F., Duranti S., Ferrarini A., Delledonne M., Ottonello S., van Sinderen D., Ventura M. (2011). Global genome transcription profiling of *Bifidobacterium bifidum* PRL2010 under in vitro conditions and identification of reference genes for quantitative Real-Time PCR. **Appl Environ Microbiol.** 77: 8578-8587
59. Iacobucci I., Ferrarini A., Sazzini M., Giacomelli E., Xumerle L., Lonetti A., Ferrari A., Papayannidis C., Malerba G., Luisella D., Boattini A., Garagnani P., Vitale A., Soverini S., Foà R., Baccarani M., Delledonne M., Martinelli G. (2012). Application of the Whole Transcriptome Shotgun Sequencing approach to the study of Philadelphia-Positive Acute Lymphoblastic Leukemia". **Blood Cancer J.** 2: e61
60. Abate F., Acquaviva A., Paciello G., Ficarra E., Ferrarini A., Delledonne M., Soverini S., Martinelli G., Macii E. (2012). Bellerophonotes: A RNA-Seq data analysis framework for chimeric transcript discovery based on accurate fusion model. **Bioinformatics** 28: 2114-2121
61. Bottacini F., Milani C., Turrone F., Sanchez B., Foroni E., Duranti S., Serafini F., Viappiani A., Strati F., Ferrarini A., Delledonne M., Henrissat B., Coutinho P., Fitzgerald G.F., Margolles A., van Sinderen D., Ventura M. (2012). *Bifidobacterium asteroides* PRL2011 genome analysis reveals clues for colonization of the insect gut. **PLoS One** 7: e44229
62. Fasoli M., Dal Santo S., Zenoni S., Tornielli GB, Farina L., Zmboni A., Porceddu A., Venturini L., Bicego M., Murino V., Ferrarini A., Delledonne M., Pezzotti M. (2012). The grapevine expression atlas reveals a deep transcriptome shift driving the entire plant into a maturation program. **Plant Cell** 24: 3489-3505
63. Bicego M., Lovato P., Perina A., Fasoli M., Delledonne M., Pezzotti M., Polverari A., Murino V. Investigating topic models' capabilities in expression microarray data classification. (2012) **IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform.** 9: 1831-1836
64. Perazzolli M., Moretto M., Fontana P., Ferrarini A., Velasco R., Moser C., Delledonne M., Pertot I. (2012). Downy mildew resistance induced by *Trichoderma harzianum* T39 in susceptible grapevines partially mimics transcriptional changes of resistant genotypes. **BMC Genomics** 13: 660
65. Duranti S., Turrone F., Milani C., Foroni E., Bottacini F., Dal Bello F., Ferrarini A., Delledonne M., van Sinderen D., Ventura M. (2013). Exploration of genomic diversity and core genome of the *Bifidobacterium adolescentis* phylogenetic group by means of a polyphasic approach. **Appl Environ Microbiol.** 79: 336-46
66. Bellin D., Asai S., Delledonne M., Yoshioka H. (2013) Nitric Oxide as a Mediator for Defense Responses. **Mol Plant-Microbe Interact** 26: 271-277
67. Boscari A., del Giudice J., Ferrarini A., Venturini L., Zaffini A-L, Delledonne M., Puppo A. (2013). Expression dynamics of the *Medicago truncatula* transcriptome during the symbiotic interaction with *Sinorhizobium meliloti*: which role for nitric oxide? **Plant Physiol** 161: 425-439
68. Venturini L, Ferrarini A, Zenoni S, Tornielli GB, Fasoli M, Santo SD, Minio A, Buson G, Tononi P,

- Zago. Zamperin G., Bellin D., Pezzotti M., Delledonne M. (2013). De novo transcriptome characterization of *Vitis vinifera* cv. Corvina unveils varietal diversity. **BMC Genomics** 14: 41
69. Donà M., Confalonieri M., Minio A., Biggiogera M., Buttafava A., Raimondi E., Delledonne M., Ventura L., Sabatini M.E., Macovei A., Giraffa G., Carbonera D., Balestrazzi A. (2013). RNA-Seq analysis discloses early senescence and nucleolar dysfunction triggered by *Tdp1α* depletion in *Medicago truncatula*. **J. Exp. Bot.** 64: 1941-1951
 70. Dal Santo S., Torielli G., Zenoni S., Fasoli M., Farina L., Anesi A., Guzzo F., Delledonne M., Pezzotti M. (2013). The plasticity of the grapevine berry transcriptome. **Genome Biol.** 14: R54
 71. Garagnani P., Giuliani C., Pirazzini C., Olivieri F., Bacalini M.G., Ostan R., Mari D., Passarino G., Monti D., Bonfigli A.R.O., Boemi M., Ceriello A., Genovese S., Sevini F., Luiselli D., Tieri P., Capri M., Salvioli S., Vijg J., Suh Y., Delledonne M., Testa R., Franceschi C. (2013). Centenarians as super-controls to assess the biological relevance of genetic risk factors for common age-related diseases: A proof of principle on type 2 diabetes. **Aging** 5: 373-385
 72. Correa-Aragunde N., Foresi N., Delledonne M., Lamattina L. (2013). Auxin induces redox regulation of ascorbate peroxidase 1 activity by S-nitrosylation/denitrosylation balance resulting in changes of root growth pattern in Arabidopsis. **J. Exp. Bot.** 64: 3339-3349
 73. Turrone F., Serafini F., Foroni E., Duranti S., O'Connell Motherway M., Taverniti V., Mangifesta M., Milani C., Viappiani A., Roversi T., Sánchez B., Santoni A., Gioiosa L., Ferrarini A., Delledonne M., Margolles A., Piazza L., Palanza P., Bolchi A., Guglielmetti S., van Sinderen D., Ventura M. (2013). The role of sortase-dependent pili of *Bifidobacterium bifidum* PRL2010 in modulating bacterium-host interactions. **Proc Natl Acad Sci. USA** 110: 11151-11156
 74. Landoni M., De Francesco A., Bellatti S., Delledonne M., Ferrarini A., Venturini L., Pilu R., Bononi M., Tonelli C. (2013). A mutation in the *FZL* gene of *Arabidopsis* causing alteration in chloroplast morphology results in a lesion mimic phenotype. **J. Exp. Bot.** 64: 4313-4328
 75. Storci G., Bertoni S., De Carolis S., Papi A., Nati M., Ceccarelli C., Pirazzini C., Garagnani P., Ferrarini A., Buson G., Delledonne M., Fiorentino M., Capizzi E., Gruppioni E., Taffurelli M., Santini D., Franceschi C., Bandini G., Bonifazi F., Bonafé M. (2013). Slug/beta-catenin-dependent DNA damage signalling induces pro-inflammatory phenotype in hypoxic breast cancer stem cells. **Am J Pathol.** 183: 1688-1697
 76. Licciardello C., Torrisi B., Allegra M., Sciacca F., Roccuzzo G., Intrigliolo F., Reforgiato Recupero G., Tononi P., Delledonne M., Muccilli V. (2013). A Transcriptomic Analysis of Sensitive and Tolerant Citrus Rootstocks under Natural Iron Deficiency Conditions. **J. Amer. Soc. Hort. Sci.** 138: 487-498
 77. de Pinto M.C., Locato V., Sgobba A., Romero-Puertas M.D., Gadadeta C., Delledonne M., De Gara L. (2013). S-nitrosylation of ascorbate peroxidase is part of the programmed cell death signaling in tobacco BY-2 cells. **Plant Physiol** 163: 1766-1775
 78. Da Silva C., Zamperin G., Ferrarini A., Minio A., Dal Molin A., Venturini L., Buson G., Tononi P., Avanzato C., Zago E., Boido E., Dellacassa E., Gaggero C., Pezzotti M., Carrau F., Delledonne M. (2013). The high polyphenol content of *Vitis vinifera* cv. Tannat berries is conferred mostly by genes that are not shared with the reference genome. **Plant Cell** 25: 4777-4788
 79. Gauthier A., Trouvelot S., Kelloniemi J., Frettinger P., Wendehenne D., Daire X., Joubert J-M., Ferrarini A., Delledonne M., Flors V., Poinssot B. (2014). The sulfated laminarin triggers a stress transcriptome before priming the SA- and ROS-dependent defenses during grapevine's

induced resistance against *Plasmopara viticola*. **PLoS ONE** 9: e88145

80. Ercolano M.R., Sacco A., Ferriello F., D'Alessandro R., Tononi P., Traini A., Barone A., Zago E., Chiusano M.L., Buson G., Delledonne M., Frusciante L. (2014). Patchwork sequencing of tomato San Marzano and Vesuviano varieties highlights genome-wide variations. **BMC Genomics** 15: 138
81. Garagnani P., Pirazzini C., Giuliani C., Candela M, Brigidi P., Sevini F., Luiselli D., Bacalini M.G., Salvioli S., Capri M., Monti D., Mari D., Collino S., Delledonne M., Descombes P., Franceschi C. (2014). The three genetics (nuclear DNA, mitochondrial DNA and gut microbiome) of longevity in humans considered as metaorganisms. **BioMed Res Int** 2014: 560340
82. Aragona M., Minio A., Ferrarini A., Valente M.T., Bagnaresi P., Orrù L., Tononi P., Zamperin G., Infantino A., Valè G., Cattivelli L., Delledonne M. (2014). De novo genome assembly of the soil-borne fungus and tomato pathogen *Pyrenochaeta lycopersici*. **BMC Genomics** 15: 313
83. Bellucci E., Bitocchi E., Ferrarini A., Benazzo A., Biagetti E., Klie S., Minio A., Rau D., Rodriguez M., Panziera A., Venturini L., Attene G., Albertini E., Jackson S.A., Nanni L., Fernie A.R., Nikoloski Z., Bertorelle G., Delledonne M., Papa R. (2014). Decreased Nucleotide and Expression Diversity and Modified Coexpression Patterns Characterize Domestication in the Common Bean. **Plant Cell** 26: 1901–1912
84. Chen J., Vandelle E., Bellin D., Delledonne M. (2014). Detection and function of nitric oxide during the hypersensitive response in *Arabidopsis thaliana*: Where there's a will there's a way. **Nitric Oxide** 43: 81-88
85. Bulgari D., Minio A., Casati P., Quaglino F., Delledonne M., Bianco PA. (2014). *Curtobacterium* sp. genome sequencing underlines plant growth promotion-related traits. *Genome Announc.* e00592-14
86. Lanubile A., Ferrarini A., Maschietto V., Delledonne M., Marocco A., Bellin D. (2014). Functional genomic analysis of constitutive and inducible defense responses to *Fusarium verticillioides* infection in maize genotypes with contrasting ear rot resistance. **BMC Genomics**. 15:710
87. Degu A., Hochberg U., Sikron N., Venturini L., Buson G., Ghan R., Plaschkes I., Batushansky A., Chalifa-Caspi V., Mattivi F., Delledonne M., Pezzotti M., Rachmilevitch S., Cramer G.R., Fait A. (2014). Metabolite and transcript profiling of berry skin during fruit development elucidates differential regulation between Cabernet Sauvignon and Shiraz cultivars at branching points in the polyphenol pathway. **BMC Plant Biol.** 14: 188
88. Cramer G.R., Ghan R, Schlauch K.A., Tillett R.L., Heymann H., Ferrarini A., Delledonne M., Zenoni S., Fasoli M., Pezzotti M. (2014). Transcriptomic analysis of the late stages of grapevine (*Vitis vinifera* cv. Cabernet Sauvignon) berry ripening reveals significant induction of ethylene signaling and flavor pathways in the skin. **BMC Plant Biology** 2014, 14:370
89. Siozios S., Tosi L., Ferrarini A., Ferrari A., Tononi P., Bellin D., Gessler C., Maurhofer M., Delledonne M., Pertot I. (2015). Transcriptional reprogramming of the mycoparasitic fungus *Ampelomyces quisqualis* during the powdery mildew host-induced germination. **Phytopathology** 105: 199-209
90. Venturini L, Delledonne M. (2015). Symbiotic plant-fungi interactions stripped down to the root. **Nat Genet.** 2015 47: 309-310
91. Udali S., Guarini P., Ruzzenente A., Ferrarini A., Guglielmi A., Lotto V., Tononi P., Pattini P., Moruzzi S., Campagnaro T., Conci S., Olivieri O., Corrocher R., Delledonne M., Choi S., Friso

- S. (2015). DNA methylation and gene expression profiles show novel regulatory pathways in hepatocellular carcinoma. **Clinical Epigenetics** 7: 43
92. Moliterni VM., Paris R., Onofri C., Orrù L., Cattivelli L., Pacifico D., Avanzato C., Ferrarini A., Delledonne M., Mandolino G. (2015). Early transcriptional changes in *Beta vulgaris* in response to low temperature. **Planta**. 242: 187-201
 93. Aversano R., Contaldi F., Ercolano M.R., Grosso V., Iorizzo M., Tatino F., Xumerle L., Dal Molin A., Avanzato C., Ferrarini A., Delledonne M., Sanseverino W., Aiese Cigliano R., Capella-Gutierrez S., Gabaldón T., Frusciante L., Bradeen J.M., Carputo D. (2015). *The Solanum commersonii* Genome Sequence Provides Insights into Adaptation to Stress Conditions and Genome Evolution of Wild Potato Relatives. **Plant Cell** 7: 954–968
 94. Ferrarini A., Xumerle L., Griggio F., Garonzi M., Cantaloni C., Centomo C., Vargas SM., Descombes P., Marquis J., Collino S., Franceschi C., Garagnani P., Salisbury BA., Harvey JM., Delledonne M. (2015). The Use of Non-Variant Sites to Improve the Clinical Assessment of Whole-Genome Sequence Data. **PLoS One** 10:e0132180
 95. Bartoletti-Stella A., Chiaro G., Calandra-Buonaura G., Contin M., Scaglione C., Barletta G., Cecere A., Garagnani P., Tieri P., Ferrarini A., Piras S., Franceschi C., Delledonne M., Cortelli P., Capellari S. (2015). A patient with *PMP22*-related hereditary neuropathy and *DBH*-gene-related dysautonomia. **J Neurol.** 262:2373-2381
 96. Raggi S., Ferrarini A., Delledonne M., Dunand C., Ranocha P., De Lorenzo G., Cervone F., Ferrari S. (2015). The *Arabidopsis thaliana* Class III Peroxidase *AtPRX71* Negatively Regulates Growth under Physiological Conditions and in Response to Cell Wall Damage. **Plant Physiol.** 169: 2513-2525
 97. Barabaschi D., Magni F., Volante A., Gadaleta A., Šimková H., Scalabrin S., Prazzoli M. L., Bagnaresi P., Lacrima K., Michelotti V., Desiderio F., Orrù L., Mazzamurro V., Fricano A., Mastrangelo A., Tononi P., Vitulo N., Jurman I., Frenkel Z., Cattonaro F., Morgante M., Blanco A., Doležal J., Delledonne M., Stanca A. M., Cattivelli L., Valè G. (2015). Physical Mapping of Bread Wheat Chromosome 5A: An Integrated Approach. **Plant Genome**, vol. 8, no. 3: 1-24
 98. Horvath S., Pirazzini C., Bacalini M.G., Gentilini D., Di Blasio A.M., Delledonne M., Mari D., Arosio B., Monti D., Passarino G., De Rango F., D'Aquila P., Giuliani C., Marasco E., Collino S., Descombes P., Garagnani P., Franceschi C. (2015). Decreased epigenetic age of PBMCs from Italian semi-supercentenarians and their offspring. **Aging** 7:1159-1170
 99. Sabatini ME, Donà M, Leonetti P, Minio A, Delledonne M, Carbonera D, Confalonieri M, Giraffa G, Balestrazzi A. (2016). Depletion of tyrosyl-DNA phosphodiesterase 1α (MtTdp1α) affects transposon expression in *Medicago truncatula*. **J Integr Plant Biol.** 58:618-622
 100. Badar S., Busti F., Ferrarini A., Xumerle L., Bozzini P., Capelli P., Pozzi-Mucelli R., Campostrini N., De Matteis G., Marin Vargas S., Giorgetti A., Delledonne M., Olivieri O., Girelli D. (2016). Identification of novel mutations in hemochromatosis genes by targeted next generation sequencing in Italian patients with unexplained iron overload. **Am J Hematol.** 91: 420-425
 101. Bassi D., Colla F., Gazzola S., Puglisi E., Delledonne M., Cocconcelli PS. (2016). Transcriptome analysis of *Bacillus thuringiensis* spore life, germination and cell outgrowth in a vegetable-based food model. **Food Microbiol.** 55: 73-85
 102. Turrone F., Milani C., Duranti S., Mancabelli L., Mangifesta M., Viappiani A., Lugli G.A., Ferrario C., Gioiosa L., Ferrarini A., Li J., Palanza P., Delledonne M., van Sinderen D., Ventura M.

- (2016). Deciphering bifidobacterial-mediated metabolic interactions and their impact on gut microbiota by a multi-omics approach. **ISME J.** 10:1656-1668
103. Delaney S.K., Hultner M.L., Jacob H.J., Ledbetter D.H., McCarthy J.J., Ball M., Beckman K.B., Belmont J.W., Bloss C.S., Christman M.F., Cosgrove A., Damiani S.A., Danis T., Delledonne M., Dougherty M.J., Dudley J.T., Faucett W.A., Friedman J.R., Haase D.H., Hays T.S., Heilsberg S., Huber J., Kaminsky L., Ledbetter N., Lee W.H., Levin E., Libiger O., Linderman M., Love R.L., Magnus D.C., Martland A., McClure S.L., Megill S.E., Messier H., Nussbaum R.L., Palaniappan L., Patay B.A., Popovich B.W., Quackenbush J., Savant M.J., Su M.M., Terry S.F., Tucker S., Wong W.T., Green R.C. (2016). Toward clinical genomics in everyday medicine: perspectives and recommendations. **Expert Rev Mol Diagn.** 16: 521-532
 104. Bellin D., Delledonne M., Vandelle E. (2016). Detection of Peroxynitrite in Plants Exposed to Bacterial Infection. **Methods Mol Biol.** 1424: 191-200
 105. Bombarely A., Moser M., Amrad A., Bao M., Bapaume L., Barry C.S., Bliet M., Boersma M.R., Borghi L., Bruggmann R., Bucher M., D'Agostino N., Davies K., Druege U., Dudareva N., Egea-Cortines M., Delledonne M., Fernandez-Pozo N., Franken P., Grandont L., Heslop-Harrison J.S., Hintzsche J., Johns M., Koes R., Lv X., Lyons E., Malla D., Martinoia E., Mattson N.S., Morel P., Mueller L.A., Muhlemann J., Nouri E., Passeri V., Pezzotti M., Qi Q., Reinhardt D., Rich M., Richert-Pöggeler K.R., Robbins T.P., Schatz M.C., Schranz M.E., Schuurink R.C., Schwarzacher T., Spelt K., Tang H., Urbanus S.L., Vandenbussche M., Vijverberg K., Villarino G.H., Warner R.M., Weiss J., Yue Z., Zethof J., Quattrocchio F., Sims T.L., Kuhlemeier C. (2016). Insight into the evolution of the Solanaceae from the parental genomes of *Petunia hybrida*. **Nature Plants.** 2: 16074
 106. Pezzini F., Bettinetti L., Di Leva F., Bianchi M., Zoratti E., Carrozzo R., Santorelli F.M., Delledonne M., Lalowski M., Simonati A. (2016). Transcriptomic Profiling Discloses Molecular and Cellular Events Related to Neuronal Differentiation in SH-SY5Y Neuroblastoma Cells. **Cell Mol Neurobiol.** 37: 665-668
 107. Ferbo L., Manzini P.M., Badar S., Campostrini N., Ferrarini A., Delledonne M., Francisci T., Tassi V., Valfrè A., Dall'omo A.M., D'antico S., Girelli D., Roetto A., De Gobbi M. (2016) Detection of a rare mutation in the ferroportin gene through targeted next generation sequencing. **Blood Transfus.** 14: 531-534
 108. Tadiello A., Longhi S., Moretto M., Ferrarini A., Tononi P., Farneti B., Busatto N., Vrhovsek U., Dal Molin A., Avanzato C., Biasioli F., Cappellin L., Scholz M., Velasco R., Trainotti L., Delledonne M., Costa F. (2016). Interference with ethylene perception at receptor level sheds light on auxin and transcriptional circuits associated with climacteric ripening of apple fruit (*Malus x domestica* Borkh.). **The Plant Journal** 88: 963-975
 109. Chin C.S., Peluso P., Sedlazeck F.J., Nattestad M., Concepcion G.T., Clum A., Dunn C., O'Malley R., Figueroa-Balderas R., Morales-Cruz A., Cramer G.R., Delledonne M., Luo C., Ecker J.R., Cantu D., Rank D.R., Schatz M.C. (2016). Phased diploid genome assembly with single-molecule real-time sequencing. **Nat Methods.** 13: 1050-1054.
 110. do Valle Í.F., Giampieri E., Simonetti G., Padella A., Manfrini M., Ferrari A., Papayannidis C., Zironi I., Garonzi M., Bernardi S., Delledonne M., Martinelli G., Remondini D., Castellani G. (2016) Optimized pipeline of MuTect and GATK tools to improve the detection of somatic single nucleotide polymorphisms in whole-exome sequencing data. **BMC Bioinformatics.** 17: 341.
 111. Gagliardi S., Ricca I., Ferrarini A., Valente M., Grieco G.S., Piccolo G., Alfonsi E., Delledonne

- M., Cereda C. (2017) Palmoplantar Keratoderma and Charcot-Marie-Tooth: combination of two independent genetic diseases? Identification of two point mutations in CMT2 and PPK genes by whole exome sequencing. **Br J Dermatol.** 177(1):284-286
112. Kumar A., Castellano I., Patti F.P., Delledonne M., Abdelgawad H., Beemster G.T.S., Asard H., Palumbo A., Buia M.C. (2017) Molecular response of *Sargassum vulgare* to acidification at volcanic CO₂ vents: insights from de novo transcriptomic analysis. **Mol Ecol.** 26: 2276-2290
 113. D'Esposito D., Ferriello F., Molin A.D., Diretto G., Sacco A., Minio A., Barone A., Di Monaco R., Cavella S., Tardella L., Giuliano G., Delledonne M., Frusciante L., Ercolano M.R. (2017) Unraveling the complexity of transcriptomic, metabolomic and quality environmental response of tomato fruit. **BMC Plant Biol.** 17: 66
 114. Giuliani C., Pirazzini C., Delledonne M., Xumerle L., Descombes P., Marquis J., Mengozzi G., Monti D., Bellizzi D., Passarino G., Luiselli D., Franceschi C., Garagnani P. (2017) Centenarians as extreme phenotypes: An ecological perspective to get insight into the relationship between the genetics of longevity and age-associated diseases. **Mech Ageing Dev.** 165(Pt B):195-201
 115. Piubelli C., Castagna A., Marchi G., Rizzi M., Busti F., Badar S., Marchetti M., De Gobbi M., Roetto A., Xumerle L., Suku E., Giorgetti A., Delledonne M., Olivieri O., Girelli D. (2017) Identification of new BMP6 pro-peptide mutations in patients with iron overload. **Am J Hematol.** 92(6):562-568
 116. Menegon M., Cantaloni C., Rodriguez-Prieto A., Centomo C., Abdelfattah A., Rossato M., Bernardi M., Xumerle L., Loader S., Delledonne M. (2017). On site DNA barcoding by nanopore sequencing. **PLoS One.** 12(10):e0184741.
 117. Pezzini F., Bianchi M., Benfatto S., Griggio F., Doccini S., Carrozzo R., Dapkunas A., Delledonne M., Santorelli F.M., Lalowski M.M., Simonati A. (2017). The Networks of Genes Encoding Palmitoylated Proteins in Axonal and Synaptic Compartments Are Affected in PPT1 Overexpressing Neuronal-Like Cells. **Front Mol Neurosci.** 10: 266.
 118. Whittaker A.C., Delledonne M., Finni T., Garagnani P., Greig C., Kallen V., Kokko K., Lord J., Maier A.B., Meskers C.G.M., Santos N.C., Sipila S., Thompson J.L., van Riel N. (2017). Physical Activity and Nutrition INfluences In ageing (PANINI): consortium mission statement. **Aging Clin Exp Res.** 6:685-692. doi: 10.1007/s40520-017-0823-7
 119. Di Donato A., Andolfo G., Ferrarini A., Delledonne M., Ercolano M.R. (2017). Investigation of orthologous pathogen recognition gene-rich regions in solanaceous species. **Genome.** 60: 850-859.
 120. Chitarra W., Perrone I., Avanzato C.G., Minio A., Boccacci P., Santini D., Gilardi G., Siciliano I., Gullino M.L., Delledonne M., Mannini F., Gambino G. (2017). Grapevine Grafting: Scion Transcript Profiling and Defense-Related Metabolites Induced by Rootstocks. **Front Plant Sci.** 8: 654
 121. Ling T, Bellin D, Vandelle E, Imanifard Z, Delledonne M. (2017). Host-Mediated S-Nitrosylation Disarms the Bacterial Effector HopAI1 to Reestablish Immunity. **Plant Cell** 11:2871-2881
 122. Gambino G, Dal Molin A, Boccacci P, Minio A, Chitarra W, Avanzato CG, Tononi P, Perrone I, Raimondi S, Schneider A, Pezzotti M, Mannini F, Gribaudo I, Delledonne M. (2017). Whole-genome sequencing and SNV genotyping of 'Nebbiolo' (*Vitis vinifera* L.) clones. **Sci Rep.** Dec 11;7(1):17294. doi: 10.1038/s41598-017-17405-y.

123. Martinelli G., Mancini M., De Benedittis C., Rondoni M., Papayannidis C., Manfrini M., Meggendorfer M., Calogero R., Guadagnuolo V., Fontana M.C., Bavaro L., Padella A., Zago E., Pagano L., Zanotti R., Scaffidi L., Specchia G., Albano F., Merante S., Elena C., Savini P., Gangemi D., Tosi P., Ciceri F., Poletti G., Riccioni L., Morigi F., Delledonne M., Haerlachs T., Cavo M., Valent P., Soverini S. (2018). SETD2 and histone H3 lysine 36 methylation deficiency in advanced systemic mastocytosis. **Leukemia** 32: 139-148
124. Busatto N., Farneti B., Commisso M., Bianconi M., Iadarola B., Zago E., Ruperti B., Spinelli F., Zanella A., Velasco R., Ferrarini A., Chitarrini G., Vrhovsek U., Delledonne M., Guzzo F., Costa G., Costa F. (2018). Apple fruit superficial scald resistance mediated by ethylene inhibition is associated with diverse metabolic processes. **Plant J.** 93: 270-285
125. Dal Molin A, Minio A, Griggio F, Delledonne M, Infantino A, Aragona M. (2018). The genome assembly of the fungal pathogen *Pyrenochaeta lycopersici* from Single-Molecule Real-Time sequencing sheds new light on its biological complexity. **PLoS One** Jul 6;13(7):e0200217. doi: 10.1371/journal.pone.0200217. eCollection 2018.
126. Remo A, Manfrin E, Parcesepe P, Ferrarini A, Han HS, Mickys U, Laudanna C, Simbolo M, Malanga D, Mendes Oliveira D, Baritono E, Colangelo T, Sabatino L, Giuliani J, Molinari E, Garonzi M, Xumerle L, Delledonne M, Giordano G, Ghimenton C, Lonardo F, D'angelo F, Grillo F, Mastracci L, Viglietto G, Ceccarelli M, Colantuoni V, Scarpa A, Pancione M. (2018). Centrosome Linker-induced Tetraploid Segregation Errors Link Rhabdoid Phenotypes and Lethal Colorectal Cancers. **Mol Cancer Res.** doi: 10.1158/1541-7786.MCR-18-0062.
127. Kamga PT, Dal Collo G, Bassi G, Midolo M, Delledonne M, Chilosì M, Bonifacio M, Krampera M. (2018). Characterization of a new B-ALL cell line with constitutional defect of the Notch signaling pathway. **Oncotarget** 9(26):18341-18350. doi: 10.18632/oncotarget.24836. eCollection 2018 Apr 6.
128. Cecchin M, Benfatto S, Griggio F, Mori A, Cazzaniga S, Vitulo N, Delledonne M, Ballottari M. (2018). Molecular basis of autotrophic vs mixotrophic growth in *Chlorella sorokiniana*. **Sci Rep.** 8(1):6465. doi: 10.1038/s41598-018-24979-8.
129. Kurtas N, Arrigoni F, Errichiello E, Zucca C, Maghini C, D'Angelo MG, Beri S, Giorda R, Bertuzzo S, Delledonne M, Xumerle L, Rossato M, Zuffardi O, Bonaglia MC. (2018). Chromothripsis and ring chromosome 22: a paradigm of genomic complexity in the Phelan-McDermid syndrome (22q13 deletion syndrome). **J Med Genet.** 55(4):269-277. doi: 10.1136/jmedgenet-2017-105125.
130. Errichiello E, Gorgone C, Giuliano L, Iadarola B, Cosentino E, Rossato M, Kurtas NE, Delledonne M, Mattina T, Zuffardi O. (2018). SOX2: Not always eye malformations. Severe genital but no major ocular anomalies in a female patient with the recurrent c.70del20 variant. **Eur J Med Genet.** 61(6):335-340. doi: 10.1016/j.ejmg.2018.01.011.
131. Passera A, Marcolungo L, Casati P, Brasca M, Quaglino F, Cantaloni C, Delledonne M. (2018). Hybrid genome assembly and annotation of *Paenibacillus pasadenensis* strain R16 reveals insights on endophytic life style and antifungal activity. **PLoS One.** 2018 Jan 19;13(1):e0189993. doi: 10.1371/journal.pone.0189993.
132. Papaiani M, Contaldi F, Fulgione A, Woo SL, Casillo A, Corsaro MM, Parrilli E, Marcolungo L, Rossato M, Delledonne M, Garonzi M, Iannelli D, Capparelli R. (2018). Role of phage ϕ 1 in two strains of *Salmonella Rissen*, sensitive and resistant to phage ϕ 1. **BMC Microbiol.** 2018 Dec 7;18(1):208. doi: 10.1186/s12866-018-1360-z.

133. Kurtas NE, Xumerle L, Leonardelli L, Delledonne M, Brusco A, Chrzanowska K, Schinzel A, Larizza D, Gueneri S, Natacci F, Bonaglia MC, Reho P, Manolakos E, Mattina T, Soli F, Provenzano A, Al-Rikabi AH, Errichiello E, Nazaryan-Petersen L, Giglio S, Tommerup N, Liehr T, Zuffardi O. (2019). Small supernumerary marker chromosomes: A legacy of trisomy rescue? **Hum Mutat.** 40(2):193-200
134. Kurtas NE, Xumerle L, Giussani U, Pansa A, Cardarelli L, Bertini V, Valetto A, Liehr T, Clara Bonaglia M, Errichiello E, Delledonne M, Zuffardi O. (2019). Insertional translocation involving an additional nonchromothryptic chromosome in constitutional chromothripsis: Rule or exception? **Mol Genet Genomic Med.** Feb; 7(2): e00496
135. Busatto N, Farneti B, Tadiello A, Oberkofler V, Cellini A, Biasioli F, Delledonne M, Cestaro A, Noutsos C, Costa F. (2019). Wide transcriptional investigation unravel novel insights of the on-tree maturation and postharvest ripening of 'Abate Fetel' pear fruit. **Hortic Res.** 6: 32
136. Rau D, Murgia ML, Rodriguez M, Bitocchi E, Bellucci E, Fois D, Albani D, Nanni L, Gioia T, Santo D, Marcolungo L, Delledonne M, Attene G, Papa R. (2019). Genomic dissection of pod shattering in common bean: mutations at non-orthologous loci at the basis of convergent phenotypic evolution under domestication of leguminous species. **Plant J.** 97(4):693-714
137. Licciardello C, Tononi P, Rossato M, Delledonne M, Caruso P. (2019) A transcriptional analysis reveals an extensive range of genes responsible for increasing the tolerance of Carrizo citrange to oxygen deficiency. **Tree Gen. Genom.** 15: 19
138. Maestri S, Cosentino E, Paterno M, Freitag H, Garces JM, Marcolungo L, Alfano M, Njunjić I, Schilthuizen M, Slik F, Menegon M, Rossato M, Delledonne M. (2019). A Rapid and Accurate MinION-Based Workflow for Tracking Species Biodiversity in the Field. **Genes** Jun 20;10(6)
139. Passera A, Compant S, Casati P, Maturo MG, Battelli G, Quaglino F, Antonielli L, Salerno D, Brasca M, Toffolatti SL, Mantegazza F, Delledonne M, Mitter B. (2019). Not Just a Pathogen? Description of a Plant-Beneficial *Pseudomonas syringae* Strain. **Front Microbiol.** Jun 21;10:1409.
140. Barchi L, Pietrella M, Venturini L, Minio A, Toppino L, Acquadro A, Andolfo G, Aprea G, Avanzato C, Bassolino L, Comino C, Molin AD, Ferrarini A, Maor LC, Portis E, Reyes-Chin-Wo S, Rinaldi R, Sala T, Scaglione D, Sonawane P, Tononi P, Almekias-Siegl E, Zago E, Ercolano MR, Aharoni A, Delledonne M, Giuliano G, Lanteri S, Rotino GL. (2019). A chromosome-anchored eggplant genome sequence reveals key events in Solanaceae evolution. **Sci Rep.** Aug 13;9(1):11769.
141. Morani F, Doccini S, Sirica R, Paterno M, Pezzini F, Ricca I, Simonati A, Delledonne M, Santorelli FM. (2019). Functional Transcriptome Analysis in ARSACS KO Cell Model Reveals a Role of Sacs in Autophagy. **Sci Rep.** Aug 15;9(1):11878
142. Cecchin M, Marcolungo L, Rossato M, Girolomoni L, Cosentino E, Cuine S, Li-Beisson Y, Delledonne M, Ballottari M. (2019). *Chlorella vulgaris* genome assembly and annotation reveals the molecular basis for metabolic acclimation to high light conditions. **Plant J.** 100(6):1289-1305
143. Corbett MA, Kroes T, Veneziano L, Bennett MF, Florian R, Schneider AL, Coppola A, Licchetta L, Franceschetti S, Suppa A, Wenger A, Mei D, Pendziwiat M, Kaya S, Delledonne M, Straussberg R, Xumerle L, Regan B, Crompton D, van Rootselaar AF, Correll A, Catford R, Bisulli F, Chakraborty S, Baldassari S, Tinuper P, Barton K, Carswell S, Smith M, Berardelli A, Carroll R, Gardner A, Friend KL, Blatt I, Iacomino M, Di Bonaventura C, Striano S, Buratti J, Keren B, Nava

- C, Forlani S, Rudolf G, Hirsch E, Leguern E, Labauge P, Balestrini S, Sander JW, Afawi Z, Helbig I, Ishiura H, Tsuji S, Sisodiya SM, Casari G, Sadleir LG, van Coller R, Tijssen MAJ, Klein KM, van den Maagdenberg AMJM, Zara F, Guerrini R, Berkovic SF, Pippucci T, Canafoglia L, Bahlo M, Striano P, Scheffer IE, Brancati F, Depienne C, Gecz J. (2019). Intronic ATTTC repeat expansions in STARD7 in familial adult myoclonic epilepsy linked to chromosome 2. **Nat Commun.** Oct 29; 10(1): 4920.
144. Freitag H, Molls C, Bouma AM, Garces JM, Rossato M, Cosentino E, Delledonne M. (2019). Additional new species of *Grouvellinus* Champion 1923 (Insecta, Coleoptera, Elmidae) discovered by citizen scientists and DNA barcoded in the field applying a novel MinION-based workflow, **Journal of Natural History**, 53:41-42, 2593-2620, DOI: 10.1080/00222933.2019.1709669
 145. Pagliarani C, Boccacci P, Chitarra W, Cosentino E, Sandri M, Perrone I, Mori A, Cuozzo D, Nerva L, Rossato M, Zuccolotto P, Pezzotti M, Delledonne M, Mannini F, Gribaudo I, Gambino G. (2019). Distinct Metabolic Signals Underlie Clone by Environment Interplay in "Nebbiolo" Grapes Over Ripening. **Front Plant Sci.** 10:1575. doi: 10.3389/fpls.2019.01575
 146. Bizzarri M, Delledonne M, Ferrarini A, Tononi P, Zago E, Vittori D, Damiani F, Paolocci F (2020). Whole-Transcriptome Analysis Unveils the Synchronized Activities of Genes for Fructans in Developing Tubers of the Jerusalem Artichoke. **Front Plant Sci.** doi: 10.3389/fpls.2020.00101
 147. Giné-Bordonaba J, Busatto N, Larrigaudière C, Lindo-García V, Echeverria G, Vrhovsek U, Farneti B, Biasioli F, De Quattro C, Rossato M, Delledonne M, Costa F. (2020). Investigation of the transcriptomic and metabolic changes associated with superficial scald physiology impaired by lovastatin and 1-methylcyclopropene in pear fruit (cv. "Blanquilla"). **Hortic Res.** 2020 Apr 1;7:49. doi: 10.1038/s41438-020-0272-x. eCollection 2020. PMID: 32257235
 148. Iadarola B, Xumerle L, Lavezzari D, Paterno M, Marcolungo L, Beltrami C, Fortunati E, Mei D, Vetro A, Guerrini R, Parrini E, Rossato M, Delledonne M. (2020). Shedding light on dark genes: enhanced targeted resequencing by optimizing the combination of enrichment technology and DNA fragment length. **Sci Rep.** 2020 Jun 10;10(1):9424. doi: 10.1038/s41598-020-66331-z. PMID: 32523024
 149. Sazzini M, Abondio P, Sarno S, Gneccchi-Ruscione GA, Ragno M, Giuliani C, De Fanti S, Ojeda-Granados C, Boattini A, Marquis J, Valsesia A, Carayol J, Raymond F, Pirazzini C, Marasco E, Ferrarini A, Xumerle L, Collino S, Mari D, Arosio B, Monti D, Passarino G, D'Aquila P, Pettener D, Luiselli D, Castellani G, Delledonne M, Descombes P, Franceschi C, Garagnani P. (2020). Genomic history of the Italian population recapitulates key evolutionary dynamics of both Continental and Southern Europeans. **BMC Biol.** 2020 May 22;18(1):51. doi: 10.1186/s12915-020-00778-4. PMID: 32438927
 150. Cecchin M, Berteotti S, Paltrinieri S, Vigliante I, Iadarola B, Giovannone B, Maffei ME, Delledonne M, Ballottari M. (2020). Improved lipid productivity in *Nannochloropsis gaditana* in nitrogen-replete conditions by selection of pale green mutants. **Biotechnol Biofuels.** 2020 Apr 21;13:78. doi: 10.1186/s13068-020-01718-8. eCollection 2020.
 151. Massonnet M, Cochetel N, Minio A, Vondras AM, Lin J, Muyle A, Garcia JF, Zhou Y, Delledonne M, Riaz S, Figueroa-Balderas R, Gaut BS, Cantu D. (2020) The genetic basis of sex determination in grapes. **Nat Commun.** 2020 Jun 9;11(1):2902. doi: 10.1038/s41467-020-16700-z. PMID: 32518223
 152. Zombardo A, Crosatti C, Bagnaresi P, Bassolino L, Reshef N, Puccioni S, Faccioli P, Tafuri A,

- Delledonne M, Fait A, Storch P, Cattivelli L, Mica E. (2020) Transcriptomic and biochemical investigations support the role of rootstock-scion interaction in grapevine berry quality. **BMC Genomics**. 2020 Jul 8;21(1):468. doi: 10.1186/s12864-020-06795-5. PMID: 32641089
153. Cassuto D, Delledonne M, Zaccaria G, Illiano I, Giori AM, Bellia G. (2020) Safety Assessment of High- and Low-Molecular-Weight Hyaluronans (Profilo®) as Derived from Worldwide Postmarketing Data. **Biomed Res Int**. 2020 Jun 20;2020:8159047. doi: 10.1155/2020/8159047. eCollection 2020. PMID: 32685528 Free PMC article.
 154. Maestri S, Maturo MG, Cosentino E, Marcolungo L, Iadarola B, Fortunati E, Rossato M, Delledonne M. (2020) A Long-Read Sequencing Approach for Direct Haplotype Phasing in Clinical Settings. **Int J Mol Sci**. 2020 Dec 1;21(23):9177. doi: 10.3390/ijms21239177. PMID: 33271988 Free PMC article.
 155. Passera A, Rossato M, Oliver JS, Battelli G, Shahzad GI, Cosentino E, Sage JM, Toffolatti SL, Lopatriello G, Davis JR, Kaiser MD, Delledonne M, Casati P. (2020). Characterization of *Lysinibacillus fusiformis* strain S4C11: In vitro, in planta, and in silico analyses reveal a plant-beneficial microbe. **Microbiol Res**. 2020 Dec 5;244:126665. doi: 10.1016/j.micres.2020.126665. Online ahead of print. PMID: 33340794
 156. Pirazzini C, Azevedo T, Baldelli L, Bartoletti-Stella A, Calandra-Buonaura G, Molin AD, Dimitri GM, Doykov I, Gómez-Garre P, Hägg S, Hällqvist J, Halsband C, Heywood W, Jesús S, Jylhävä J, Kwiatkowska KM, Labrador-Espinosa MA, Licari C, Maturo MG, Mengozzi G, Meoni G, Milazzo M, Perrián-Tocino MT, Ravaioli F, Sala C, Sambati L, Schade S, Schreglmann S, Spasov S, Tenori L, Williams D, Xumerle L, Zago E, Bhatia KP, Capellari S, Cortelli P, Garagnani P, Houlden H, Liò P, Luchinat C, Delledonne M, Mills K, Mir P, Mollenhauer B, Nardini C, Pedersen NL, Provini F, Strom S, Trenkwalder C, Turano P, Bacalini MG, Franceschi C; PROPAG-AGEING Consortium (2020) A Geroscience approach for Parkinson's Disease: conceptual framework and design of PROPAG-AGEING project. **Mech Ageing Dev**. 2020 Dec 29:111426. doi: 10.1016/j.mad.2020.111426. Online ahead of print. PMID: 33385396 Review.
 157. Vittori VD, Bitocchi E, Rodriguez M, Alseekh S, Bellucci E, Nanni L, Gioia T, Marzario S, Logozzo G, Rossato M, De Quattro C, Murgia ML, Ferreira JJ, Campa A, Xu C, Fiorani F, Sampathkumar A, Fröhlich A, Attene G, Delledonne M, Usadel B, Fernie AR, Rau D, Papa R. (2020). Pod indehiscence in common bean is associated to the fine regulation of PvMYB26. **J Exp Bot**. 2021 Feb 27;72(5):1617-1633. doi: 10.1093/jxb/eraa553. PMID: 33247939
 158. Freitag H, de Vries R, Paterno M, Maestri S, Delledonne M, Thompson CG, Lamed H, Lambert R, Fox MF, Gonzalez MC, Delocado ED, Sabordo MR, Pangantihon CV, Njunjić I. (2021). *Hydraena* (s.str.) *dinarica*, new species (Coleoptera: Hydraenidae) along with further records of *Hydraena* spp. from Durmitor National Park, Montenegro and comments on the DNA barcoding problem with the genus. **Biodivers. Data J**. 2021 Jan 12;9:e59892. doi: 10.3897/BDJ.9.e59892. eCollection 2021. PMID: 33519262
 159. Santangelo A, Rossato M, Lombardi G, Benfatto S, Lavezzari D, De Salvo GL, Indraccolo S, Dechecchi MC, Prandini P, Gambari R, Scapoli C, Di Gennaro G, Caccese M, Eoli M, Rudà R, Brandes AA, Ibrahim T, Rizzato S, Lolli I, Lippi G, Delledonne M, Zagonel V, Cabrini G (2021). A molecular signature associated with prolonged survival in glioblastoma patients treated with regorafenib. **Neuro Oncol**. 2021 Feb 25;23(2):264-276. doi: 10.1093/neuonc/noaa156. PMID: 32661549
 160. Di Vittori V, Bitocchi E, Rodriguez M, Alseekh S, Bellucci E, Nanni L, Gioia T, Marzario S, Logozzo G, Rossato M, De Quattro C, Murgia ML, Ferreira JJ, Campa A, Xu C, Fiorani F,

- Sampathkumar A, Fröhlich A, Attene G, Delledonne M, Usadel B, Fernie AR, Rau D, Papa R. (2021). Pod indehiscence in common bean is associated with the fine regulation of PvMYB26. **J Exp Bot.** 72:1617-1633. doi: 10.1093/jxb/eraa553. PMID: 33247939 Free PMC article.
161. Passera A, Rossato M, Oliver JS, Battelli G, Shahzad GI, Cosentino E, Sage JM, Toffolatti SL, Lopatriello G, Davis JR, Kaiser MD, Delledonne M, Casati P. (2021). Characterization of *Lysinibacillus fusiformis* strain S4C11: In vitro, in planta, and in silico analyses reveal a plant-beneficial microbe. **Microbiol Res.** 244:126665. doi: 10.1016/j.micres.2020.126665. PMID: 33340794
 162. Degli Esposti C, Iadarola B, Maestri S, Beltrami C, Lavezzari D, Morini M, De Marco P, Erminio G, Garaventa A, Zara F, Delledonne M, Ognibene M, Pezzolo A. (2021) Exosomes from Plasma of Neuroblastoma Patients Contain Double stranded DNA Reflecting the Mutational Status of Parental Tumor Cells. **Int J Mol Sci.** 2021 Apr 1;22(7):3667. doi: 10.3390/ijms22073667. PMID: 33915956
 163. Garagnani P, Marquis J, Delledonne M, Pirazzini C, Marasco E, Kwiatkowska KM, Iannuzzi V, Bacalini MG, Valsesia A, Carayol J, Raymond F, Ferrarini A, Xumerle L, Collino S, Mari D, Arosio B, Casati M, Ferri E, Monti D, Nacmias B, Sorbi S, Luiselli D, Pettener D, Castellani G, Sala C, Passarino G, De Rango F, D'Aquila P, Bertamini L, Martinelli N, Girelli D, Olivieri O, Giuliani C, Descombes P, Franceschi C. (2021). Whole-genome sequencing analysis of semi-per centenarians. **Elife.** 2021 May 4;10: e57849. doi: 10.7554/eLife.57849. PMID: 33941312
 164. Marcolungo L, Beltrami C, Esposti CD, Lopatriello G, Piubelli C, Mori A, Pomari E, Deiana M, Scarso S, Bisoffi Z, Grosso V, Cosentino E, Maestri S, Lavezzari D, Iadarola B, Paterno M, Segala E, Giovannone B, Gallinaro M, Rossato M, Delledonne M. (2021). ACoRE: Accurate SARS-CoV-2 genome reconstruction for the characterization of intra-host and inter-host viral diversity in clinical samples and for the evaluation of re-infections. **Genomics.** 2021 Apr 8:S0888-7543(21)00134-8. doi: 10.1016/j.ygeno.2021.04.008. Online ahead of print. PMID: 33839270
 165. Baldelli L, Schade S, Jesús S, Schreglmann SR, Sambati L, Gómez-Garre P, Halsband C, Calandra-Buonaura G, Adarmes-Gómez AD, Sixel-Döring F, Zenesini C, Pirazzini C, Garagnani P, Bacalini MG, Bhatia KP, Cortelli P, Mollenhauer B, Franceschi C; PROPAG-AGEING consortium, Mir P, Trenkwalder C, Provini F. (2021) Heterogeneity of prodromal Parkinson symptoms in siblings of Parkinson disease patients. **NPJ Parkinsons Dis.** 7:78. doi: 10.1038/s41531-021-00219-1. PMID: 34493736
 166. Grosso V, Marcolungo L, Maestri S, Alfano M, Lavezzari D, Iadarola B, Salviati A, Mariotti B, Botta A, D'Apice MR, Novelli G, Delledonne M, Rossato M. (2021). Characterization of FMR1 Repeat Expansion and Intragenic Variants by Indirect Sequence Capture. **Front Genet.** 2021 Sep 27;12:743230. doi: 10.3389/fgene.2021.743230. eCollection 2021. PMID: 34646309
 167. Iadarola B, Lavezzari D, Modi A, Degli Esposti C, Beltrami C, Rossato M, Zaro V, Napione E, Latella L, Lari M, Caramelli D, Salviati A, Delledonne M. (2021). Whole-exome sequencing of the mummified remains of Cangrande della Scala (1291-1329 CE) indicates the first known case of late-onset Pompe disease. **Sci Rep.** 2021 Oct 26;11(1):21070. doi: 10.1038/s41598-021-00559-1. PMID: 34702906
 168. Bellucci E, Mario Aguilar O, Alseekh S, Bett K, Brezeanu C, Cook D, De la Rosa L, Delledonne M, Dostatny DF, Ferreira JJ, Geffroy V, Ghitarrini S, Kroc M, Kumar Agrawal S, Logozzo G, Marino M, Mary-Huard T, McClean P, Meglič V, Messer T, Muel F, Nanni L, Neumann K, Servalli F, Străjeru S, Varshney RK, Vasconcelos MW, Zaccardelli M, Zavarzin A, Bitocchi E, Frontoni E, Fernie AR, Gioia T, Graner A, Guasch L, Prochnow L, Oppermann M, Susek K, Tenaillon M, Papa

- R. (2021). The INCREASE project: Intelligent Collections of food-legume genetic resources for European agrofood systems. **Plant J.** doi: 10.1111/tpj.15472. Online ahead of print. PMID: 34427014
169. Maguolo A, Rodella G, Giorgetti A, Nicolodi M, Ribeiro R, Dianin A, Cantalupo G, Monge I, Carcereri S, De Bernardi ML, Delledonne M, Pasini A, Campostrini N, Ion Popa F, Piacentini G, Teofoli F, Vincenzi M, Camilot M, Bordugo A. (2022). A Gain-of-Function Mutation on BCKDK Gene and Its Possible Pathogenic Role in Branched-Chain Amino Acid Metabolism. **Genes** (Basel); 13(2):233. doi: 10.3390/genes13020233. PMID: 35205278
 170. Marcolungo L, Passera A, Maestri S, Segala E, Alfano M, Gaffuri F, Marturano G, Casati P, Bianco PA, Delledonne M. (2022). Real-Time On-Site Diagnosis of Quarantine Pathogens in Plant Tissues by Nanopore-Based Sequencing. **Pathogens**; 11(2):199. doi: 10.3390/pathogens11020199. PMID: 35215142
 171. Maestri S, Gambino G, Lopatriello G, Minio A, Perrone I, Cosentino E, Giovannone B, Marcolungo L, Alfano M, Rombauts S, Cantu D, Rossato M, Delledonne M, Calderón L. (2022). 'Nebbiolo' genome assembly allows surveying the occurrence and functional implications of genomic structural variations in grapevines (*Vitis vinifera* L.). **BMC Genomics**; 23(1):159. doi: 10.1186/s12864-022-08389-9. PMID: 35209840
 172. Ramsey KA, Meskers CGM, Trappenburg MC, Bacalini MG, Delledonne M, Garagnani P, Greig C, Kallen V, van Meeteren N, van Riel N, Correia Santos N, Sipilä S, Thompson JL, Whittaker AC, Maier AB (2022). The Physical Activity and Nutritional INfluences in Ageing (PANINI) Toolkit: A Standardized Approach towards Physical Activity and Nutritional Assessment of Older Adults. **Healthcare** 10(6):1017. <https://doi.org/10.3390/healthcare10061017>
 173. Schilthuizen M, Thompson CG, de Vries R, van Peursen ADP, Paterno M, Maestri S, Marcolungo L, Esposti CD, Delledonne M, Njunjić I (2022). A new giant keelback slug of the genus *Limax* from the Balkans, described by citizen scientists. **Biodivers. Data J.** 10: e69685. <https://doi.org/10.3897/BDJ.10.e69685>
 174. Maestri S, Grosso V, Alfano M, Lavezzari D, Piubelli C, Bisoffi Z, Rossato M, Delledonne M. (2022). STArS (STrain-Amplicon-Seq), a targeted nanopore sequencing workflow for SARS-CoV-2 diagnostics and genotyping. **Biol Methods Protoc.** 7(1): bpac020. doi: 10.1093/biomethods/bpac020.
 175. Alfano M, De Antoni L, Centofanti F, Visconti VV, Maestri S, Degli Esposti C, Massa R, D'Apice MR, Novelli G, Delledonne M, Botta A, Rossato M (2022). Characterization of full-length CNBP expanded alleles in myotonic dystrophy type 2 patients by Cas9-mediated enrichment and nanopore sequencing. **Elife.** 11: e80229. doi: 10.7554/eLife.80229.
 176. Marcolungo L, Vincenzi L, Ballottari M, Cecchin M, Cosentino E, Mignani T, Limongi A, Ferraris I, Orlandi M, Rossato M, Delledonne M. (2023). Structural Refinement by Direct Mapping Reveals Assembly Inconsistencies near Hi-C Junctions. **Plants** (Basel). Jan 10;12(2):320. doi: 10.3390/plants12020320.
 177. Lopatriello G, Maestri S, Alfano M, Papa R, Di Vittori V, De Antoni L, Bellucci E, Pieri A, Bitocchi E, Delledonne M, Rossato M (2023). CRISPR/Cas9-Mediated Enrichment Coupled to Nanopore Sequencing Provides a Valuable Tool for the Precise Reconstruction of Large Genomic Target Regions. **Int J Mol Sci.** Jan 5;24(2):1076. doi: 10.3390/ijms24021076.
 178. Giovenino C, Trajkova S, Pavinato L, Cardaropoli S, Pullano V, Ferrero E, Sukarova-

- Angelovska E, Carestiato S, Salmin P, Rinninella A, Battaglia A, Bertoli L, Fadda A, Palermo F, Carli D, Mussa A, Dimartino P, Bruselles A, Froukh T, Mandrile G, Pasini B, De Rubeis S, Buxbaum JD, Pippucci T, Tartaglia M, Rossato M, Delledonne M, Ferrero GB, Brusco A. (2023). Skewed X-chromosome inactivation in unsolved neurodevelopmental disease cases can guide re-evaluation For X-linked genes. **Eur J Hum Genet.** Mar 6. doi: 10.1038/s41431-023-01324-w. PMID: 36879111
179. Schilthuizen M, Berenyi S, Ezzwan NSMN, Hamdani NIAA, Wu H, De Antoni L, Vincenzi L, de Gier W, van Peursen ADP, Njunjić I, Delledonne M, Slik F, Grafe U, Cicuzza D (2023) A new semi-slug of the genus *Microparmarion* from Brunei, discovered, described and DNA-barcoded on citizen-science 'taxon expeditions' (Gastropoda, Stylommatophora, Ariophantidae). **Biodivers. Data J.** 11: e101579. <https://doi.org/10.3897/BDJ.11.e101579>
 180. Melo US, Jatzlau J, Prada-Medina CA, Flex E, Hartmann S, Ali S, Schöpflin R, Bernardini L, Ciolfi A, Moeinzadeh MH, Klever MK, Altay A, Vallecillo-García P, Carpentieri G, Delledonne M, Ort MJ, Schwestka M, Ferrero GB, Tartaglia M, Brusco A, Gossen M, Strunk D, Geißler S, Mundlos S, Stricker S, Knaus P, Giorgio E, Spielmann M. (2023) Enhancer hijacking at the ARHGAP36 locus is associated with connective tissue to bone transformation. **Nat Commun.** 2023 Apr 11;14(1):2034. doi: 10.1038/s41467-023-37585-8. PMID: 37041138
 181. Rossato M, Marcolungo L, De Antoni L, Lopatriello G, Bellucci E, Cortinovia G, Frascarelli G, Nanni L, Bitocchi E, Di Vittori V, Vincenzi L, Lucchini F, Bett KE, Ramsay L, Konkin DJ, Delledonne M, Papa R. (2023) CRISPR-Cas9-based repeat depletion for high-throughput genotyping of complex plant genomes. **Genome Res.** 2023 May;33(5):787-797. doi: 10.1101/gr.277628.122. Epub 2023 May 1. PMID: 37127332
 182. Toffali L, D'Ulivo B, Giagulli C, Montresor A, Zenaro E, Delledonne M, Rossato M, Iadarola B, Sbarbati A, Bernardi P, Angelini G, Rossi B, Lopez N, Linke WA, Unger A, Di Silvestre D, Benazzi L, De Palma A, Motta S, Constantin G, Mauri P, Laudanna C. (2023) An isoform of the giant protein titin is a master regulator of human T lymphocyte trafficking. **Cell Rep.** 2023 May 30;42(5):112516. doi: 10.1016/j.celrep.2023.112516. Epub 2023 May 18. PMID: 37204926
 183. Lavezzari D, Mori A, Pomari E, Deiana M, Fadda A, Bertoli L, Sinigaglia A, Riccetti S, Barzon L, Piubelli C, Delledonne M, Capobianchi MR, Castilletti C. (2023) Comparative analysis of bioinformatics tools to characterize SARS-CoV-2 subgenomic RNAs. **Life Sci Alliance.** 2023 Sep 25;6(12):e202302017. doi: 10.26508/lsa.202302017. Print 2023 Dec. PMID: 37748810
 184. Sillo F, Neri L, Calvo A, Zampieri E, Petruzzelli G, Ferraris I, Delledonne M, Zaldei A, Gioli B, Baraldi R, Balestrini R. (2023) Correlation between microbial communities and volatile organic compounds in an urban soil provides clues on soil quality towards sustainability of city flowerbeds. **Heliyon.** 2023 Dec 12;10(1):e23594. doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e23594. eCollection 2024 Jan 15. PMID: 38205296
 185. Lanzavecchia G, Frascarelli G, Rocchetti L, Bellucci E, Bitocchi E, Di Vittori V, Sillo F, Ferraris I, Carta G, Delledonne M, Nanni L, Papa R. Genotype Combinations Drive Variability in the Microbiome Configuration of the Rhizosphere of Maize/Bean Intercropping System. **Int J Mol Sci.** 2024 Jan 20;25(2):1288. doi: 10.3390/ijms25021288. PMID: 38279288
 186. Caldrier S, Accordini S, Mazzi C, Tiberti N, Deiana M, Matucci A, Rizzi E, Tais S, Filippo F, Verzè M, Cattaneo P, Chiecchi GP, Castilletti C, Delledonne M, Gobbi F, Piubelli C. Changes in the Adaptive Cellular Repertoire after Infection with Different SARS-CoV-2 VOCs in a Cohort of Vaccinated Healthcare Workers. **Vaccines** (Basel). 2024 Feb 23;12(3):230. doi: 10.3390/vaccines12030230. PMID: 38543865

187. Otani S, Bertoli L, Lucchini F, van den Beuken TPG, Boin D, Ellis L, Friedrich H, Jacquot B, Kountouras S, Lim SYR, Nigro E, Su'eif S, Tan WH, Grafe U, Cicuzza D, Delledonne M, Njunjić I, Schilthuizen M. A new, unusually large, *Clavicornaltica* Scherer, 1974 flea beetle from Borneo, described and sequenced in the field by citizen scientists (Coleoptera, Chrysomelidae, Galerucinae). **Biodivers Data J.** 2024 Mar 15;12:e119481. doi: 10.3897/BDJ.12.e119481. eCollection 2024. PMID: 38524899
188. Moreno A, Canziani S, Lelli D, Castelli A, Bianchi A, Bertoletti I, Maccarinelli F, Carlomagno M, Painsi M, Rossato M, Delledonne M, Giacomelli S, Cordedda A, Nicoloso S, Bellinello E, Campagnoli A, Trogu T. Molecular and Serological Detection of Bovine Coronaviruses in Marmots (*Marmota marmota*) in the Alpine Region. **Viruses.** 2024 Apr 11;16(4):591. doi: 10.3390/v16040591. PMID: 38675932
189. Cortinovis G, Vincenzi L, Anderson R, Marturano G, Marsh JJ, Bayer PE, Rocchetti L, Frascarelli G, Lanzavecchia G, Pieri A, Benazzo A, Bellucci E, Di Vittori V, Nanni L, Ferreira Fernández JJ, Rossato M, Aguilar OM, Morrell PL, Rodriguez M, Gioia T, Neumann K, Alvarez Diaz JC, Gratias A, Klopp C, Bitocchi E, Geffroy V, Delledonne M, Edwards D, Papa R. Adaptive gene loss in the common bean pan-genome during range expansion and domestication. **Nat Commun.** 2024 Aug 7;15(1):6698. doi: 10.1038/s41467-024-51032-2. PMID: 39107305
190. Sahraei S, Mahdinezhad N, Emamjomeh A, Kavousi K, Solouki M, Delledonne M. Transcriptomic analysis reveals role of lncRNA LOC100257036 to regulate AGAMOUS during cluster compactness of *Vitis vinifera* cv. sistan yaghooti. **Sci Rep.** 2024 Nov 16;14(1):28331. doi: 10.1038/s41598-024-79890-2. PMID: 39550496
191. Marcolungo L, Bellamoli F, Cecchin M, Lopatriello G, Rossato M, Cosentino E, Rombauts S, Delledonne M, Ballottari M. *Haematococcus lacustris* genome assembly and annotation reveal diploid genetic traits and stress-induced gene expression patterns. **Algal Res.** 2024 Jun;80:103567. doi: 10.1016/j.algal.2024.103567. PMID: 39717182
192. Sahraei S, Mahdinezhad N, Emamjomeh A, Kavousi K, Solouki M, Delledonne M. Differentiation of long Non-Coding RNA expression profiles in three Fruiting stages of grape. **Gene.** 2025 Jan 20;934:149029. doi: 10.1016/j.gene.2024.149029. Epub 2024 Oct 22. PMID: 39447709