

Codice concorso n.4117

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

selezione pubblica per n. 1 posto di Ricercatore a tempo determinato ai sensi dell'art.24, comma 3, lettera b) della Legge 240/2010 per il settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare settore scientifico-disciplinare BIO/11 Biologia Molecolare presso il Dipartimento di Bioscienze , (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 53 del 05/07/19) Codice concorso 4117

Matteo Chiara
CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	CHIARA
NOME	MATTEO
DATA DI NASCITA	01/09/84
NAZIONALITÀ	ITALIANA
CITTADINANZA	ITALIANA
EMAIL	matteo.chiara@unimi.it
POSIZIONE ATTUALE	Ricercatore a tempo determinato, lettera A presso il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano

Istruzione

Ott 1998 – Lug 2003

Titolo Diploma di Maturità
Istituzione Liceo Scientifico V. Capirola (Ghedi)
Voto finale 100/100

Ott 2003 – Ott 2006

Titolo Laurea Triennale in Biotecnologie Industriali e Ambientali
Istituzione Università degli Studi di Milano
Voto finale 110/110 *cum laude*

Ott 2006 – Ott 2008

Titolo Laurea Magistrale in Genomica Funzionale e Bioinformatica
Istituzione Università degli Studi di Milano
Voto finale 110/110 *cum laude*
Tesi *Pipeline bioinformatica di analisi di EST mitochondrial-like per la caratterizzazione del trascrittoma mitocondriale in specie animali modello*

Gen 2009 – Apr 2012

Titolo Dottorato di ricerca in Scienze biologiche e molecolari
Istituzione Università degli Studi di Milano
Tesi *Bioinformatics tools for next generation Genomics*

Esperienze professionali in ambito scientifico

Gen 2009 – Apr 2012

Posizione Dottorando
Istituzione Dipartimento di Scienze Biomolecolari e Biotecnologie. Università degli Studi di Milano
Tutor *Prof. David S. Horner*

- Progetti*
1. Sviluppo di strumenti bioinformatici per l'identificazione di varianti genetiche strutturali (SVs) da dati di risequenziamento Next Generation (NGS) del genoma umano
 2. Assemblaggio, annotazione e analisi di genomica comparata di genomi di organismi eucarioti non modello

Giu 2012 – Apr 2014

Posizione Assegnista di ricerca (post-doc)
Istituzione Dipartimento di Scienze Biomolecolari e Biotecnologie. Università degli Studi di Milano
Tutor Prof. Giulio Pavesi

- Progetti*
1. Sviluppo ed implementazione di algoritmi per l'analisi di dati di NGS con fini applicativi in ambiti di ricerca di genomica comparata e funzionale.
 2. Assemblaggio, annotazione e analisi di espressione differenziale di trascrittomi

Giu 2014 – Mar 2015

Posizione Assegnista di ricerca (post-doc)
Istituzione l'Istituto di Biomembrane e Bioenergetica (IBBE) del CNR di Bari
Tutor Prof. Graziano Pesole

- Progetti*
1. Sviluppo e mantenimento di risorse bioinformatiche per l'assemblaggio e l'annotazione funzionale di genomi procariotici

Mar 2015 – Feb 2017

Posizione Assegnista di ricerca (post-doc)
Istituzione Dipartimento di Bioscienze. Università degli Studi di Milano
Tutor Prof. Giulio Pavesi

- Progetti*
1. Sviluppo di una strategia di genotipizzazione accurata per dati di sequenziamento di esomi
 2. Genotipizzazione degli esomi di pazienti affetti da porfiria eritropoietica, e identificazione di possibili nuove varianti causali
 3. Valutazione e sviluppo di nuovi strumenti per l'identificazione di Copy number variants (CNVs) e traslocazioni utilizzando dati di sequenziamento NGS

Marzo 2017 – ad oggi

Posizione Ricercatore a tempo determinato – lettera A. Settore 05/E2 (BIO11)
Istituzione Dipartimento di Bioscienze. Università degli Studi di Milano

- Ricerca:*
1. Genomica comparata, assemblaggio annotazione e analisi di dati genomici
 2. Sviluppo di algoritmi e strumenti per l'identificazione e la classificazione di varianti genetiche e varianti strutturali associate a condizioni patologiche
 3. Studio delle dinamiche evolutive del genoma umano, tramite analisi di tipo "genome-wide" in diverse popolazioni umane

Attività di ricerca in breve

I miei interessi in ambito scientifico sono focalizzati nello studio dei meccanismi che regolano l'evoluzione del genoma degli organismi, e di conseguenza le tematiche fondanti della mia attività di ricerca sono l'esecuzione di analisi di genomica comparata e lo sviluppo di strumenti e strategie bioinformatiche atte a facilitare questo tipo di analisi.

Ho affrontato queste tematiche sia da un punto di vista generale, applicando i principi della genomica comparata a diversi modelli biologici per studiarne i meccanismi evolutivi, sia da un punto di vista applicato per identificare geni candidati che potessero conferire determinate caratteristiche agli organismi studiati (resistenza ai metalli, capacità di degradare composti aromatici, presenza di circuiti regolatori conservati).

Dal momento che ho svolto il mio dottorato in uno dei primi laboratori in Italia ad avere accesso a questa tipologia di dati, ho avuto modo di seguire l'evoluzione delle tecnologie NGS sin dagli inizi. Nel corso del mio dottorato di ricerca mi sono occupato dello sviluppo di SVM², uno strumento per la predizione di varianti genomiche strutturali. Contestualmente mi sono dedicato all'assemblaggio e all'annotazione di genomi, lavorando sia con dati ottenuti con il tradizionale metodo di Sanger, sia con dati di tipo NGS.

Nella mia esperienza come post-doc ho analizzato dati di trascrittomici, dedicandomi all'assemblaggio e all'annotazione dei trascritti come anche ad analisi di espressione differenziale. D'altro canto la mia attività si è sempre più specializzata sulla genomica comparata. Ho partecipato a progetti di ricerca in cui sono stato responsabile dell'assemblaggio e dell'annotazione di genomi di diversi organismi, e della progettazione e dell'esecuzione di analisi volte a studiare le dinamiche evolutive del genoma di diversi raggruppamenti tassonomici a diversi livelli. Infine ho svolto anche analisi più generali per delineare le dinamiche evolutive di genomi a livello di organismo, specie o popolazione. Ho inoltre contribuito allo sviluppo di workflow, strumenti e servizi web che consentissero di facilitare l'analisi di questa tipologia di dati anche ad utenti non provvisti di particolari abilità computazionali.

Dal 2015 sono responsabile di Unità Operativa in un progetto finanziato dal Ministero della Salute per l'analisi funzionale di dati di risequenziamento mirato, ottenuti da pazienti affetti da porfiria eritropoietica. Nell'ambito di questo progetto ho sviluppato CoVaCS uno strumento per l'analisi di dati di risequenziamento del genoma umano. Ho inoltre sviluppato strategie per la valutazione della qualità dei dati di sequenziamento e metodi originali per l'identificazione di possibili nuove varianti genetiche associate alla condizione patologiche. Grazie anche ai metodi da me sviluppati, in questo studio è stato identificato e descritto per la prima volta un nuovo meccanismo di patogenesi molecolare della porfiria eritropoietica (EPP).

Da marzo 2017 sono ricercatore a tempo determinato (RTD-lettera A) presso l'Università degli studi di Milano. Nell'ultima fase della mia carriera sono dedicato principalmente allo sviluppo di metodi e strumenti per l'analisi e l'assemblaggio di dati genomici, ma anche all'analisi dei dati prodotti con le più moderne tecnologie di sequenziamento "Single Molecule". In particolare, utilizzando questo tipo di dati, ho eseguito l'assemblaggio e l'annotazione del genoma della rondine (*H. rustica*). Data l'elevata qualità dei risultati ottenuti, questo genoma è stato uno dei primi genomi al mondo ad essere nel incluso progetto internazionale Vertebrate Genomes Project, il cui obiettivo è sequenziare nei prossimi anni il genoma di tutte le oltre 66.000 specie di vertebrati viventi. L'esperienza acquisita lavorando con dati di sequenziamento "Single Molecule" mi ha consentito di apprezzare in maniera approfondita le caratteristiche e le potenzialità di questo tipo di dati, ed è sfociata in uno studio in cui ho valutato in maniera approfondita la possibile applicazione di queste tecnologie per la diagnosi dell'espansione di sequenze genomiche ripetute e micro-satelliti associate a malattie neuro-degenerative.

Al momento -e nell'immediato futuro- la mia attività di ricerca è principalmente focalizzata sullo sviluppo di nuovi metodi bioinformatici per lo studio della variabilità genetica della popolazione umana. In questo specifico momento sto lavorando allo sviluppo di nuovi approcci per lo studio delle dinamiche evolutive delle mutazioni non sinonime in diverse popolazioni umane, con lo scopo di valutare e affinare, i metodi bioinformatici per la classificazione funzionale delle mutazioni non sinonime utilizzando principi di genetica di popolazione. Questo studio mi ha permesso di identificare, con un approccio originale, regioni del genoma che sono sottoposte a diverse pressioni selettive in diverse popolazioni umane (un manoscritto che descrive i risultati di queste analisi è attualmente in preparazione). Infine mi sto inoltre dedicando allo sviluppo di un nuovo metodo bioinformatico per l'identificazione di riarrangiamenti strutturali del genoma, fusioni geniche e traslocazioni basato su approcci "alignment free".

Attività didattica e di affiancamento

Attività didattica in corsi di studio di I o II livello

- AA 2018-2019: Docente del corso di Functional Genomics (in lingua Inglese) per il corso di laurea magistrale in Molecular Biotechnology and Bioinformatics.
2 CFU (10 totali)
- AA 2018-2019: Docente del corso Methods in Bioinformatics (in lingua Inglese) per il corso di laurea magistrale in Molecular Biotechnology and Bioinformatics.
3 CFU (6 totali)
- AA 2017-2018: Docente del corso di Functional Genomics (in lingua Inglese) per il corso di laurea magistrale in Molecular Biotechnology and Bioinformatics.
2 CFU (10 totali)
- AA 2017-2018: Docente del corso Methods in Bioinformatics (in lingua Inglese) per il corso di laurea magistrale in Molecular Biotechnology and Bioinformatics.
3 CFU (6 totali)

Trattandosi di un corso di laurea in lingua inglese, tutti gli insegnamenti sono stati erogati in lingua inglese.

Attività didattica in altri corsi (master, perfezionamento, alta formazione):

Corsi formazione per dottorandi erogati nell'ambito della scuola di dottorato in "Biologia Molecolare e Cellulare" dell'Università degli studi di Milano

- Integration and representation of multi-omics data. Jul 2018. Dottorato di Ricerca in Biologia Molecolare e Cellulare .
1.5 CFU (3 totali)
- Methods for the Analysis of RNA-Seq Data. Jul 2018. Dottorato di Ricerca in Biologia Molecolare e Cellulare .
1.5 CFU (3 totali)

Attività didattiche integrative svolte ai sensi dell'articolo 45 del Regolamento Generale di Ateneo di Unimi (<https://www.unimi.it/it/ateneo/normative/regolamenti/regolamento-generale-dateneo>)

- AA 2015-2016: Laboratorio Didattico Interdisciplinare (LID) per studenti del CdL in Biotecnologie Industriali e Ambientali.
4 CFU
- AA 2009-2010: Corso di "Biologia Molecolare e Bioinformatica" per studenti del CdL in Scienze Biologiche. Università degli Studi di Milano Dipartimento di Scienze Biomolecolari e Biotecnologie.
2 CFU
- AA 2009-2010: Corso di "Abilità Informatiche" per studenti del CdL in Chimica e Tecnologie Farmaceutiche. Università degli Studi di Milano Dipartimento di Farmacia.
2 CFU
- AA 2008-2009: Corso di "Abilità Informatiche" per studenti del CdL in Chimica e Tecnologie Farmaceutiche. Università degli Studi di Milano Dipartimento di Farmacia
2 CFU

Attività come relatore o correlatore di tesi di Laurea

- Relatore per progetto di tesi magistrale del CdL Magistrale in "Molecular Biotechnology and Bioinformatics" di 2 Studenti: Laura Di Rito e Andrea Congedo

- Relatore interno il progetto di tesi magistrale, con tirocinio svolto presso ente esterno, del CdL Magistrale in “Molecular Biotechnology and Bioinformatics” di 2 Studenti: Antonio Luigi Lamparelli e Giulia Passignani
- Correllatore per progetto di tesi magistrale del CdL Magistrale in “Molecular Biology of the Cell” di 3 studenti: Emanuele Bonetti, Kaustubh Jadhav, Davide Fisichella
- Correllatore per progetto di tesi magistrale del CdL Magistrale in “Molecular Biotechnology and Bioinformatics” di 3 studenti: Alice Minotto, Gaia Zaffaroni, Fabio Zanarello.

Finanziamenti e coordinamento di attività di ricerca

- Capo di Unità Operativa (UO) del progetto GR-2011-02347129 “Next-generation sequencing to study the penetrance of dominantly inherited porphyrias”, finanziato dal Ministero della salute nell'ambito del progetto Young Researcher (under 40 years)/Giovani Ricercatori 2011.
Finanziamento: 450.000 euro di cui 55.000 alla mia UO
- Responsabile per il nodo italiano del Progetto: "Maintaining momentum on the ELIXIR Beacon project - lighting Beacons in further ELIXIR Nodes and developing a distribution package for the Data Nodes Network". Finanziato dal programma “ELIXIR implementation-studies” (<https://elixir-europe.org/about-us/implementation-studies>) con 35000€
- Responsabile per il nodo italiano del Progetto: "Beacon & Beacon Network As A Service". Finanziato dal programma “ELIXIR implementation-studies” (<https://elixir-europe.org/about-us/implementation-studies>) con 25000€

Riconoscimenti

Abilitazione Scientifica Nazionale a professore di II fascia per il settore scientifico disciplinare 05/E2 (BIO11) Biologia Molecolare. Valida dal 1/08/2018 al 1/08/2024

Attività istituzionali ed incarichi

- Da settembre 2017 local technical coordinator del nodo ELIXIR dell'Università degli Studi di Milano. ELIXIR è la più grande infrastruttura Europea di Bioinformatica (<https://elixir-europe.org/>).
- Da settembre 2017, vice-coordinatore delle piattaforme 1) “Human-Data” e 2) “Interoperability” del nodo Italiano di ELIXIR (<https://elixir-europe.org/>)
- Dal 1 aprile 2017 membro del collegio docenti della scuola di dottorato in "Biologia Molecolare e Cellulare". Anno accademico di inizio: 2017/2018 - Ciclo: 33. Ateneo proponente: Università degli Studi di MILANO.
- Da maggio 2017 Responsabile per l'orientamento in entrata (organizzazione Open Day) per i corsi di laurea in Biotecnologia (triennale) e Molecular Biotechnology and Bioinformatics (magistrale) del Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli studi di Milano
- Da maggio 2018 Responsabile per l'orientamento in entrata (organizzazione Open Day) per il corso di laurea Bioinformatics for Computational Genomics. Corso erogato in maniera congiunta dal Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli studi di Milano e dal Politecnico di Milano
- Da marzo 2018 Rappresentante dei ricercatori del Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano nella Commissione Scientifica e nella Giunta di Dipartimento
- dal AA 2018-2019 Docente di riferimento del corso di laurea in Molecular Biotechnology and Bioinformatics, del Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano

Pubblicazioni su riviste scientifiche internazionali

Sono autore di 28 pubblicazioni in riviste scientifiche internazionali e di un lavoro già accettato ma non pubblicato (si veda allegato 1 e 2) nella rivista *Briefings in Bioinformatics*.

L'elenco completo delle mie pubblicazioni può essere consultato sul mio profilo Google Scholar (<https://scholar.google.it/citations?user=DK0cERUAAAAJ&hl=it&authuser=1>).

Attualmente il mio H-index è 11 (i10 index 14). Il numero totale di citazioni è 505 . Il valore medio di citazioni per pubblicazione è 18.03.

Secondo la banca dati Scopus, il numero totale di citazioni delle mie pubblicazioni è 369, mentre il mio H-index è 11. Il valore medio di citazioni per pubblicazione è 13.17.

Tutti i valori sono superiori alle mediane per l'abilitazione scientifica nazionale a professore di II fascia nel mio settore scientifico disciplinare.

L'impact factor totale dei miei lavori è di 138.935. Il valore di IF medio per pubblicazione è 5.145

Elenco delle pubblicazioni, in ordine cronologico, dalla più recente:

2019

1) Chiara M, Zambelli F, Picardi E, Horner DS, Pesole G. Critical assessment of bioinformatics methods for the characterization of pathological repeat expansions from Single Molecule Sequencing data (2019).

Accepted for publication in *Briefings in Bioinformatics*.

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 9.101. Cited by: Scopus 0; Scholar 0;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Review

2) Chiara M, Primon I, Tarantini L, Agnelli L, Brancaleoni V, Granata F, Bollati V, Di Pierro E. (2019) Targeted resequencing of FECH locus reveals that a novel deep intronic pathogenic variant and eQTLs may cause erythropoietic protoporphyria (EPP) through a methylation-dependent mechanism.

Genet Med. doi: 10.1038/s41436-019-0584-0. [Epub ahead of print]

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 9.937. Cited by: Scopus 0; Scholar 0;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

3) Formenti* G, **Chiara* M**, Poveda L, Francoijs K-J, Bonisoli-Alquati A, Canova L, Gianfranceschi L, Horner DS, Saino N. (2019). SMRT long reads and direct label and stain optical maps allow the generation of a high-quality genome assembly for the european barn swallow (*Hirundo rustica rustica*).

GigaScience, vol 8, Issue 1. ISSN: 2047217X 10.1093/gigascience/giy142.

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 7.267. Cited by: Scopus 0; Scholar 1;

*equal contribution

Role: Co-Primo Autore. Tipo: Research article

2018

4) Oliva M, Monno R, D'Addabbo P, Pesole G, Dionisi AM, Scarscia M, **Chiara M**, Horner DS, Manzari C, Pazzani C (2018). IS26 mediated antimicrobial resistance gene shuffling from the chromosome to a mosaic conjugative FII .

Plasmid, vol. 100, p. 22-30, ISSN: 0147-619X, doi: 10.1016/j.plasmid.2018.10.001

Metrics: quartile: Q3 Impact Factor: 2.228 Cited by: Scopus 0; Scholar 0;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

5) Annese A, Manzari C, Lionetti C, Picardi E, Horner DS, **Chiara M**, Caratozzolo MF, Tullo A, Fosso B, Pesole G, D'Erchia AM. (2018). Whole transcriptome profiling of Late-Onset Alzheimer's Disease patients provides insights into the molecular changes involved in the disease.

Scientific Reports, vol. 8, ISSN: 2045-2322, doi: 10.1038/s41598-018-22701-2

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 4.122 Cited by: Scopus 7; Scholar 10;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

6) **Chiara M**, Gioiosa S, Chillemi G, D'Antonio M, Flati T, Picardi E, Zambelli F, Horner DS, Pesole G, Castrignanò T. (2018). CoVaCS: A consensus variant calling system.

BMC Genomics, vol. 19, 120, ISSN: 1471-2164, doi: 10.1186/s12864-018-4508-1

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 3.73 Cited by: Scopus 2; Scholar 6;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

7) **Chiara M**, Placido A, Picardi E, Ceci LR, Horner DS, Pesole G. (2018). A-GAME: Improving the assembly of pooled functional metagenomics sequence data.

BMC Genomics, vol. 19, 44, ISSN: 1471-2164, doi: 10.1186/s12864-017-4369-z

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 3.73 Cited by: Scopus 1; Scholar 1;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

8) Marzano F, Faienza MF, Caratozzolo MF, Brunetti G, **Chiara M**, Horner DS, Annese A, D'Erchia AM, Consiglio A, Pesole G, Sbisà E, Inzaghi E, Cianfarani S, Tullo A. (2018). Pilot study on circulating miRNA signature in children with obesity born small for gestational age and appropriate for gestational age.

Pediatr Obes. 13(12):803-811. doi: 10.1111/ijpo.12439.

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 3.98 Cited by: Scopus 1; Scholar 1;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

9) Lavecchia, A, **Chiara, M**, Manzari, C, Trotta, M, Marzano, M, Horner, D, Placido, A (2018). Draft Genome Sequences of Three Novel *Staphylococcus arlettae* Strains Isolated from a Disused Biological Safety Cabinet.

Microbiol Resour Announc, 7(13), e01012-18. doi:10.1128/MRA.01012-18

Metrics: No Impact Factor. Cited by: Scopus 0; Scholar 0;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

2017

10) D'Erchia AM, Gallo A, Manzari C, Raho S, Horner DS, **Chiara M**, Valletti A, Aiello I, Mastropasqua F, Ciaccia L, Locatelli F, Pisani F, Nicchia GP, Svelto M, Pesole G, Picardi E (2017). Massive transcriptome sequencing of human spinal cord tissues provides new insights into motor neuron degeneration in ALS.

Scientific Reports, vol. 7, p. 1-20, ISSN: 2045-2322, doi: 10.1038/s41598-017-10488-7

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 4.122 Cited by: Scopus 12; Scholar 16;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

11) Chiara M, Pavesi G (2017). Evaluation of quality assessment protocols for high throughput genome resequencing data.

Frontiers in Genetics, vol. 8, p. 1-12, ISSN: 1664-8021, doi: 10.3389/fgene.2017.00094

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 4.151 Cited by: Scopus 1; Scholar 4;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Review

12) Forleo C, D'Erchia AM, Sorrentino S, Manzari C, **Chiara M**, Iacoviello M, Guaricci AI, De Santis D, Musci RL, La Spada A, Marangelli V, Pesole G, Favale S (2017). Targeted next-generation sequencing detects novel gene-phenotype associations and expands the mutational spectrum in cardiomyopathies.

PLOS ONE, vol. 12, e0181842, ISSN: 1932-6203, doi: 10.1371/journal.pone.0181842

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 2.776. Cited by: Scopus 4; Scholar 5;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

13) Volpicella M, Leoni C, Manzari C, **Chiara M**, Picardi E, Piancone E, Italiano F, D'Erchia AM, Trotta M, Horner DS, Pesole G, Ceci LR (2017). Transcriptomic analysis of nickel exposure in *Sphingobium* sp. ba1 cells using RNA-seq.

Scientific Reports, vol. 7, p. 1-10, ISSN: 2045-2322, doi: 10.1038/s41598-017-08934-7

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 4.122 Cited by: Scopus 2; Scholar 2;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

14) Gnesutta N, Kumimoto RW, Swain S, **Chiara M**, Siriwardana C, Horner DS, Holt BF, Mantovani R (2017). CONSTANS imparts DNA sequence specificity to the histone fold NF-YB/NF-YC dimer.

Plant Cell, vol. 29, p. 1516-1532, ISSN: 1040-4651, doi: 10.1105/tpc.16.00864

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 8.228 Cited by: Scopus 22; Scholar 26;

Ruolo: Autore Tipo: Research article

15) F. Conte, G. Fiscon, M. Chiara, T. Colombo, L. Farina, P. Paci. (2017). Role of the long non-coding RNA PVT1 in the dysregulation of the ceRNA-ceRNA network in human breast cancer.

PLOS ONE, vol. 12, e0171661, ISSN: 1932-6203, doi: 10.1371/journal.pone.0171661

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 2.706 Cited by: Scopus 34 ; Scholar 36;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

16) M. Oliva, R. Monno, P. D'Addabbo, G. Pesole, A.M. Dionisi, M. Scrascia, M. Chiara, DS. Horner, C. Manzari, I. Luzzi, C. Calia, AM. D'Erchia, C. Pazzani (2017). A novel group of IncQ1 plasmids conferring multidrug resistance.

Plasmid, vol. 89, p. 22-26, ISSN: 0147-619X, doi: 10.1016/j.plasmid.2016.11.005

Metrics: quartile: Q3 Impact Factor: 2.228 Cited by: Scopus 8; Scholar 11;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

17) Chiara M, Manzari C, Lionetti C, Mechelli R, Anastasiadou E, Buscarinu MC, Ristori G, Salvetti G, Picardi E, D'Erchia AM, Pesole G, Horner DS (2016). Geographic Population Structure in Epstein-Barr Virus Revealed by Comparative Genomics.

Genome Biology and Evolution, vol. 8, p. 3284-3291, ISSN: 1759-6653, doi: 10.1093/gbe/evw226

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 3.940 Cited by: Scopus 8; Scholar 11;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

18) D'Argenio V, Casaburi G, Precone V, Pagliuca C, Colicchio R, Sarnataro D, Discepolo V, Kim SM, Russo I, Del Vecchio Blanco G, Horner DS, **Chiara M**, Pesole G, Salvatore P, Monteleone G, Ciacci C, Caporaso GJ, Jabri B, Salvatore F, Sacchetti L (2016). Metagenomics reveals dysbiosis and a potentially pathogenic *N. flavescens* strain in duodenum of adult celiac patients.

American Journal Of Gastroenterology, vol. 111, p. 879-890, ISSN: 0002-9270, doi: 10.1038/ajg.2016.95

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 10.383 Cited by: Scopus 37; Scholar 52;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

19) D'Argenio V, Casaburi G, Precone V, Pagliuca C, Colicchio R, Sarnataro D, Discepolo V, Kim SM, Russo I, Del Vecchio Blanco G, Horner DS, **Chiara M**, Pesole G, Salvatore P, Monteleone G, Ciacci C, Caporaso GJ, Jabri B, Salvatore F, Sacchetti L (2016). No change in the mucosal gut microbiome is associated with celiac disease-specific microbiome alteration in adult patients.

American Journal Of Gastroenterology, vol. 111, p. 1659-1661, ISSN: 0002-9270, doi: 10.1038/ajg.2016.227 (IF 10.383)

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 10.383 Cited by: Scopus 7; Scholar 9;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

2015

20) D'Erchia AM, Atlante A, Gadaleta G, Pavesi G, **Chiara M**, De Virgilio C, Manzari C, Mastropasqua F, Prazzoli GM, Picardi E, Gissi C, Horner DS, Reyes A, Sbisà E, Tullo A, Pesole G (2015). Tissue-specific mtDNA abundance from exome data and its correlation with mitochondrial transcription, mass and respiratory activity.

Mitochondrion, vol. 20, p. 13-21, ISSN: 1567-7249, doi: 10.1016/j.mito.2014.10.005

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 3.704 Cited by: Scopus 34; Scholar 57;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

21) Fanelli F, **Chiara M**, Liuzzi VC, Haidukowski M, Tristezza M, Manzari C, D'Erchia AM, Pesole G, Horner DS, Mule G (2015). Draft genome sequence of *acinetobacter* sp. neg1 capable of degrading ochratoxin A.

FEMS Microbiology Letters, vol. 362, p. 1-4, ISSN: 0378-1097, doi: 10.1093/femsle/fnv004

Metrics: quartile: Q3 Impact Factor: IF 1.994 Cited by: Scopus 4; Scholar 4;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

22) Chiara M, Fanelli F, Mulè G, Logrieco AF, Pesole G, Leslie JF, Horner DS, Toomajian C (2015). Genome Sequencing of Multiple Isolates Highlights Subtelomeric Genomic Diversity within *Fusarium fujikuroi*.

Genome Biology and Evolution, vol. 7, p. 3062-3069, ISSN: 1759-6653, doi: 10.1093/gbe/evv198

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 3.940 Cited by: Scopus 23; Scholar 28;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

23) Chiara M, Caruso M, D'Erchia AM, Manzari C, Fraccalvieri R, Goffredo E, Latorre L, Miccolupo A, Padalino I, Santagada G, Chiocco G, Pesole G, Horner DS, Parisi A (2015). Comparative Genomics of *Listeria Ssensu Lato*: Genus-Wide Differences in Evolutionary Dynamics and the Progressive Gain of Complex, Potentially Pathogenicity-Related Traits through Lateral Gene Transfer.

Genome Biology and Evolution, vol. 7, p. 2154-2172, ISSN: 1759-6653, doi: 10.1093/gbe/evv131

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: IF 3.940 Cited by: Scopus 13; Scholar 19;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

2014

24) Manzari C, **Chiara M**, Costanza A, Leoni C, Volpicella M, Picardi E, D'Erchia AM, Placido A, Trotta M, Horner DS, Pesole G, Ceci LR (2014). Draft genome sequence of *Sphingobium* sp. strain ba1, resistant to kanamycin and nickel ions.

FEMS Microbiology Letters, vol. 361, p. 8-9, ISSN: 0378-1097, doi: 10.1111/1574-6968.12618

Metrics: quartile: Q3 Impact Factor: IF 1.994 Cited by: Scopus 4; Scholar 5;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

25) Chiara M, D'Erchia AM, Manzari C, Minotto A, Montagna C, Addante N, Santagada G, Latorre L, Pesole G, Horner DS, Parisi A (2014). Draft genome sequences of six *Listeria monocytogenes* strains isolated from dairy products from a processing plant in Southern Italy.

Genome Announcements, vol. 2, p. 1, ISSN: 2169-8287, doi: 10.1128/genomeA.00282-14

Metrics: quartile: Q3 No Impact Factor Cited by: Scopus 8; Scholar 9;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

26) Mantegazza O*, Gregis V*, **Chiara M***, Selva C, Leo G, Horner DS, Kater M (2014). Gene coexpression patterns during early development of the native *Arabidopsis* reproductive meristem : novel candidate developmental regulators and patterns of functional redundancy.

Plant Journal, vol. 79, p. 861-877, ISSN: 0960-7412, doi: 10.1111/tpj.12585

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 5.972 Cited by: Scopus 18; Scholar 25;

Role: Co-Primo Autore. Tipo: Research article

2013

27) Chiara M, Horner DS, Spada A (2013). De Novo Assembly of the Transcriptome of the Non-Model Plant *Streptocarpus rexii* Employing a Novel Heuristic to Recover Locus-Specific Transcript Clusters.

PLOS ONE, vol. 8, e80961, ISSN: 1932-6203, doi: 10.1371/journal.pone.0080961

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 2.776 Cited by: Scopus 13; Scholar 17;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

2012

28) Chiara M, Pesole G, Horner DS (2012). SVM2 : an improved paired-end-based tool for the detection of small genomic structural variations using high-throughput single-genome resequencing data.

Nucleic Acids Research, vol. 40, p. e145.1-e145.11, ISSN: 0305-1048, doi: 10.1093/nar/gks606

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 8.278. Cited by: Scopus 12; Scholar 26;

Ruolo: Primo Autore. Tipo: Research article

2010

29) Picardi E, Horner DS, **Chiara M**, Schiavon R, Valle G, Pesole G (2010). Large-scale detection and analysis of RNA editing in grape mtDNA by RNA deep-sequencing.

Nucleic Acids Research vol. 38, p. 4755-4767, ISSN: 0305-1048, doi: 10.1093/nar/gkq202

Metrics: quartile: Q1 Impact Factor: 8.278 Cited by: Scopus 94; Scholar 122;

Ruolo: Autore. Tipo: Research article

Presentazioni orali, tenute su invito a convegni e workshop di carattere scientifico

1. Selected talk at SIBBM (Italian Society of Molecular Biology and Biophysics).
Bologna 11/06-13/06 2019. **(C)**
Titolo dell'intervento: "Comparative assessment of the sequencing biases of SMRT and ONT sequencing technologies".
2. Frontiers in DNA sequencing. Università degli Studi di Milano. 28-06-2018. **(C)**
Titolo dell'intervento: Working with Third Generation NGS data: The genome of the barn swallow.
3. 18th International Fusarium Laboratory Workshop (IFLW). Università degli Studi di Bari dal 17-07--2018 al 22-07-2018. **(C)**
Titolo dell'intervento: Using Galaxy for the identification and annotation of orthologous sequences.
4. RNA-Seq data analysis 2017. Elixir training course. Università degli Studi di Milano, dal 18-07-2017 al 20-07-2017. **(W)**.
Titolo dell'intervento: "Introduction to RNAseq, data quality control and preprocessing"
5. Workshop + Summer School in Advanced Computational Metagenomics. Università degli Studi di Bari, dal 19-06-2017 al 23-06-2017. **(W+C)**
Titolo dell'intervento: Automatic functional annotation of metabarcoding and shotgun metagenomic data by using Galaxy.
6. Exome analysis with GALAXY. Elixir training course. Università di Milano Bicocca, dal 18-09-2016 al 20-09-2016. **(W)**.
Titolo dell'intervento: "Building Galaxy Workflows for variant calling and annotation".

7. Next challenges in nucleic acid sequencing workshop. Napoli. Stazione Zoologica Anton Dohrn di Napoli Villa Comunale, dal 13-07-2016 al 14-07-2016. **(C)**
Titolo dell'intervento: "From Next Generation Sequencing (NGS) to : assembly and annotation of microbial genomes".
8. EPIGEN workshop: DATA ON THE BEACH. Rimini, dal 05-05-2016 al 06-05-2016 **(C)**
Titolo dell'intervento: "With big data comes great responsibility ... when things go wrong (and you're not Spiderman)"
9. EPIGEN Advanced ChIP-Seq Workshop. Università degli Studi di Milano dal 18-11-2015 al 19-11-2015. **(W)**
Titolo dell'intervento "A gentle introduction to the Galaxy environment"
10. EPIGEN Advanced ChIP-Seq Workshop. Università degli Studi di Milano dal 18-11-2013 al 19-11-2013. **(W)**
Titolo dell'intervento "A gentle introduction to the Galaxy environment"
11. Mycored 2013. Bari, dal 27-05-2013 al 31-05-2013. ISPA (Istituto delle Scienze delle Produzioni Alimentari). CNR **(C)**
Titolo dell'intervento: From "NGS to mycotoxins: assembly and annotation of fungal genomes."
12. GDRE Comparative Genomics. Lione 24-11-2011 al 25-11-2011 Bibliothèque de l'INSA. **(C)**
Titolo dell'intervento: "Improved detection of structural variations using Support Vector Machines".
13. 6° European Workshop Genomics for research and molecular diagnostic. Lodi, 13-10-2011 al 13-10-2011, Parco Tecnologico Padano. **(C)**
Titolo intervento: Characterizing Structural Variation in Genomes (from humans to crops).

Organizzazione di convegni e workshop di carattere scientifico

- "Sharing Human Genetic Data for Biomedical Research: Technical, Legal and Ethical Considerations". Milan 22 February 2019

Atti di congressi pubblicati su riviste con impact factor

1. Integrated high-throughput mirnomics and lipidomics allow a detailed dissection of mirna to molecular lipid levels correlations in wild-type, PCSK9 and LDLR knockout mice
Manzini S, Busnelli M, Hilvo M, Chiara M, Parolini C, Deller F, Ganzetti G, Horner DS, Laaksonen R, Chiesa H
Atherosclerosis IMPACT FACTOR 3.942
EAS (European Atherosclerosis Society) Annual meeting 2017
2. IvaCS an Integrated Variant Calling System.
Chiara M, Chillemi G, D'Antonio M, D'Onorio De Meo P, Flati T, Gioiosa S, Picardi E, Pesole G, Castrignanò T.
Peer J IMPACT FACTOR 2.1
BITS (bioinformatics italian society) Annual meeting, 2016
3. Sympathetic neurotransmission during atherosclerosis development: An unrecognized target of dyslipidemia?
Chiesa G, Manzini S, Horner DS, Chiara M, Ganzetti S, Deller F, Parolini C, Busnelli M
Atherosclerosis IMPACT FACTOR 3.942
EAS (European Atherosclerosis Society) Annual meeting 2015
4. Gene-expression profiling of lymph nodes reveals that apoa-i deficiency in apoe-ko mice induces a dramatic activation of the immune response
Parolini C, Manzini S, Busnelli M, Chiara M, Deller F, Ganzetti GS, Sirtori CR, Horner DS, Chiesa G
Atherosclerosis IMPACT FACTOR 3.942
EAS (European Atherosclerosis Society) Annual meeting 2014
5. High-depth genome coverage of an unusual *Gibberella fujikuroi* species complex isolate that is cross-fertile with multiple species.
Toomajian C, Chiara M, Strouts W, Horner DS, Logrieco A, Pesole G, Leslie JF, Stack J.
Phytopathology IMPACT FACTOR 0.97
APS (American Phytopatology Society) Annual meeting 2012

Poster presentati a convegni nazionali e internazionali

- London Calling 2019. Old Billingsgate, London 2019. Comparative assessment of the sequencing biases of SMRT and ONT sequencing technologies. Chiara M, Zambelli F, Pavesi G, Horner DS, Fosso B, Picardi E, Pesole G
- International Conference Erythropoiesis Control and Ineffective Erythropoiesis. Budapest 2019. Pseudoxon activation due to a deep intronic mutation in the FECH gene causes erythropoietic protoporphyria (EPP) through a methylation-dependent mechanism. Di Pierro E, Chiara M, Primon I, Tarantini L, Angelli V, Brancaleoni V, Granta F, Bollati V, Cappellini MD
- GCC (Galaxy Community Conference) 2019. Friburgo 2019. Laniakea: A Galaxy-on-demand Provider Platform Through Cloud Technologies. Tangaro MA, Donvito G, Antonacci M, Chiara M, Mandreoli P, Pesole G, Zambelli F
- Bits Sixteenth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Palermo 2019 Laniakea@ReCaS: an ELIXIR-IT Galaxy on-demand cloud service. Tangaro MA, Donvito G, Antonacci M, Chiara M, Mandreoli P, Pesole G, Zambelli F
- G10K meeting 2018. Rockefeller University 2018. SMRT long-read sequencing and Direct Label and Stain optical maps allow the generation of a high-quality genome assembly for the European barn swallow (*Hirundo rustica rustica*). Formenti G, Chiara M, Francois KJ, Bonisoli-Alquati A, Canova L, Gianfranceschi L, Horner DS, Saino N
- SMRT Leiden 2018. Leiden 2018. A novel barn swallow draft genome assembly based on SMRT long-reads and DLS optical mapping. Formenti G, Chiara M, Francois KJ, Bonisoli-Alquati A, Canova L, Gianfranceschi L, Horner DS, Saino N
- Plant and Animal Genome XXVI Conference. San Diego 2018. SMRT long-reads and DLS optical maps allow whole-genome comparative studies at the chromosome scale: the case of the European barn swallow. Formenti G, Chiara M, Francois KJ, Bonisoli-Alquati A, Canova L, Gianfranceschi L, Horner DS, Saino N, Jarvis ED
- International Congress on Porphyrins and Porphyrins Bordeaux 2017. Targeted re-sequencing of FECH gene shows that a single haplotype is linked to hypomorphic allele. Chiara M, Brancaleoni V, Agnelli L, Fiorentino V, Granta F, Graziadei G, Di Pierro E.
- Congresso nazionale SITE Società Italiana Talassemie ed Emoglobinopatie). Napoli 2017. Targeted re-sequencing of FECH gene shows that a single haplotype is linked to hypomorphic allele. Chiara M, Brancaleoni V, Agnelli L, Fiorentino V, Granta F, Graziadei G, Di Pierro E

- Gordon Conference: Human Single Nucleotide Polymorphisms & Disease. Mount Holyoke College in South Hadley MA US 2016. IVACS: an integrated variant callings system. Chiara M, Castrignanò T, D'antonio M, Chillemi G, Pesole G.
- XXV AINI Congress 2016. Lecce. Genomic variants of Epstein Barr virus and multiple sclerosis. Mechelli R, Manzari C, Chiara M, Picardi E, Anastasiadou E, Bigi R, Buscarinu MC, D'Erchia AM, Horner DS, Pesole G, Ristori G, Salvetti M.
- EFS13. 13th European Fusarium seminar. Martina Franca 2015. Genome sequencing of multiple isolates highlights sub-telomeric genomic diversity within Fusarium fujikuroi. Fanelli F, Chiara M, Toomajian C, Pesole G, Logrieco AF, Leslie JF, Mulè G, Horner DS
- ISA 2015 - 17th international symposium on atherosclerosis, Amsterdam. Genome wide identification of microRNA involved in the regulation of cholesterol metabolism and atherosclerosis development. Manzini S, Busnelli M, Chiara M, Parolini C, Dellera F, Ganzetti S, Horner DS, Chiesa G
- Bits Twelfth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Milano 2015. Whole transcriptome analysis provides new insights in Alzheimer's disease. Annese A, Chiara M, Picardi E, Aiello I, Valletti S, Horner DS, Pesole G, D'Erchia AM.
- Bits Twelfth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Milano 2015. A computational pipeline for the analysis of hts data from functionally screened large insert edna libraries. Chiara M, Placido A, Ceci LR, Picardi E, Horner DS, Pesole G.
- Extremophiles 2014 - 10th International conference on Extremophiles, Saint Petersburg 2014. Genomics and Transcriptomics of a Novel Sphingobium Species Growing at High Concentrations of Ni Ions. Volpicella M, Leoni C, Manzari C, Chiara M, Mininni M, Costanza A, Picardi E, Placido A, D'Erchia AM, Trotta M, Horner DS, Pesole G, Ceci LR
- 39th FEBS Congress. Capri 2014. Detection of miRNAs associated with Alzheimer's disease in brain tissue using next generation sequencing. Annese A, Manzari C, Chiara M, Zaffaroni G, Picardi E, Aiello I, Valletti S, Horner DS, D'Erchia AM
- SIBBM 2014 meeting. Trento 2014. miRNA profiling in Alzheimer's disease with Next Generation Sequencing. Annese A, Manzari C, Chiara M, Zaffaroni G, Picardi E, D'Erchia AM, Horner DS, Pesole G
- Bits Eleventh Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Roma 2014. miRNA profiling in Alzheimer's disease with Next Generation Sequencing. Annese A, Manzari C, Chiara M, Zaffaroni G, Picardi E, D'Erchia AM, Horner DS, Pesole G

- EAS2013, 81st EAS (European Atherosclerosis Society) meeting. Lyon. Genome wide expression profiling highlights the role played by complement system and wnt pathway during early stage atherosclerosis in APOE-KO mice. Busnelli M, Manzini S, Chiara M, Parolini C, Ganzetti S, Sirtori CR, Horner DS, Chiesa G.
- EAS2013, 81st EAS (European Atherosclerosis Society) meeting. Lyon. Whole transcriptome sequencing of APOE-KO mouse aorta reveals differentially expressed genes in advanced atherosclerosis. Manzini S, Chiara M, Busnelli M, Parolini C, Ganzetti S, Sirtori CR, Horner DS, Chiesa G
- Bits Tenth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Udine 2013. De novo assembly of the transcriptome of the non-model plant *Streptocarpus rexii*: A publicly available data resource for the study of developmental plasticity in the Gesneriaceae. Chiara M, Horner DS, Spada A.
- Bits Eight Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society. Pisa 2011. Accurate Detection of Genomic Structural Variations Using High Throughput Resequencing Data. Chiara M and Horner DS
- Bits Seventh Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Bari 2010. Large-scale detection and analysis of RNA editing in grape mtDNA by RNA deep-sequencing. Picardi E, Horner DS, Chiara M, Schiavon R, Valle G, Pesole G.
- Bits Seventh Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Bari 2010. Towards a novel method for small indels detection using Illumina/Solexa data. Chiara M and Horner DS
- Bits Sixth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Genova 2009 Detection of alternative splicing in *Vitis vinifera* and validation by short sequencing reads. Picardi E, Horner D, Chiara M, Pesole G

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

Il sottoscritto dichiara di essere consapevole che nel rispetto delle regole di trasparenza previste dalla legge e come stabilito dal bando di concorso, i curricula di tutti candidati saranno pubblicati sul sito Web dell'Università degli Studi di Milano www.unimi.it/valcomp.

Data

30/07/2019

Luogo

Milano

Allegato 1: Lettera accettazione del paper: *“Critical assessment of bioinformatics methods for the characterization of pathological repeat expansions from Single Molecule Sequencing data (2019).”*

Decision Letter (BIB-19-0162.R1)

From: briefings@oup.com
To: graziano.pesole@uniba.it
CC:
Subject: Briefings in Bioinformatics - Decision on BIB-19-0162.R1
Body: 09-Jul-2019

Dear Professor Pesole,

I am pleased to inform you that your manuscript entitled 'Critical assessment of bioinformatics methods for the characterization of pathological repeat expansions from Single Molecule Sequencing data' (BIB-19-0162.R1) has been accepted for publication in Briefings in Bioinformatics. BiB will be published online-only from 2018. You will be able to access published articles and content via the Oxford Academic platform at <https://academic.oup.com/bib>. When your article is published you will be sent a toll-free link to enable easy access to your article online. All print editions will be discontinued.

Please note reviewer comment: "The only minor remark I have is about figure 1

At page 24 line 41 "Although some limited perturbations were observed (Figure 1A and 1B);". Panel A and B are not present anymore in fig1, so this is probably a legacy of the previous version to be fixed. Same thing for page 25 line 2, where panel C and D are mentioned."

In order to publish your article, Oxford University Press requires that you complete a licence agreement online. A link to the online licensing system, and instructions on how to select and complete a licence, will be provided to you by the Production Editor at Oxford University Press in due course. Please ensure that you do this at your earliest convenience in order to avoid unnecessary delays in the publication of your manuscript. You will receive your official acceptance date from Oxford University Press once you have signed your licence to publish. (N.B. If you are a UK-based author and are looking to comply with the HEFCE policy on open access in the Research Excellence Framework, you should use the official acceptance date when depositing in your repository).

OPTIONAL OPEN ACCESS – Briefings in Bioinformatics authors can opt, at an additional charge, to make their paper freely available online to all immediately upon publication, as part of the Oxford Open initiative. You will soon receive a "Welcome" email from the Production office, containing a link to fill in your author licence form online. That form allows you to choose to be published under an Open Access model and agree to pay the relevant additional charge. You can then proceed through that site to our Author Services site. This will enable you to pay online with a credit/debit card, or request an invoice by email or post. Applicable Open Access charges can be found at <http://www.oxfordjournals.org/oxfordopen/charges.html>. If you do not select the Open Access option, your paper will be published in the journal with standard subscription-based access and you will not be charged.

We should like to thank you for submitting your fine paper, and we hope to receive further manuscripts from you again in the future.

With best wishes,

Ali Bentley
On behalf of Prof. Martin Bishop,
Editor-in-Chief of Briefings in Bioinformatics

Date Sent: 09-Jul-2019

Allegato 2: Screenshot accettazione del paper: *“Critical assessment of bioinformatics methods for the characterization of pathological repeat expansions from Single Molecule Sequencing data (2019).”*

ScholarOne Manuscripts™ Matteo Chiara ▾ Instructions & Forms Help Log Out

OXFORD
UNIVERSITY PRESS

Briefings in Bioinformatics

Home Author Review

Author Dashboard

Author Dashboard

4 Manuscripts I Have Co-Authored >

[Start New Submission](#) >

5 Most Recent E-mails >

Manuscripts I Have Co-Authored

STATUS	ID	TITLE	CREATED	SUBMITTED
ADM: Bentley, Alison ADM: Adriano, Rein	BIB-19-0162.R1	Critical assessment of bioinformatics methods for the characterization of pathological repeat expansions from Single Molecule Sequencing data	22-Jun-2019	22-Jun-2019
• Accept (09-Jul-2019)				
View Submission				
Submitting Author: Pesole, Graziano				