

NUNZIO D'AGOSTINO

-----curriculum vitae-----

Nunzio D'Agostino . Nel 2002 ha conseguito, presso l'Università degli Studi di Siena, la laurea in Scienze Biologiche indirizzo Biomolecolare con voto 110/110 e lode. Nel 2003 ha conseguito il titolo di Master di secondo livello in Bioinformatica presso l'Università degli Studi del Sannio. Nel 2008 ha conseguito, presso l'Università degli Studi di Napoli Federico II, il dottorato di ricerca in "Agrobiologia ed Agrochimica: miglioramento genetico ed orticoltura". Dal dicembre 2010 al novembre 2018 è stato ricercatore presso il Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria - Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo (CREA-OF). Dal febbraio all'agosto 2012 è stato *visiting scientist* presso il Dept. of Molecular Plant Physiology, Radboud University, Nijmegen (NL). Abilitato alle funzioni di Professore universitario di prima fascia per il settore 07/E1 (chimica agraria, genetica agraria e pedologia) con concorso indetto con DD MIUR 1532 del 29 luglio 2016 per il periodo 30/05/2022 - 30/05/2033.

Dal dicembre 2021 è Professore Associato per il settore concorsuale **05/E2 - BIOLOGIA MOLECOLARE** presso il Dipartimento di Agraria dell'Università degli Studi di Napoli Federico II.

Il suo interesse principale è la bioinformatica - che considera uno strumento essenziale nella ricerca contemporanea - applicata alla biologia molecolare degli organismi d'interesse agrario. In particolare, l'interesse è mirato all'analisi dei dati di sequenza ed allo sviluppo di strategie, metodi e strumenti per l'analisi e la gestione integrata di dati "omici". È coordinatore di due progetti di ricerca finanziati dall'Ateneo Federico II ed è stato responsabile di linee di ricerca in progetti PON R&C 2007-2013, di attività di ricerca in un progetto finanziato dalla Fondazione con il Sud. È autore di quasi 70 lavori scientifici su riviste internazionali con IF, di 5 capitoli di libri peer-reviewed e di 3 capitoli in libri di testo universitari. È revisore di diverse riviste scientifiche internazionali. Dal giugno 2019 è membro del comitato editoriale della rivista *Scientific Reports*. Dal giugno 2020 è editore associato per la rivista scientifica *Frontiers in Genetics* sezione speciale *Computational Genomics*. Dal marzo 2021 è editore associato per la rivista *Frontiers in Plant Science* sezione speciale *Plant Bioinformatics*. Dal 2005 è membro della Società Italiana di Genetica Agraria. Dal dicembre 2022 è Accademico Aggregato "Sezione Sud-Ovest" dell'Accademia dei Georgofili.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9840-3817>

Scopus: <https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57682341300>

WoS: <https://www.webofscience.com/wos/author/record/675915>

Google scholar: <https://scholar.google.it/citations?user=oxME7vMAAAAJ&hl=en>

POSIZIONE ATTUALE

12/2021 - Professore Associato per il **settore 05/E2 - BIOLOGIA MOLECOLARE** presso il Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

30/05/2022-30/05/2033 Abilitato alle funzioni di professore universitario di prima fascia per il settore concorsuale 07/E1 (chimica agraria, genetica agraria e pedologia) con concorso indetto con DD MIUR 1532 del 29 luglio 2016.

12/2018 - 11/2021 Ricercatore a tempo determinato tipo B (art. 24 comma 3b L.240/10) per il settore concorsuale 05/E2 - BIOLOGIA MOLECOLARE presso il Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II.

04/2021 -12/2023 Ricercatore associato con incarico di collaborazione presso l'Istituto Bioscienze e BioRisorse (IBBR) del Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR).

10/04/2017 - 10/04/2023 Abilitato alle funzioni di professore universitario di seconda fascia per il settore concorsuale 07/E1 (chimica agraria, genetica agraria e pedologia) con concorso indetto con DD MIUR 1532 del 29 luglio 2016.

02/2012 - 08/2012 *Visiting scientist*, Department of Molecular Plant Physiology, Radboud University, Nijmegen, Paesi Bassi.

12/2010 - 11/2018 Ricercatore III livello presso il Centro di ricerca Orticoltura e Florovivaismo del Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA-OF) nell'area "biologia molecolare e genetica agraria".

02/2010 - 11/2010 Rinnovo del contratto per la collaborazione ad attività di ricerca PostDoc presso il Dip.to di Scienze del Suolo, della Pianta, dell'Ambiente e delle Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli Federico II.

01/2009 - 12/2009 Contratto per la collaborazione ad attività di ricerca PostDoc presso il Dip.to di Scienze del Suolo, della Pianta, dell'Ambiente e delle Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli Federico II.

07/02/2008 Dottorato di ricerca in "Agrobiologia ed Agrochimica: miglioramento genetico ed orticoltura", XX ciclo, Università degli Studi di Napoli Federico II.
Titolo della tesi: Bioinformatics analyses for the genomic investigation of plants of agronomic importance.

10/2003 - 10/2004 Contratto per la collaborazione ad attività di ricerca nell'ambito del progetto di ricerca dal titolo "Analisi di sequenze genomiche". Sessione di Bioinformatica del Centro Interdisciplinare Studi Biomolecolari e Applicazioni Industriali (C.I.S.I.) dell'Università degli Studi di Milano.

06/2003 - 09/2003 Stage del Master Universitario di Secondo Livello in Bioinformatica presso l'Istituto di Tecnologie Biomediche (CNR-ITB), via fratelli Cervi, Segrate (MI)

11/2002 - 05/2003 Master Universitario di Secondo Livello in Bioinformatica con il riconoscimento di 40 crediti formativi, Università degli Studi del Sannio, Benevento.

18/07/2002 Laurea in Scienze Biologiche indirizzo Biomolecolare con voti 110/110 e lode, Università degli Studi di Siena.
Titolo della tesi: Analisi sistematica delle proteine di superficie di *Streptococcus agalactiae*

03/2001 - 07/2002 Stage in qualità di studente universitario presso la CHIRON Vaccines Corporation, Siena.

DIDATTICA

06/2023	Titolare del corso di “Bioinformatica” (4 CFU) nell’ambito del programma di Dottorato Transdisciplinare in Scienza del Microbioma (CRESCENDO) co-finanziato dall'UE (Bando H2020-MSCA-COFUND-2020) e gestito dall'Università degli Studi di Napoli Federico II attraverso la sua Task Force sugli Studi sul Microbioma.
dall’AA 2020-2021	Titolare del modulo di “Bioinformatica” (6 CFU, codice U3301) nell’ambito del corso integrato obbligatorio “Bioinformatica e Data Science” (12 CFU, codice U3300).
dall’AA 2022-2023	Titolare del corso opzionale “Fondamenti di Linux” (6 CFU, codice U5130).
dall’AA 2018-2019	Titolare del corso opzionale “Basi teoriche e pratiche per l’analisi bioinformatica dei genomi” (6 CFU, codice U2673).

ALTRE ESPERIENZE DI INSEGNAMENTO

03/2014-05/2014	Corso teorico/pratico (88 ore) su “Fondamenti sull’assemblaggio delle sequenze”, “Fondamenti sul mapping delle reads lungo un genoma riferimento”, “Annotazione di sequenze genomiche: dalla sequenza alla funzione” e “RNA-seq: assemblaggio ed annotazione di trascrittomi e digital gene expression profiling” nell’ambito del Corso di formazione "Tecnologie genomiche avanzate e bioinformatiche applicate al miglioramento genetico di specie vegetali" associato al progetto di ricerca "Potenziamento della filiera pomodoro attraverso l'uso di piattaforme integrate di post-genomica (GenoPOM-pro)"- Programma Operativo Nazionale “Ricerca e competitività 2007-2013”. Corso di specializzazione post-laurea, 18 formandi, Università degli Studi di Napoli Federico II.
11/2013-01/2014	Corso teorico/pratico (56 ore) su “Fondamenti di bioinformatica”, “Struttura, analisi ed evoluzione dei genomi” e “Analisi e composizione del trascrittoma” nell’ambito del Corso di formazione "Tecnologie genomiche avanzate e bioinformatiche applicate al miglioramento genetico di specie vegetali" associato al progetto di ricerca "Potenziamento della filiera pomodoro attraverso l'uso di piattaforme integrate di post-genomica (GenoPOM-pro)"- Programma Operativo Nazionale “Ricerca e competitività 2007-2013”. Corso di specializzazione post-laurea, 18 formandi, Università degli Studi di Napoli Federico II.
27/06;04/07;11/07 2013	Corso teorico/pratico di bioinformatica di base “From biosequences to systems biology” (10 ore) nell’ambito del corso di dottorato in Biologia dei Sistemi, Dipartimento di Farmacia, Università degli Studi di Salerno.
26-30/05/2008	Corso teorico/pratico (8 ore) su “Analisi di Expressed Sequence Tags e interrogazione di banche dati” and “Identificazione di domini proteici e 'protein signature' databases” nell’ambito della Summer School “Bioinformatica in green biotech”, Porto Conte Ricerche, Alghero (SS). Corso ad iscrizione limitata frequentato da 15 giovani ricercatori.
16-20/01/2006	Corso teorico/pratico (8 ore) su "Bioinformatics applied to EST data analysis and to protein domain identification" nell’ambito del corso di Bioinformatica di II livello del progetto “Agronanotech- Le nuove tecnologie molecolari per l’analisi del genoma di organismi di interesse agrario”, Portici, Napoli. Corso ad iscrizione limitata, 30-40 ricercatori giovani e senior, Università degli Studi di Napoli Federico II.

RELATORE O CO-RELATORE DELLE SEGUENTI TESI DI DOTTORATO

XXX ciclo	Titolo: " <i>Transcriptome characterization and transcriptional regulation of zucchini plant defense response against Aphis gossypii</i> " Tesi di dottorato in Biotecnologie, XXX ciclo Candidato: Alessia Vitiello
-----------	--

Relatore: Prof. Rosa Rao
Correlatore: Dott. Nunzio D'Agostino

RELATORE O CO-RELATORE DELLE SEGUENTI TESI DI LAUREA SPECIALISTICA/MAGISTRALE

- AA 2021/2022
Titolo: *"Analisi della famiglia genica delle ascorbato ossidasi in pomodoro e studio funzionale mediante mutagenesi mediata da CRISPR/Cas9"*
Tesi di laurea in Biotecnologie Agro-ambientali ed Alimentari, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Davide D'Angelo
Relatore: Prof. Nunzio D'Agostino
Co-relatore: Prof. Pasquale Chiaiese
- AA 2020/2021
Titolo: *"Analisi della diversità genetica inter- e intra-popolazione di grani antichi siciliani"*
Tesi di laurea in Biotecnologie Agro-ambientali ed Alimentari, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Ermanno Di Serio
Relatore: Prof. Nunzio D'Agostino
Co-relatore: Dott.ssa Francesca Taranto
- AA 2020/2021
Titolo: *"Analisi dei genomi mitocondriali per lo studio della maschiosterilità citoplasmatica in patata"*
Tesi di laurea in Biotecnologie Agro-ambientali ed Alimentari, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Gaetano Aufiero
Relatore: Prof. Nunzio D'Agostino
Co-relatore: Dott.ssa Nunzia Scotti
- AA 2020/2021
Titolo: *"Identificazione e caratterizzazione dei membri della famiglia genica AOMT in patata (Solanum tuberosum L.)"*
Tesi di laurea in Biotecnologie Agro-ambientali ed alimentari, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Carmine Fruggiero
Relatore: Prof. Domenico Carputo
Co-relatore: Prof. Nunzio D'Agostino
- AA 2018/2019
Titolo: *"Variabilità nucleotidica del DNA plastidiale di undici accessioni di peperone (Capsicum spp.)"*
Tesi di laurea in Biologia - Botanica Generale, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Valentina De Carluccio
Relatore: Prof. Salvatore Cozzolino
Co-relatore: Dott. Nunzio D'Agostino
- AA 2014/2015
Titolo: *"Allele mining in pomodoro: cattura e risequenziamento mirato di geni appartenenti alla via biosintetica dei carotenoidi"*
Tesi di laurea in Biologia Molecolare, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Gerardo Centola
Relatore: Prof.ssa Maria Luisa Chiusano
Co-relatore: Dott. Nunzio D'Agostino
- AA 2014/2015
Titolo: *"Analisi dei dati RNA-seq per l'identificazione dei geni differenzialmente espressi durante la maturazione e l'appassimento in post-raccolta della bacca del pomodorino del piennolo del Vesuvio"*
Tesi di laurea in Biologia Molecolare, Università degli Studi di Napoli Federico II
Candidato: Claudia Cimmino
Relatore: Prof.ssa Maria Luisa Chiusano
Co-relatore: Dott. Nunzio D'Agostino
- AA 2014/2015
Titolo: *"Studio della biogenesi della cuticola di Capsicum annum mediante il silenziamento genico indotto da virus per i geni CaCD1, CaCD2, CaSHN3"*
Tesi di laurea in Biologia, Università degli Studi di Salerno
Candidato: Antonina Vece

Relatore: Prof. Angelo Facchiano
Co-relatore: Dott. Nunzio D'Agostino

INCARICHI ISTITUZIONALI E COMMISSIONI

dal 04/2023	Membro del comitato consultivo del Gateway ELIXIR per la piattaforma editoriale F1000Research.
2023	Presidente della commissione esaminatrice per l'assunzione di una unità di personale con profilo professionale Ricercatore III livello, presso l'Istituto di Genetica e Biofisica "Adriano Buzzati Traverso" del Consiglio Nazionale delle Ricerche -Sede di Napoli. BANDO N. 400.02 IGB PNRR.
2023	Presidente della commissione esaminatrice per l'assunzione di una unità di personale con profilo professionale Ricercatore III livello, presso l'Istituto di Bioscienze e BioRisorse del Consiglio Nazionale delle Ricerche - sede di Bari (BA) - Progetto M4C2 - Investimento 1.4 - CN00000022 "National Research Centre for Agricultural Technologies" CUP B83C22002840001. Bando n. 400.05 IBBR PNRR.
03/2023	Membro del comitato di valutazione della tesi di dottorato di ricerca del candidato Laura Vittozzi dal titolo "Advances in understanding the role of pectic enzymes in plant metabolism and responses to biotic stresses", Dottorato in Biologia Cellulare e dello Sviluppo, ciclo XXXIV, Università degli Studi di Roma "La Sapienza", Roma.
dal 06/12/2022	Iscritto all'albo degli esperti del CREA, Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria.
25/10/2022	Membro della commissione d'esame per il conferimento del titolo di dottore in Food Science, Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II
dal 2021	Componente della commissione tirocinio del corso di studi in Biotecnologie AgroAmbientali ed Alimentari.
dal 2020	Direzione del gruppo "Giovani per la Scienza" del Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II e componente del comitato organizzatore del contest "We got this Friday".
dal 2019	Coordinatore tecnico locale (LTec) dell'infrastruttura italiana di bioinformatica ELIXIR-IIB per il Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II.
2019-2021	Componente eletto della Commissione Ricerca del Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II.
2017	Membro esperto effettivo della Commissione per l'espletamento degli esami finali del dottorato di ricerca in Scienze Agrarie e Agroalimentari, 29° ciclo.
2016	Referente per la VQR per il CREA Centro di Ricerca Orticoltura e Florovivaismo.
2015	Membro esterno della Commissione degli esami di Laurea in Scienze Biologiche e Biologia, Università degli Studi di Salerno.
2014	Membro del Comitato di valutazione della tesi di dottorato di ricerca del candidato Antonella Lamontanara dal titolo " <i>Development and application of bioinformatics pipelines for next generation sequencing data analysis</i> ", Scuola di Dottorato per il sistema Agro-Alimentare, ciclo XXVII, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza.

VALUTAZIONE DI PROGETTI DI RICERCA

06-07/2023	Revisore della proposta progettuale No. 0006323 dal titolo "Novel Biostimulants to Promote Growth and Mitigate Drought and Salinity Stresses in Tomato", India-Israel Scientific Research Program CALL FOR JOINT PROJECT PROPOSALS For the Years 2023, Israeli Ministry of Innovation, Science and Technology.
06-2022	Revisore della proposta progettuale No. 23-05982S dal titolo "Studies of recombination at the single cell level using microfluidic systems", Czech Science Foundation.

APPARTENENZA AD ASSOCIAZIONI E SOCIETÀ SCIENTIFICHE

dal 20/12/2022	Accademico Aggregato "Sezione Sud-Ovest" dell'Accademia dei Georgofili. Logge Uffici Corti, 50122 Firenze.
dal 2005	Membro della Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA).

FINANZIAMENTI PER LA RICERCA

2023-2025	A gene expression atlas on the role of polyphenol oxidases in Triticum adaptation to environmental change (NEXTPLORA). Ente finanziatore: PRIN - PROGETTI DI RICERCA DI RILEVANTE INTERESSE NAZIONALE – Bando 2022 PNRR. Ruolo: responsabile di WP. Finanziamento: 40.000 euro.
2023-2025	Tracciabilità delle cultivar di castagno mediante tecnologia KASP per il rilievo delle impronte genetiche (KasTrack). Ente finanziatore: PSR CAMPANIA 2014/2020. TIPOLOGIA DI INTERVENTO 16.1.2 - "Sostegno ai GO del PEI per l'attuazione di progetti di diffusione delle innovazioni nell'ambito del rafforzamento dell'AKIS campano". Ruolo: responsabile di WP. Finanziamento: 54.732 euro.
01/09/2022-31/08/2025	National Research Centre for Agricultural Technologies (Agritech). Spoke1: Plant, animal and microbial genetic resources and adaptation to climatic changes. Ente finanziatore: European Union Next-GenerationEU (PIANO NAZIONALE DI RIPRESA E RESILIENZA (PNRR) - MISSIONE 4 COMPONENTE 2, INVESTIMENTO 1.4 – D.D. 1032 17/06/2022, CN00000022.
15/02/2022-15/02/2024	Coordinatore del progetto "Dissection of the TOMato-ORobanchaceae interplay: a step towards the development of Resistant Varieties through new plant breeding techniques (TOMORROV)" finanziato in risposta al bando Programma STARPLUS 2020 Finanziamento della Ricerca di Ateneo Linea A. Finanziamento: 101.800 euro.
04/2021-04/2023	Coordinatore del progetto "Genome editing to improve the nutritional and technological quality of tomato fruits (GE4TQ)" finanziato in risposta al bando di Finanziamento della Ricerca di Ateneo (FRA) – Linea B. Finanziamento: 40.000 euro.
03/2021 - 12/2022	Accordo di cooperazione scientifica CNR/Higher Council for Science and Technology/National Centre for Research and Development (HCST/NCRD), Giordania - Bando per la selezione di Progetti comuni di ricerca - periodo di attività: biennio 2021-2022. Progetto: "Assessment of Genetic Diversity across Indigenous Populations of Ancient Olive (Olea europaea L.) Trees from Jordan". Finanziamento: 20.000 euro. Ruolo: partecipante.
05/2018 - 12/2018	Coordinatore del sottoprogetto "CISGET - Cisgenesi e genome editing in pomodoro" nell'ambito del progetto "Biotecnologie sostenibili per l'agricoltura italiana" finanziato dal MiPAAF. Finanziamento: 899.919 euro.

05/2018 - 05/2021	Responsabile di Unità Operativa del sottoprogetto "Genolics- Rigenerazione <i>in vitro</i> di cultivar di olivo e ricerca di varianti alleliche per l'impiego delle moderne biotecnologie" nell'ambito del progetto "Biotecnologie sostenibili per l'agricoltura italiana" finanziato dal MiPAAF. Finanziamento: 10.000 euro.
04/2013 - 07/2017	Responsabile di Unità Operativa nell'ambito del progetto "Biosensori piezoelettrici a risposta in tempo reale per applicazioni ambientali e agro-alimentari" finanziato dalla Fondazione con il Sud. Finanziamento: 28.800 euro.
07/2012 - 06/2015	Responsabile scientifico di due attività di ricerca: 1. Modelling della maturazione e della conservazione post-raccolta del pomodorino da serbo 2. Identificazione di alleli superiori in geni coinvolti nella via biosintetica dei carotenoidi nell'ambito del progetto PON "GenoPOM-pro: Potenziamento della filiera pomodoro attraverso applicazioni integrate di post-genomica (PON02_00395_3082360)" finanziato dal MIUR. Finanziamento: 220.000 euro.
07/2012 - 06/2015	Responsabile scientifico di due attività di ricerca: 1. Identificazione di geni coinvolti nella biosintesi della cuticola per l'ottenimento di peperoni facilmente spellabili e con basso potenziale allergenico 2. Sequenziamento del genoma mitocondriale per il controllo della maschiosterilità citoplasmatica in patata nell'ambito del progetto PON "GenHORT: Valorizzazione di produzioni ortive campane di eccellenza con strumenti di genomica avanzata (PON02_00395_3215002)" finanziato dal MIUR. Finanziamento: 190.000 euro.
01/2012 - 12/2014	Responsabile per il CREA-ORT del progetto "PI.A.S.S., Platform for Agrofood Science and Safety (PONa3_00053)" finanziato dal MIUR. Finanziamento: 668.000 euro.

RESPONSABILITÀ DI STUDI E RICERCHE SCIENTIFICHE AFFIDATI DA QUALIFICATE ISTITUZIONI PUBBLICHE O PRIVATE

01/12/2017	Responsabilità di ricerca scientifica dal titolo: "Analisi di polimorfismi di sequenza ottenuti mediante genotyping-by-sequencing e determinazione della struttura genetica di una popolazione di genotipi di olivo" affidata da SINAGRI SRL, Spin Off accademico dell'Università degli Studi di Bari Aldo Moro. Contratto di ricerca in convenzione per un importo pari a 9000 euro IVA inclusa.
28/11/2017	Responsabilità di ricerca scientifica dal titolo: "RNA-sequencing data analysis" affidata da Department of Molecular Plant Physiology, Faculty of Science, Radboud University, Nijmegen, The Netherlands. Contratto di ricerca in convenzione per un importo pari a 2000 euro IVA esclusa.
01/06/2017	Responsabilità di studio con l'incarico "Discuss client's project, examine their needs and develop with them a solution design" affidata da SEQUENTIA BIOTECH SL (Genomics and post-genomics data analysis company), Barcellona, Spagna.

ORGANIZZAZIONE DI CONFERENZE SCIENTIFICHE

2023	Membro del comitato scientifico del convegno internazionale "BBCC2023 - 17th Bioinformatics and Computational Biology Conference". 04-07 dicembre 2023.
------	---

2022	Membro del comitato scientifico del convegno internazionale "BBCC2022 - 17th Bioinformatics and Computational Biology Conference". 13-15 dicembre 2022 - edizione on-line.
2021	Membro del comitato scientifico del convegno internazionale "BBCC2021 - 16th Bioinformatics and Computational Biology Conference". 1-3 dicembre 2021 - edizione on-line.
2021	Chairman della sessione "New Strategies and Tools for Plant Breeding and Genetics" nell'ambito della tematica "S1: Application of New Breeding Technologies to Crop Improvement", 1 st International Electronic Conference on Agronomy (IECAG 2021), https://iecag2021.sciforum.net , 3-17 maggio 2021.
2020	Membro del comitato organizzatore e del comitato scientifico del convegno internazionale "BBCC2020 - 15th Bioinformatics and Computational Biology Conference". 16-18 novembre 2020 - edizione on-line.
2018	Membro del comitato organizzatore del convegno "Sfide e opportunità di ricerca in orticoltura e florovivaismo: il ruolo del CREA". 13-14 dicembre 2018, Pontecagnano Faiano.
2017	Membro del comitato scientifico del convegno "PEPIC- Filiera del peperoncino piccante: interventi di ricerca per la scelta varietale e per l'innovazione dei processi colturali" 31 maggio 2017, Pontecagnano Faiano.
2015	Membro del comitato scientifico del convegno internazionale ORT-MED'15 "Orticoltura in ambiente mediterraneo: sfide globali ed innovazioni dalla ricerca". 8 ottobre 2015, Pontecagnano Faiano.

PARTECIPAZIONE COME RELATORE A CONVEGNI INTERNAZIONALI

12/11/2019	Relatore selezionato al convegno internazionale NETTAB/BBCC 2019 Joint Meeting. 12-13 novembre 2019, Fisciano Campus, Università degli Studi di Salerno. Titolo della relazione: "Array-based genotyping discloses signatures of artificial selection and provides insights into the history of durum wheat breeding in Italy".
21/11/2018	Relatore selezionato al convegno internazionale "BBCC2018 international conference on Bioinformatics and Computational Biology". 19-21 novembre 2018. Centro Congressi dell'Università degli Studi di Napoli Federico II, via Partenope 36, 80121, Napoli. Titolo della relazione: "Deciphering loci under selection associated with fruit size and shape in Capsicum".
19/12/2017	Relatore selezionato al convegno internazionale "BBCC2017 international conference on Bioinformatics and Computational Biology ". 18-20 dicembre 2017, Conference Hall del Consiglio Nazionale delle Ricerche, Area di Ricerca Napoli 1, via Pietro Castellino 111, Napoli. Titolo della relazione: "GBS-derived SNP catalogue unveiled genetic diversity of Italian olive cultivars".
05/11/2014	Relatore selezionato al convegno internazionale "The 11th Solanaceae Conference", 2-6 novembre 2014. Arraial d'Ajuda Convention Center, Brasil. Titolo della relazione: "Allele mining in tomato: sequence capture and targeted re-sequencing of genes belonging to the carotenoid biosynthetic pathway".

SEMINARI SU INVITO

- 2023 Seminario *"Il contributo della genomica alla valorizzazione dei frumenti antichi siciliani"* nell'ambito del convegno organizzato dal consorzio AVASIM (Alleanza per la Valorizzazione delle Antiche Sementi Italiane e del Mediterraneo) *"NUOVE FILIERE PER ANTICHE SEMENTI: IL GRANO"*. Noto, Palazzo Nicolaci, 12 maggio 2023.
- 2022 Seminario *"Tecnologie di evoluzione assistita per la sicurezza alimentare e lo sviluppo agricolo sostenibile"* nell'ambito del convegno *"Food Sovereignty e Innovazione Sostenibile tra Scienza e Diritto: empatie e dissonanze"*. Portici, 2-3 dicembre 2022.
- 2019 Seminario *"Genomic diversity and GWAS for fruit shape and size in Capsicum"* nell'ambito del simposio scientifico organizzato per il pensionamento della Prof. Celestina Mariani. Faculty of Science, Radboud University, Nijmegen, The Netherlands. 30 agosto 2019.
- 2019 Seminario *"Population genomics: important steps forward in the assessment of crop genetic diversity and discovery of significant association between genetic markers and traits"* nell'ambito del ciclo di seminari organizzato congiuntamente dal CNR-IBBR sezione di Portici e dalla sezione di genetica e biotecnologie vegetali del Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II. Portici, 16 maggio 2019.
- 2019 Seminario *"La bioinformatica come disciplina trasversale a sostegno delle scienze agrarie"* nell'ambito de *"Il Caffè Scientifico di Agraria"*. Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II, Portici, 13 marzo 2019.
- 2018 Seminario *"Frontiere della biologia"* dal titolo *"La rivoluzione CRISPR/Cas: un nuovo coltellino svizzero per i biologi delle piante"* nell'ambito del *"Training dei vincitori delle selezioni italiane delle Olimpiadi della biologia"*. CNR-IBBR, Portici, 13 giugno 2018.
- 2017 Seminario *"Strategies for reducing genome complexity in crops: case studies from CREA-OF"*. CREA- Centro di ricerca cerealicoltura e colture industriali, 15 dicembre 2017.
- 2017 Seminario *"NGS technologies to dissect genetic variability in vegetable crops"*. CNR-ISA, Avellino, 14 giugno 2017.
- 2017 Seminario *"Unlocking genetic diversity in horticultural crops via NGS technologies: novel opportunities for plant breeding"*. Di.S.S.P.A - Università degli Studi di Bari *"Aldo Moro"*, Bari, 15 maggio 2017.
- 2017 Seminario *"From whole genome sequencing, through target enrichment strategies, to allele mining"*. CNR-IBBR, Napoli, 11 aprile 2017.
- 2016 Seminario *"Plant mitochondrial DNA: a big challenge for NGS technologies"*. Workshop *"Next challenges in nucleic acids sequencing"*, Stazione Zoologica Anton Dohrn, Napoli, 14 luglio 2016.
- 2016 Seminario *"Bioinformatics for plant breeding"*. Dipartimento di Chimica e Biologia, Università degli Studi di Salerno, 6 aprile 2016.
- 2015 Partecipazione alla tavola rotonda *"Il futuro delle tecnologie NGS"* nell'ambito delle giornate conclusive del progetto di formazione GenoPom-pro, Vico Equense, 26 febbraio 2015.
- 2013 Seminario *"Solanum dulcamara: making your own model with NGS"*. Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II, 18 luglio 2013.
- 2013 Seminario *"From ESTs to RNA-seq"*. Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Napoli Federico II, 20 giugno 2013.

PREMI E RICONOSCIMENTI PER ATTIVITÀ SCIENTIFICHE

- 2021 Il manoscritto "*Whole genome scan reveals molecular signatures of divergence and selection related to important traits in durum wheat germplasm*" pubblicato sulla rivista **Frontiers in Genetics** nel 2020 riceve il premio UNASA 2021 "Michele Stanca" dedicato a "Miglioramento genetico delle piante di interesse agrario".
- 2017 Il manoscritto "*Genome-wide SNP discovery and population structure analysis in pepper (Capsicum annuum) using genotype-by-sequencing*" pubblicato sulla rivista **BMC Genomics** nel 2016 riceve il premio UNASA per i lavori pubblicati nel 2016 nell'ambito della botanica e biodiversità delle piante agrarie e forestali.
- 2006 Il manoscritto "*TomatEST database: in silico exploitation of EST data to explore expression patterns in tomato species*" pubblicato sulla rivista **Nucleic Acids Research** nel 2006 riceve il premio Associazione "Noi per la Vita" in onore di Gaetano Salvatore.

ATTIVITÀ EDITORIALE E DI REVISIONE

- dal 03/2021 Associate Editor per la rivista scientifica **Frontiers in Plant Science** sezione speciale **Plant Bioinformatics**.
- dal 06/2020 Associate Editor per la rivista scientifica **Frontiers in Genetics** sezione speciale **Computational Genomics**.
- dal 06/2019 Membro dell'editorial board della rivista **Scientific Reports** per la categoria "Biology:Plants".
- 04/2022 -07/2023 Topic Editor per la rivista **Frontiers in Genetics** sull'argomento: "Solanaceae VIII: Biodiversity, Climate Change and Breeding".
- dal 11/2022 Guest Editor per lo Special Issue "Genetics and Genomics of Polyploid Plants" della rivista **Genes**.
- 01/2018 - 05/2020 Associate Editor per le riviste scientifiche **Frontiers in Plant Science**, **Frontiers in Genetics** e **Frontiers in Bioengineering and Biotechnology** sezione speciale **Bioinformatics and Computational Biology**.
- 04 2021 - 10/2021 Supplement Editor per la rivista **BMC Bioinformatics**, Supplemento BBCC2020
- 02/2021 - 01/2022 Topic Editor per le riviste **Frontiers in Genetics** e **Frontiers in Plant Science** sull'argomento: "Solanaceae VII: Biology, Genetics, and Evolution".
- 07/2020 - 09/2021 Guest Editor per la collezione "High-throughput transcriptomics" della rivista **Scientific Reports**.
- 05/2019 - 05/2020 Guest Editor per lo Special Issue "Bioinformatics applied to Genetic improvement of crop species" della rivista **Agronomy**.
- 03/2019 - 05/2020 Topic Editor in Evolutionary and Population Genetics per la rivista **Frontiers in Genetics** sull'argomento: "Genome Wide Association Studies and Genomic Selection for Crop improvement in the Era of Big Data".
- Revisore di articoli scientifici per diverse riviste internazionali.
<https://www.webofscience.com/wos/author/record/675915>

PUBBLICAZIONI (manoscritti peer-reviewed)

#corresponding author; * contributed equally

1. Villano C., Procino S., Blaiotta G., Carputo D., **D'Agostino N.**, Di Serio E., Fanelli V., La Notte P., Miazzi M.M., Montemurro C., Taranto F., Aversano R. (2023) Genetic diversity and signature of divergence in the genome of grapevine clones of Southern Italy varieties. *Frontiers in Plant Science*, 14:1201287. DOI: 10.3389/fpls.2023.1201287.
2. Vitale L., Francesca S., Arena C., **D'Agostino N.**, Principio L., Vitale E., Cirillo V., de Pinto M.C., Barone A., Rigano M.M. (2023) Multitraits evaluation of a *Solanum pennellii* introgression tomato line challenged by combined abiotic stress. *Plant Biology journal*, 25: 518-528. DOI: 10.1111/plb.13518.
3. Palasciano M., Zuluaga D.L., Cerbino D., Blanco E., Aufiero G., **D'Agostino N.**#, Sonnante G.# (2023) Sweet Cherry Diversity and Relationships in Modern and Local Varieties Based on SNP Markers. *Plants*, 12(1):136. DOI: 10.3390/plants12010136.
4. Natale R., Coppola M., **D'Agostino N.**#, Zhang Y., Fernie A.R., Castaldi V., Rao R.# (2023) In silico and in vitro approaches allow the identification of the prosystemin molecular network. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 21:212-223. DOI: 10.1016/j.csbj.2022.12.006.
5. **D'Agostino N.**#, Li W.#. & Wang D.# (2022) High-throughput transcriptomics. *Scientific Reports*, 12:20313. DOI: 10.1038/s41598-022-23985-1.
6. Esposito S., **D'Agostino N.**, Taranto F., Sonnante G., Sestili F., Lafiandra D., De Vita P. (2022) Whole-exome sequencing of selected bread wheat recombinant inbred lines as a useful resource for allele mining and bulked segregant analysis. *Frontiers in Genetics*, 13:1058471. DOI: 10.3389/fgene.2022.1058471.
7. De Palma M.* , Scotti R.* , **D'Agostino N.*** , Zaccardelli M., Tucci M. (2022) Phyto-Friendly Soil Bacteria and Fungi Provide Beneficial Outcomes in the Host Plant by Differently Modulating Its Responses through (In)Direct Mechanisms. *Plants*, 11:2672. DOI: 10.3390/plants11202672.
8. Amitrano C., Junker A., **D'Agostino N.**, De Pascale S., De Micco V. (2022) Integration of high-throughput phenotyping with anatomical traits of leaves to help understanding lettuce acclimation to a changing environment. *Planta*, 256:68. DOI: 10.1007/s00425-022-03984-2.
9. Poczai P.#, **D'Agostino N.**#, Deanna R.#, Portis E.# (2022) Editorial: Solanaceae VII-biology, genetics and evolution. *Frontiers in Genetics* 13:932421. DOI: 10.3389/fgene.2022.932421.
10. Taranto F., Di Serio E., Miazzi M.M., Pavan S., Saia S., De Vita P., **D'Agostino N.** (2022) Intra- and Inter-Population Genetic Diversity of "Russello" and "Timilia" Landraces from Sicily: A Proxy towards the Identification of Favorable Alleles in Durum Wheat. *Agronomy*, 12(6):1326. DOI: 10.3390/agronomy12061326.
11. Bentley A.R.#, Chen C.# and **D'Agostino N.**# (2022) Editorial: Genome Wide Association Studies and Genomic Selection for Crop Improvement in the Era of Big Data. *Frontiers in Genetics*, 13:873060. DOI: 10.3389/fgene.2022.873060.
12. Cigliano Aiese R., Aversano R., Di Matteo A., Palombieri S., Termolino P., Angelini C., Bostan H., Cammareri M., Consiglio F.M., Ragione F.D., Paparo R., Valkov V.T., Vitiello A., Carputo D., Chiusano M.L., D'Esposito M., Grandillo S., Matarazzo M.R., Frusciantè L., **D'Agostino N.**#, Conicella C.# (2022). Multi-omics data integration provides insights into the post-harvest biology of a long shelf-life tomato landrace. *Horticulture Research*, 9:uhab042. DOI: 10.1093/hr/uhab042.
13. Pavan S., Delvento C., Nazzicari N., Ferrar B., **D'Agostino N.**, Taranto F., Lotti C., Ricciardi L., Annicchiarico P. (2022) Merging genotyping-by-sequencing data from two ex situ collections provides insights on the pea evolutionary history. *Horticulture Research*, 9:uhab062. DOI: 10.1093/hr/uhab062.
14. Andolfo G., **D'Agostino N.**, Frusciantè L., Ercolano M.R. (2021) The Tomato Interspecific NB-LRR Gene Arsenal and Its Impact on Breeding Strategies. *Genes*, 12(2):184. DOI: 10.3390/genes12020184.
15. Pavan S., Delvento C., Mazzeo R., Ricciardi F., Losciale P., Gaeta L., **D'Agostino N.**, Taranto F., Sánchez-Pérez R., Ricciardi L., Lotti C. (2021) Almond diversity and homozygosity define structure, kinship, inbreeding, and linkage disequilibrium in cultivated germplasm, and reveal genomic associations with nut and seed weight. *Horticulture Research*, 8:15. DOI: 10.1038/s41438-020-00447-1.
16. Vitiello A., Molisso D., Digilio M.C., Giorgini M., Corrado G., Bruce T.J.A., **D'Agostino N.**#, Rao R.# (2021) Zucchini Plants Alter Gene Expression and Emission of (E)- β -Caryophyllene Following *Aphis gossypii* Infestation. *Frontiers in Plant Science*, 11:592603. DOI: 10.3389/fpls.2020.592603.

17. Tamburino R., Sannino L., Cafasso D., Cantarella C., Orrù L., Cardi T., Cozzolino S., **D'Agostino N.**, Scotti N. (2020) Cultivated Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Suffered a Severe Cytoplasmic Bottleneck during Domestication: Implications from Chloroplast Genomes. *Plants*, 9:1443. DOI: 10.3390/plants9111443.
18. Taranto F., **D'Agostino N.**, Catellani M., Laviano L., Ronga D., Milc J., Prandi B., Boukid F., Sforza S., Graziano S., Gulli M., Visioli G., Marmioli N., Badeck F.-W., Minervini A.P., Pecorella I., Pecchioni N., De Vita P., Francia E. (2020) Characterization of Celiac Disease-Related Epitopes and Gluten Fractions, and Identification of Associated Loci in Durum Wheat. *Agronomy*, 10:1231. DOI: 10.3390/agronomy10091231.
19. Pavan S.[#], Delvento C., Ricciardi L., Lotti C., Ciani E., **D'Agostino N.**[#] (2020) Recommendations for choosing the genotyping method and best practices for quality control in crop genome-wide association studies. *Frontiers in Genetics*, 11:447. DOI: 10.3389/fgene.2020.00447.
20. Taranto F.^{*}, **D'Agostino N.**^{*}, Rodriguez M., Pavan S., Minervini A.P., Pecchioni N., Papa R., De Vita P. (2020) Whole genome scan reveals molecular signatures of divergence and selection related to important traits in durum wheat germplasm. *Frontiers in Genetics*, 11:217. DOI: 10.3389/fgene.2020.00217.
21. Miazzi M.M.^{*}, **D'Agostino N.**^{*}, di Rienzo V., Venerito P., Savino V.N., Fucilli V., Ruffa P., Roseti V., Pirolo C., Notte P.L., Montemurro C., Taranto F. (2020) Marginal Grapevine Germplasm from Apulia (Southern Italy) Represents an Unexplored Source of Genetic Diversity. *Agronomy*, 10(4):563. DOI: 10.3390/agronomy10040563.
22. Piarulli L., Savoia M.A., Taranto F., **D'Agostino N.**, Sardaro R., Girone S., Gadaleta S., Fucilli V., De Giovanni C., Montemurro C., Pasqualone A., Fanelli V. (2019) A Robust DNA Isolation Protocol from Filtered Commercial Olive Oil for PCR-Based Fingerprinting. *Foods*, 8:462. DOI: 10.3390/foods8100462.
23. Varré J.-S.^{*}, **D'Agostino N.**^{*}, Touzet P., Gallina S., Tamburino R., Cantarella C., Ubrig E., Cardi T., Drouard L., Gualberto J.M., Scotti N. (2019) Complete Sequence, Multichromosomal Architecture and Transcriptome Analysis of the *Solanum tuberosum* Mitochondrial Genome. *International Journal of Molecular Sciences*, 20:4788. DOI: 10.3390/ijms20194788.
24. Colonna V., **D'Agostino N.**, Garrison E., Albrechtsen A., Meisner J., Facchiano A., Cardi T., Tripodi P. (2019) Genomic diversity and novel genome-wide association with fruit morphology in Capsicum, from 746k polymorphic sites. *Scientific Reports*, 9(1):10067. DOI: 10.1038/s41598-019-46136-5.
25. Scotti R.[#], **D'Agostino N.**[#], Zaccardelli M. (2019). Gene expression profiling of tomato roots interacting with *Pseudomonas fluorescens* unravels the molecular reprogramming that occurs during the early phases of colonization. *Symbiosis*, 78, 177–192. DOI: 10.1007/s13199-019-00611-9.
26. **D'Agostino N.**[#], Buonanno M., Ayoub J., Barone A., Monti S.M.[#], Rigano M. M. (2019) Genome-wide identification of non-specific Lipid Transfer Protein gene family members in *Solanum lycopersicum* and characterization of the Sola l 3 protein. *Scientific Reports*, 9:1607. DOI: 10.1038/s41598-018-38301-z. (corresponding author).
27. De Palma M., Salzano M., Villano C., Aversano R., Lorito M., Ruocco M., Docimo T., Piccinelli A.L., **D'Agostino N.**[#], Tucci M.[#] (2019) Transcriptome reprogramming, epigenetic modifications and alternative splicing orchestrate the tomato root response to the beneficial fungus *Trichoderma harzianum*. *Horticulture Research*, 6(1):5. DOI: 10.1038/s41438-018-0079-1.
28. Taranto F.[#], Nicolìa A., Pavan S., De Vita P., **D'Agostino N.**[#] (2018) Biotechnological and Digital Revolution for Climate-Smart Plant Breeding. *Agronomy*, 8(12):277. DOI: 10.3390/agronomy8120277.
29. **D'Agostino N.**[#], Taranto F.[#], Camposeo S., Mangini G., Fanelli V., Gadaleta S., Miazzi M.M., Pavan S., di Rienzo V., Sabetta W., Lombardo L., Zelasco S., Perri E., Montemurro C. (2018) GBS-derived SNP catalogue unveiled wide genetic variability and geographical origin of Italian olive cultivars. *Scientific Reports*, 8:15877. DOI: 10.1038/s41598-018-34207-y.
30. **D'Agostino N.**[#], Tamburino R., Cantarella C., De Carluccio V., Sannino L., Cozzolino S., Cardi T., Scotti N.[#] (2018) The complete plastome sequences of eleven Capsicum genotypes: insights into DNA variation and molecular evolution. *Genes*, 9:503. DOI: 10.3390/genes9100503.
31. Vitiello A., Rao R., Corrado G., Chiaiese P., Digilio M.C., Cigliano Aiese R. **D'Agostino N.**[#] (2018) De Novo Transcriptome Assembly of Cucurbita Pepo L. Leaf Tissue Infested by Aphis Gossypii. *Data*, 3(3):36. DOI: 10.3390/data3030036.
32. di Rienzo V., Sion S., Taranto F., **D'Agostino N.**, Montemurro C., Fanelli V., Sabetta W., Boucheffa S., Tamendjari A., Pasqualone A., Zammit Mangion M., Miazzi M.M. (2018) Genetic flow among olive populations within Mediterranean basin. *Peer Journal*, 6:e5260. DOI: 10.7717/peerj.5260.
33. Tranchida-Lombardo V., Aiese Cigliano R., Anzar I., Landi S., Palombieri S., Colantuono C., Bostan H., Termolino P., Aversano R., Batelli G., Cammareri M., Carputo D., Chiusano M.L., Conicella C., Consiglio F., **D'Agostino N.**, De Palma

- M., Di Matteo A., Grandillo S., Sanseverino W., Tucci M., Grillo S. (2017) Whole genome re-sequencing of two Italian tomato landraces reveals sequence variations in genes associated with stress tolerance, fruit quality and long shelf-life traits. *DNA Research*, dsx045. DOI: 10.1093/dnares/dsx045.
34. **D'Agostino N.**[#] and Tripodi P. (2017). NGS-Based Genotyping, High-Throughput Phenotyping and Genome-Wide Association Studies Laid the Foundations for Next-Generation Breeding in Horticultural Crops. *Diversity*, 9:38. DOI:10.3390/d9030038.
 35. Terracciano I., Cantarella C., Fasano C., Cardi T., Mennella G., **D'Agostino N.**[#] (2017). Liquid-phase sequence capture and targeted re-sequencing revealed novel polymorphisms in tomato genes belonging to the MEP carotenoid pathway. *Scientific Reports*, 7:5616. DOI: 10.1038/s41598-017-06120-3.
 36. Cardi T., **D'Agostino N.**, Tripodi P (2017). Genetic transformation and genomic resources for next-generation precise genome engineering in vegetable crops. *Frontiers in Plant Science*, 8:241. DOI: 10.3389/fpls.2017.00241.
 37. Funari R., Terracciano I., Della Ventura B., Ricci S., Cardi T., **D'Agostino N.**, Velotta R. (2017) Label-free detection of gliadin in food by quartz crystal microbalance-based immunosensor. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 65:1281–1289. DOI: 10.1021/acs.jafc.6b04830.
 38. Pavan S., Lotti C., Marcotrigiano A.R., Mazzeo R., Bardaro N., Bracuto V., Ricciardi F., Taranto F., **D'Agostino N.**, Schiavulli A., De Giovanni C., Montemurro C., Sonnante G., and Ricciardi L. (2017). A Distinct Genetic Cluster in Cultivated Chickpea as Revealed by Genome-wide Marker Discovery and Genotyping. *The Plant Genome*, 10. DOI:10.3835/plantgenome2016.11.0115.
 39. **D'Agostino N.**[#], Sorrentino R., Scotti R., Salzano M., Aurilia V., Zaccardelli M.[#] (2017). Draft genome sequence of the plant growth-promoting rhizobacterium *Pseudomonas fluorescens* strain CREA-C16 isolated from pea (*Pisum sativum* L.) rhizosphere. *Genome Announcement*, 5:e01456-16. DOI: 10.1128/genomeA.01456-16).
 40. Ambrosone A., Batelli G., Bostan H., **D'Agostino N.**, Chiusano ML., Perrotta G., Leone A., Grillo S., Costa A. (2017) Distinct gene networks drive differential response to abrupt or gradual water deficit in potato. *Gene*, 597:30-39. DOI: 10.1016/j.gene.2016.10.024.
 41. Taranto F., **D'Agostino N.**, Greco B., Cardi T., Tripodi P. (2016) Genome-wide SNP discovery and population structure analysis in pepper (*Capsicum annuum*) using genotype-by-sequencing. *BMC Genomics*, 17:943. DOI: 10.1186/s12864-016-3297-7.
 42. Bombarely A., Moser M., Amrad A., Bapaume L., Barry C., Bliet M., Boersma M., Borghi L., Bruggmann R., Bucher M., **D'Agostino N.**, Delledonne M., Druege U., Dudareva N., Egea-Cortines M., Fernandez-Pozo N., Franken P., Grandont L., Heslop-Harrison P., Hintzsche J., Johns M., Koes R., Lv X., Lyons E., Malla D., Martinoia E., Mattson N., Morel P., Mueller L., Muhlemann J., Nouri E., Passeri V., Pezzotti M., Qi Q., Reinhardt D., Rich M., Richert-Pöggeler K., Robbins T., Schatz M., Schranz E., Schuurink R., Schwarzacher T., Spelt C., Tang H., Urbanus S., Vandebusschen M., Vijverberg K., Villarino G., Warner R.M., Weiss J., Yue Z., Zethof J., Quattrocchio F., Sims T., Kuhlemeier C. (2016) Insight into the evolution of the Solanaceae from the parental genomes of *Petunia hybrida*. *Nature Plants*, 2(6):16074. DOI: 10.1038/nplants.2016.74.
 43. Ghiani A., **D'Agostino N.**, Citterio S., Raiola A., Asero R., Barone A., Rigano M.M. (2016) Impact of Wild Loci on the Allergenic Potential of Cultivated Tomato Fruits. *PLOS One*, 11(5): e0155803. DOI: 10.1371/journal.pone.0155803.
 44. Nguyen D., **D'Agostino N.**, Tytgat T.O.G, Sun P., Lortzing T., Visser E.J.W., Cristescu S.M., Steppuhn A., Mariani C., van Dam N.M., Rieu I. (2016) Drought and flooding have distinct effects on herbivore-induced responses and resistance in *Solanum dulcamara*. *Plant, Cell & Environment*, 39(7):1485-99. DOI: 10.1111/pce.12708.
 45. Fasano C., Diretto G., Aversano R., **D'Agostino N.**, Di Matteo A., Frusciante L., Giuliano G., Carputo D. (2016) Transcriptome and metabolome of synthetic Solanum autotetraploids reveals key genomic stress events following polyploidization. *New Phytologist*, 210(4):1382-1394. DOI: 10.1111/nph.13878.
 46. De Palma M., **D'Agostino N.**, Proietti S., Bertini L., Lorito M., Ruocco M., Caruso C., Chiusano ML., Tucci M. (2016) Suppression Subtractive Hybridization analysis provides new insights into the tomato (*Solanum lycopersicum* L.) response to the plant probiotic microorganism *Trichoderma longibrachiatum* MK1. *Journal of Plant Physiology*, 190:79-94. DOI: 10.1016/j.jplph.2015.11.005.
 47. Cantarella C. and **D'Agostino N.**[#] (2015) PSR: Polymorphic SSR retrieval. *BMC Research Notes*, 8(1):525. DOI: 10.1186/s13104-015-1474-4.
 48. Caramante M., **D'Agostino N.**, Venezia A., Cardi T. (2014) Dai geni alle colture: analisi multi-livello con strategie di '(Crop) Systems Biology' per un approccio interdisciplinare alla ricerca in orticoltura. *Italus Hortus*, 21(3): 43-56.

49. Licciardello C., **D'Agostino N.**, Traini A., Reforgiato Recupero G., Frusciante L., Chiusano M.L. (2014) Characterization of the glutathione S-transferase gene family through ESTs and expression analyses within common and pigmented cultivars of *Citrus sinensis* (L.) Osbeck. *BMC Plant Biology*, 14:39. DOI: 10.1186/1471-2229-14-39.
50. **D'Agostino N.**, Golas T., van de Geest H., Bombarely A., Dawood T., Zethof J., Driedonks N., Wijnker E., Bargsten J., Nap JP., Mariani C., Rieu I. (2013) Genomic analysis of the native European *Solanum* species, *S. dulcamara*. *BMC Genomics*, 14:356. DOI: 10.1186/1471-2164-14-356.
51. Golas T.M., van de Geest H., Gros J., Sikkema A., **D'Agostino N.**, Nap JP., Mariani C., Allefs JJ, Rieu I. (2013) Comparative next-generation mapping of the *Phytophthora infestans* resistance gene Rpi-dlc2 in the European species *Solanum dulcamara*. *Theoretical and Applied Genetics*, 126(1): 59-68. DOI: 10.1007/s00122-012-1959-7.
52. Rigano M.M., Romanelli A., Fulgione A., Nocerino N., **D'Agostino N.**, Avitabile C., Frusciante L., Barone A., Capuano F. and R. Capparelli. (2012) A novel synthetic peptide from a tomato defending exhibits antibacterial activities against *Helicobacter pylori*. *Journal of peptide science*, 18(12): 775-762. DOI: 10.1002/psc.2462.
53. The Tomato Genome Consortium (2012) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*, 485, 635–641. DOI:10.1038/nature11119.
54. Di Filippo M., Traini A., **D'Agostino N.**, Frusciante L., Chiusano M.L. (2012) Euchromatic and heterochromatic compositional properties emerging from the analysis of *Solanum lycopersicum* BAC sequences. *Gene*, 499(1):176-181. DOI: 10.1016/j.gene.2012.02.044.
55. Zenoni S.* , **D'Agostino N.***, Tornielli G.B.* , Quattrocchio F., Chiusano ML., Koes R., Zethof J., Guzzo F., Delledonne M., Frusciante L., Gerats T., Pezzotti M. (2011) Revealing impaired pathways in regulatory mutant by high-throughput characterization of *Petunia axillaris* and *Petunia inflata* transcriptomes. *The Plant Journal*, 68(1): 11-27. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2011.04661.x.
56. **D'Agostino N.**, Traini A., Frusciante L., Chiusano M.L. (2009) SolEST database: a "one-stop shop" approach to the study of Solanaceae transcriptomes. *BMC Plant Biology*, 9:142. DOI: 10.1186/1471-2229-9-142.
57. Alagna F., **D'Agostino N.**, Torchia L., Servili M., Rao R., Pietrella M., Giuliano G., Chiusano M.L., Baldoni L. and Perrotta G. (2009) Comparative 454 pyrosequencing of transcripts from two olive genotypes during fruit development. *BMC Genomics*, 10:399. DOI: 10.1186/1471-2164-10-399.
58. Mueller L.A., Lankhorst R.K., Tanksley S.D., Giovannoni J.J., White R., Vrebalov J., Fei Z., van Eck J., Buels R., Mills A.A., Menda N., Tecle I.Y., Bombarely A., Stack S., Royer S.M., Chang S.B., Shearer L.A., Kim B.D., Jo S.H., Hur C.G., Choi D., Li C.B., Zhao J., Jiang H., Geng Y., Dai Y., Fan H., Chen J., Lu F., Shi J., Sun S., Chen J., Yang X., Lu C., Chen M., Cheng Z., Li C., Ling H., Xue Y., Wang Y., Seymour G.B., Bishop G.J., Bryan G., Rogers J., Sims S., Butcher S., Buchan D., Abbott J., Beasley H., Nicholson C., Riddle C., Humphray S., McLaren K., Mathur S., Vyas S., Solanke A.U., Kumar R., Gupta V., Sharma A.K., Khurana P., Khurana J.P., Tyagi A., Sarita, Chowdhury P., Shridhar S., Chattopadhyay D., Pandit A., Singh P., Kumar A., Dixit R., Singh A., Praveen S., Dalal V., Yadav M., Ghazi I.A., Gaikwad K., Sharma T.R., Mohapatra T., Singh N.K., Szinay D., de Jong H., Peters S., van Staveren M., Datema E., Fiers M.W.E.J., van Ham R.C.H.J., Lindhout P., Philippot M., Frasse P., Regad F., Zouine M., Bouzayen M., Asamizu E., Sato S., Fukuoka H., Tabata S., Shibata D., Botella M.A., Perez-Alonso M., Fernandez-Pedrosa V., Osorio S., Mico A., Granell A., Zhang Z., He J., Huang S., Du Y., Qu D., Liu L., Liu D., Wang J., Ye Z., Yang W., Wang G., Vezzi A., Todesco S., Valle G., Falcone G., Pietrella M., Giuliano G., Grandillo S., Traini A., **D'Agostino N.**, Chiusano M.L., Ercolano M.R., Barone A., Frusciante L., Schoof H., Jöcker A., Bruggmann R., Spannagl M., Mayer K.X.F., Guigó R., Camara F., Rombauts S., Fawcett J.A., Van de Peer Y., Knapp S., Zamir D. & Stiekema W. (2009) A Snapshot of the Emerging Tomato Genome Sequence. *The Plant Genome*, 2(1):78-92. DOI:10.3835/plantgenome2008.08.0005.
59. Chiusano M.L., **D'Agostino N.**, Traini A., Licciardello C., Raimondo E., Aversano M., Frusciante L., Monti L. (2008) ISOL@: an Italian SOLAnaceae genomics resource. *BMC Bioinformatics*, 9(Suppl 2):S7. DOI: 10.1186/1471-2105-9-S2-S7.
60. **D'Agostino N.**, Pizzichini D., Chiusano M.L., Giuliano G. (2007) An EST database from saffron stigmas. *BMC Plant Biology*, 7(1):53. DOI: 10.1186/1471-2229-7-53.
61. Mastrangelo AM, Turchi L, **D'Agostino N.**, De Leonardis AM, Giovanniello V, Ferragonio P, De Vita P, Chiusano ML, Giuliano G, Cattivelli L. (2007). Analysis of sequences expressed following water stress in durum wheat in different developmental stages and tissues. *Journal of Genetics and Breeding*, 61:121-128.
62. **D'Agostino N.**, Traini A., Frusciante L., Chiusano M.L. (2007) Gene models from ESTs (GeneModelEST): an application on the *Solanum lycopersicum* genome. *BMC Bioinformatics*, 8(Suppl 1):S9. DOI: 10.1186/1471-2105-8-S1-S9.

63. **D'Agostino N.**, Aversano M., Frusciante L., Chiusano M.L. (2007) TomatEST database: in silico exploitation of EST data to explore expression patterns in tomato species. *Nucleic Acids Research*, 35 (Database issue): D901-D905. DOI: 10.1093/nar/gkl921.
64. **D'Agostino N.**, Aversano M., Chiusano M.L. (2005) ParPEST: a pipeline for EST data analysis based on parallel computing. *BMC Bioinformatics*, 6 Suppl 4:S9. DOI: 10.1186/1471-2105-6-S4-S9.
65. Milanese L., Petrillo M., Sepe L., Boccia A., **D'Agostino N.**, Passamano M., Di Nardo S., Tasco G., Casadio R., Paoletta G. (2005) Systematic analysis of human kinase genes: a large number of genes and alternative splicing events result in functional and structural diversity. *BMC Bioinformatics*, 6 Suppl 4:S20. DOI: 10.1186/1471-2105-6-S4-S20.
66. Maione D., Margarit I., Rinaudo C.D., Masignani V., Mora M., Scarselli M., Tettelin H., Brettoni C., Iacobini E.T., Rosini R., **D'Agostino N.**, Miorin L., Buccato S., Mariani M., Galli G., Nogarotto R., Nardi Dei V., Vegni F., Fraser C., Mancuso G., Teti G., Madoff L.C., Paoletti L.C., Rappuoli R., Kasper D.L., Telford J.L., Grandi G. (2005) Identification of a universal Group B streptococcus vaccine by multiple genome screen. *Science*, 309(5731): 148-150. DOI: 10.1126/science.1109869.

CONFERENCE PAPER (peer-reviewed)

1. Casarin S., Bertazzon N., Taranto F., Filippin L., Migliaro D., Forte V., Montemurro C., Crespan M., Angelini E. and **D'Agostino N.** (2023). Phenotyping a grapevine population segregating for resistance to “flavescence dorée” disease. *Phytopathogenic Mollicutes*, 13 (1), 15-16. DOI: 10.5958/2249-4677.2023.00008.7.
2. Casarin S., Bagnaresi P., Sirangelo T.M., Bertazzon N., Filippin L., Migliaro D., **D'Agostino N.**, Taranto F., Montemurro C., Cattivelli L. and Crespan M. (2022). Looking for the genetic traits underlying resistance to grapevine yellows. *Phytopathogenic Mollicutes*, 12(1), pp.63-63. DOI: 10.5958/2249-4677.2022.00028.7
3. Miazzi M.M., **D'Agostino N.**, Gadaleta S., Di Rienzo V., Fanelli V., Sabetta W., Montemurro C. and Taranto F. (2019). Genotyping-by-sequencing-derived single-nucleotide polymorphism catalog from a grapevine (*Vitis vinifera* L.) germplasm collection that includes the most representative Apulian autochthonous cultivars. *Acta Horticulturae* 1248: 69-76. DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1248.10.
4. Cardi T., **D'Agostino N.**, Cantarella C., Colonna V., Greco B., Tamburino R., Taranto F., Scotti N. and Tripodi P. (2019). Next generation sequencing technologies for the development of molecular markers and the analysis of genome diversity in *Capsicum* spp. *Acta Horticulturae* 1242: 831-838. DOI: 10.17660/ActaHortic.2019.1242.123.
5. Taranto F., **D'Agostino N.**, Pavan S., Fanelli V., Di Rienzo V., Sabetta W., Miazzi M.M., Zelasco S., Perri E., Montemurro, C. (2018) Single nucleotide polymorphism (SNP) diversity in an olive germplasm collection. *Acta Horticulturae* 1199: 27-31. DOI:10.17660/ActaHortic.2018.1199. 5.
6. Scotti R., **D'Agostino N.**, Pane C. and Zaccardelli M. (2016). Humic acids and compost tea from compost for sustainable agriculture management. *Acta Horticulturae* 1146: 115-120. DOI: 10.17660/ActaHortic.2016.1146.15.
7. Torre S., **D'Agostino N.**, Chiusano M.L., Frusciante L., Traini A., Barone A. (2007) BAC sequencing and annotation driven by experimental data: an application for a Serine-Threonine kinase on tomato chromosome 12. *Acta Horticulturae* (ISHS) 745:495-500. doi=10.17660/ActaHortic.2007.745.36.

PUBBLICAZIONI (manoscritti non peer-reviewed)

1. **D'Agostino N.** & Frusciante L. (2023). Il contributo della genomica alla valorizzazione dei frumenti autoctoni. Georgofili INFO, notiziario di informazione a cura dell'Accademia dei Georgofili. <https://www.georgofili.info/contenuti/il-contributo-della-genomica-alla-valorizzazione-dei-frumenti-autoctoni/28445>.
2. **D'Agostino N.** & Chiusano M.L. (2022) Dai genomi ai fenotipi: una visione bioinformatica. In “Recenti progressi nella genetica agraria”. Editori: G. Corrado e L. Frusciante. Publisher: Idelson-Gnocchi. ISBN: 978-88-79477901.
3. Frusciante L. & **D'Agostino N.** (2021) Nuove frontiere del miglioramento genetico per affrontare i cambiamenti climatici, in atti dell'Accademia dei Georgofili: Serie VIII, Vol. 18, supplemento 2021, Firenze, Polistampa. Permalink: <http://digital.casalini.it/5136002>.
4. Caiazza R., **D'Agostino N.**, Spigno P., Riccardi R., Parisi M. Pomodorino del Piennolo del Vesuvio. Karpòs n.9 ottobre 2014

CAPITOLI DI LIBRI (peer-reviewed)

1. **D'Agostino N.**, Barone A., Rigano M.M. (2021) Knowledge on the Genomes of Wild Tomato Species is the Key to Unlocking Their Breeding Potential. In: Carputo D., Aversano R., Ercolano M.R. (eds) The Wild Solanums Genomes. Compendium of Plant Genomes. Springer, Cham. DOI: 10.1007/978-3-030-30343-3_7.
2. Iorizzo M., Mengist M.F., **D'Agostino N.** (2021) Perspectives of Advanced Genetics and Genomics Approaches to Exploit Solanum Wild Crop Relatives for Breeding. In: Carputo D., Aversano R., Ercolano M.R. (eds) The Wild Solanums Genomes. Compendium of Plant Genomes. Springer, Cham. DOI: 10.1007/978-3-030-30343-3_13.
3. Galise T.R., Esposito S., **D'Agostino N.** (2021) Guidelines for Setting Up a mRNA Sequencing Experiment and Best Practices for Bioinformatic Data Analysis. In: Tripodi P. (eds) Crop Breeding. Methods in Molecular Biology, vol 2264. Humana, New York, NY. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1201-9_10. Online ISBN: 978-1-0716-1201-9. Print ISBN: 978-1-0716-1200-2.
4. Tripodi P., Acquadro A., Lanteri S., **D'Agostino N.** (2019) Genome Sequencing of Capsicum Species: Strategies, Assembly, and Annotation of Genes. In: Ramchiary N., Kole C. (eds) The Capsicum Genome. Compendium of Plant Genomes. Springer, Cham. DOI: 10.1007/978-3-319-97217-6_8. Online ISBN: 978-3-319-97217-6. Print ISBN: 978-3-319-97216-9.
5. Terracciano I., Cantarella C., **D'Agostino N.** (2016) Hybridization-Based Enrichment and Next Generation Sequencing to Explore Genetic Diversity in Plants. In: Rogato A., Zazzu V., Guarracino M. (eds) Dynamics of Mathematical Models in Biology. Springer, Cham. DOI: 978-3-319-45723-9_10. Online ISBN: 978-3-319-45723-9. Print ISBN: 978-3-319-45722-2.
6. Taranto F., **D'Agostino N.**, Tripodi P. (2016) An Overview of Genotyping by Sequencing in Crop Species and Its Application in Pepper. In: Rogato A., Zazzu V., Guarracino M. (eds) Dynamics of Mathematical Models in Biology. Springer, Cham. DOI: 978-3-319-45723-9_9. Online ISBN: 978-3-319-45723-9. Print ISBN: 978-3-319-45722-2.
7. Mann H., Iorizzo M., Gao L., **D'Agostino N.**, Carputo D., Chiusano M.L., Bradeen J.M. (2011) Molecular Linkage Maps: Strategies, Resources and Achievements. In Bradeen J., Kole C (eds) Genetics, Genomics and Breeding in Potato. Boca Raton: CRC Press. DOI: 10.1201/b10881.
8. Chiusano M.L., **D'Agostino N.**, Barone A., Carputo D., Frusciantè L. (2009) Genome Analysis of Species of Agricultural Interest. In: Advances in Modeling Agricultural Systems. Springer Optimization and Its Applications, vol 25. Springer, Boston, MA. DOI: 10.1007/978-0-387-75181-8_18. Online ISBN: 978-0-387-75181-8. Print ISBN: 978-0-387-75180-1.

CAPITOLI DI LIBRI (non peer-reviewed)

1. **D'Agostino N.** (2022) Genomica. In "Biologia Cellulare e Molecolare delle Piante". Editori: Pasqua G., Forni C. Publisher: Piccin. ISBN: 978-88-299-3275-7.
2. Cardi T., Aversano A., **D'Agostino N.**, Grillo S., Leone A., Scossa F., Scotti, N. (2014) La cellula vegetale e i suoi genomi. In "Biotecnologie e Genomica delle Piante". Editori: Rao R., Leone A. Publisher: Idelson-Gnocchi. ISBN: 978-88-7947-585-3.
3. Rao R., Blanco A., Chiusano M.L., Consonni G., Corrado G., **D'Agostino N.**, De Tommasi N., Gadaleta A., Lanteri S., Leone A., Montemurro C., Portis E. (2014) Analisi del genoma nucleare delle piante: la struttura, l'espressione e le funzioni. In "Biotecnologie e Genomica delle Piante". Editori: Rao R., Leone A. Publisher: Idelson-Gnocchi. ISBN: 978-88-7947-585-3.

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Dlgs 196 del 30 giugno 2003

In fede
Nunzio D'Agostino