

Curriculum Vitae

Nicola Vitulo

1.	Informazioni personali	2
2.	Educazione.....	2
3.	Positione.....	2
4.	Insegnamenti	3
5.	Esperienza all'estero	3
6.	Insegnamento avanzato e workshop	3
7.	Supervisione studenti	4
8.	Attività editoriale	4
9.	Membership	4
10.	Progetti finanziati	5
11.	Accordo di ricerca a contratto e convenzioni con istituti di ricerca.....	5
12.	Brevetti	5
13.	Principale attività di ricerca.....	5
14.	Parametri scientifici.....	6
15.	Pubblicazioni selezionate.....	6
16.	Lista delle pubblicazioni.....	7
17.	Capitolo di libri	14

1. Informazioni personali

Nome e Cognome: Nicola Vitulo
Data di nascita: 23 Settembre 1976
Cittadinanza: Italiana
Indirizzo ufficio: Dipartimento di Biotecnologie,
Università di Verona,
Strada Le Grazie 15,
37134 Verona (VR)
Telefono: 045-8027892
E-mail: nicola.vitulo@univr.it

2. Educazione

- **21 Marzo 2001 laurea in “*Scienze biologiche*”** presso il Dipartimento di Biologia dell’Università di Padova. Titolo della tesi: “Analisi di trascritti muscolo scheletrici contenenti sequenze ripetute (supervisor: Prof. G. Lanfranchi).
- **2002-2005 studente di dottorato** ” presso il Dipartimento di Biologia dell’Università di Padova. Dal 2002 al 2005 ha lavorato nel laboratorio diretto dal Prof. G. Valle (CRIBI, University of Padova). Titolo della tesi “Analisi bioinformatiche del genoma di *Photobacterium profundum* SS9”. 31/03/2005 ottiene il Dottorato in Biotecnologie.

3. Posizione

Posizione corrente

- **21/12/2018-oggi:** Professore associato presso l’Università di Verona, Dipartimento di Biotecnologie.

Posizioni passate

- **21/12/2015-20/01/2018:** Ricercatore RTDb presso l’Università di Verona, Dipartimento di Biotecnologie.
- **01/04/2014-20/12/2015:** Assegnista di ricerca presso il dipartimento di Biologia dell’Università di Padova nel laboratorio del Prof. G. Valle. Titolo del progetto “Sviluppo e applicazione di metodi bioinformatici innovativi per l’analisi di dati NGS relativi a malattie umane”.
- **01/04/2012-31/03/2014:** Assegnista di ricerca presso il dipartimento di Biologia dell’Università di Padova nel laboratorio del Prof. G. Valle. Titolo del progetto: “Analisi bioinformatiche per l’analisi di metilazione del DNA”.
- **01/04/2010-31/03/2012:** Assegnista di ricerca presso il dipartimento di Biologia dell’Università di Padova nel laboratorio del Prof. G. Valle. Titolo del Progetto: “Analisi genomica di organismi d’interesse agro-alimentare mediante approcci bioinformatici”.
- **01/03/2008-28/02/2010:** Assegnista di ricerca presso l’Università degli Studi di Padova nel laboratorio di ricerca del Prof. G. Valle. Titolo del progetto: “Approccio Post-genomico e bioinformatico allo

studio dell'adattamento molecolare all'alta pressione (piezofilia) e bassa temperatura (psicrofilia).

- **01/05/2007-29/02/2008:** Assegnista di ricerca presso l'Università degli Studi di Padova nel laboratorio di ricerca del Prof. G. Valle. Titolo del progetto: "Approccio Post-genomico e bioinformatico allo studio dell'adattamento molecolare all'alta pressione (piezofilia) e bassa temperatura (psicrofilia)"
- **01/03/2006-30/04/2007:** Assegnista di ricerca presso l'Università degli Studi di Padova nel laboratorio di ricerca del Prof. G. Valle. Titolo del progetto: "Approccio Post-genomico e bioinformatico allo studio dell'adattamento molecolare all'alta pressione (piezofilia) e bassa temperatura (psicrofilia)"
- **01/01/2005-28/02/2006** titolare di una borsa di studio su fondi FIRB presso l'Università degli Studi di Padova nel laboratorio di ricerca genomica del Prof. G. Valle
- **01/04/2001-31/12/2002** titolare di una borsa di studio presso il laboratorio di ricerca genomica diretto dai Prof. G. Lanfranchi e G. Valle (CRIBI – Università di Padova), nell'ambito del progetto di ricerca B41 finanziato dalla Fondazione Telethon.

4. Insegnamenti

- **2005-2008** "*Bioinformatica III*" LM in Biologia Molecolare, Università di Padova.
- **2005** "*Bioinformatica*", LM in Biotecnologie agro-industriali, Università di Padova.
- **2009** "*Bioinformatica*" FSE Regione Veneto n. 2120/1/4/1017/2008, "*Tecnologie per la società dell'informazione*", University Ca'Foscari Venezia.
- **2010-2016** "*Biostatistica computazionale e bioinformatica*", LM in Statistica, Università di Padova.
- **2016-2024** "*Computational Genomics*" LM in Molecular and medical biotechnology, Università di Verona.
- **2017-oggi** "*Bioinformatica e banche dati biologiche*", corso triennale in Biotecnologie, Università di Verona
- **2020-oggi** "*Bioinformatica*", LM in Biotecnologie per le biorisorse e lo sviluppo ecosostenibile e LM in Biotecnologie Agro-industriali, Università di Verona,

5. Esperienza all'estero

Da luglio a dicembre 2005 è stato ricercatore in visita presso la SCRIPPS Institution of Oceanography, University of San Diego, La Jolla, California, nel laboratorio del Prof. Douglas Bartlett e della Prof.ssa Terry Gaasterland. Durante questo periodo ha lavorato sul confronto tra il genoma di *Photobacterium profundum* 3TCK, un batterio mesofilo incapace di crescere ad alte pressioni idrostatiche, e il genoma di *Photobacterium profundum* SS9, un batterio psicrofilo e piezofilo isolato da un omogeneizzato di anfipodi a una profondità di 2500 metri nel mare di Sulu.

6. Insegnamento avanzato e workshop

- 2005** Corso di Bioinformatica, SIGA, Salsomaggiore Terme. Titolo della presentazione : "Integrazione di dati di microarray e data mining". 2-4 May 2005
- 2007** EC-US workshop "Cyber-infrastructure resources for genome-enabled research on microbial life and the marine environment", 9-11 September 2007 at Arlington, VA, USA. La sua presentazione

riguardava l'implementazione di servizi web e il sistema di gestione dei flussi di lavoro per l'integrazione di dati metagenomici.

2011 Workshop “RGASP 3” , Barcellona dal 4 al 7 Aprile 2011. La sua presentazione riguardava il programma di allineamento PASS (*Campagna et al., Bioinformatics, 2009*) sviluppato presso il CRIBI.

Grape Research Coordination Network 3rd Annual Conference (June 2 - 5, 2011 – Lake Tahoe, California, USA). La sua presentazione riguardava l'annotazione del genoma di vite.

DAIS - Università Ca' Foscari di Venezia, Gennaio 31, 2011, titolo del seminario: “*Introduction to molecular biology*”

DAIS - Università Ca' Foscari di Venezia, Febbraio 2, 2011, titolo del seminario: “*Introduction to molecular biology*”

DAIS - Università Ca' Foscari di Venezia, Marzo 30, 2011, titolo del seminario: “*DNA sequencing using next generation technologies.*”

2015 Workshop EPIGEN: Statistical Analysis of NGS Data. September 9-11, 2015 – Padova. Ha coordinato il workshop del terzo giorno sul ri-sequenziamento del genoma e i metodi di prioritizzazione delle varianti.

2018 Membro del comitato organizzatore della winter school in “*Applied Bioinformatics*”, Scuola di Dottorato in Scienze Naturali ed Ingegneristiche – PhD in Biotechnology , Università of Verona, tenuta a Canazei (TN) Gennaio 21-25, 2018.

2019 Membro del comitato organizzatore della winter school in “*Understanding human genome variations and their influences on human traits. Bioinformatics insight*”, PhD School in Life and Health Sciences, tenuta a Canazei (TN) Gennaio 13-18, 2019.

2019 “*A micro Workshop on NGS Data Analysis*”, Titolo: “Metabarcoding analysis: from raw reads to data interpretation”, Quadram Institute, Norwich.

2022-today “*Master in Omics Data Analysis*”, topic: analisi bioinformatiche di dati di metabarcoding. Università of Padova.

2024 Seminario di Dottorato presso il Dipartimento di Agricultural, Food, and Environmental Sciences, Università of Perugia. Title: “Bioinformatics in Metagenomics: from raw reads to data interpretation”

MiCropBiomes COST Action on “Dissecting the Role of Phytobiota in Plant Health” tenuto a Verona, Italia. Title: “Bioinformatics in Metagenomics: from raw reads to data interpretation”

7. Supervisione studenti

- Supervisore di tre student di dottorato.
- Co-supervisore di tre studenti di dottorato.
- Supervisore di tesi di più di 10 studenti.

8. Attività editoriale

- Membro dell’Editorial board di BMC Bioinformatics since 2022
- Svolge attività di revisore per diverse riviste scientifiche come (Bioinformatics, BMC Bioinformatics, BMC Genomics, PlosONE, Nucleic Acid Research)

9. Membership

- Membro della Società Italiana di Bioinformatica.

10. Progetti finanziati

- 2016** “Journey to the cold and back : comparative genomics and transcriptomics in Antarctic and sub-Antarctic notothenioids” Programma Nazionale di Ricerca in Antartide. Bando PNRA 5 aprile 2016, n. 651. PNRA16_00226 – A1
- 2017** “Biocontrollo delle patologie della vite: strumenti e approcci bioinformatici innovativi per l’analisi della comunità microbica dell’uva (metagenomica) mediante l’utilizzo tecnologie di sequenziamento di nuova generazione (NiuGen)”, Regione Veneto, cod 1695-4- 2216-2016, assegni FSE.
- 2024** “Mining the biodiversity of non conventional yeasts as bioresources for innovative fermented beverages through a genomics and bioinformatics approach - NCYdiversity” PRIN: PROGETTI DI RICERCA DI RILEVANTE INTERESSE NAZIONALE – Bando 2022 PNRR, funded by European Union and Italian Ministry of University and Research.

11. Accordo di ricerca a contratto e convenzioni con istituti di ricerca.

- 2018** Contratto di ricerca con l’azienda Illycaffè S.p.A, titolo del progetto “Genome sequencing and functional genomics of Coffea arabica genome”.
- 2018** Contratto di ricerca con l’azienda Luigi Lavazza S.p.A, titolo del progetto “Genome sequencing and functional genomics of Coffea arabica genome”.
- 2018** Contratto di ricerca con l’azienda Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Australia’s National Science Agency, titolo del progetto “RNA-seq transcriptomic analysis of grape”
- 2020** Contratto di ricerca con l’azienda Probiotical S.p.A., Italy, titolo del progetto “Statistical analyses applied to clinical trials for evaluating the efficacy of probiotic treatment.”
- 2021** Contratto di ricerca con l’azienda Probiotical S.p.A., Italy, titolo del progetto “Statistical analyses applied to clinical trials for evaluating the efficacy of probiotic treatment.”
- 2021** Contratto di collaborazione con l’ Istituto di Genomica Applicata (IGA), Italia, titolo del progetto “Assembly and annotation of the genome of Coffea arabica, Bourbon variety.”
- 2021** Contratto di collaborazione con il Dipartimento di scienze Chirurgiche, Oncologiche e Gastrointestinali dell’Università di Padova, titolo del progetto “Analysis of gut microbiota changes induced by the intake of micro-encapsulated sodium butyrate in patients with chronic inflammatory bowel diseases.”
- 2023** Contratto di ricerca con l’azienda Probiotical S.p.A., Italy, titolo del progetto “Statistical analyses applied to clinical trials for evaluating the efficacy of probiotic treatment.”

12. Brevetti

- 2022** Co-inventore del brevetto 'COMPOSITION IN MICRO-ENCAPSULATED FORM, BASED ON N-BUTYRIC ACID OR DERIVATIVES THEREOF, FOR TREATING CROHN'S DISEASE OR ULCERATIVE RECTAL COLITIS,' United States Patent, No. US 2022/0160665 A1.

Questa invenzione riguarda un nuovo utilizzo terapeutico di una composizione a base di acido n-biririco o dei suoi derivati in forma microincapsulata. La composizione microincapsulata a base di sodio butirato utilizzata nello studio è disponibile in commercio con il nome commerciale Butyrose, prodotta dallo stesso richiedente del presente brevetto. (SILAS.R.L.)

13. Principale attività di ricerca

Il Prof. Nicola Vitulo è professore associato presso l'Università di Verona, Dipartimento di Biotecnologie. Lavora come biologo computazionale dal 2002. Durante questi anni ha acquisito una grande esperienza nel campo della bioinformatica, sviluppando competenze nella previsione e annotazione dei geni, nell'analisi dell'espressione genica, nella genomica comparata e nella gestione dei dati. L'avvento delle nuove tecnologie di sequenziamento (Next Generation Sequencing, NGS), in grado di produrre milioni di sequenze di DNA in un singolo run a un costo relativamente basso, ha avuto un grande

impatto sulla capacità di studiare la complessità del genoma a livello genomico, trascrittomico ed epigenetico, offrendo interessanti opportunità per lo sviluppo di nuove risorse bioinformatiche per l'analisi e la gestione dei dati. Il Prof. Vitulo ha lavorato per molti anni nel campo della genomica, sviluppando un forte interesse per molti aspetti di questo settore, concentrandosi soprattutto sulle innovazioni e le sfide introdotte dalle tecnologie NGS. I suoi interessi di ricerca comprendono lo sviluppo di strumenti bioinformatici e l'analisi di dati metagenomici e del viroma provenienti da diversi nicchie ecologiche, nonché lo studio della correlazione tra il microbioma intestinale umano e la salute umana.

14. Parametri scientifici

Parameters	
Numero di pubblicazioni	87
Numero totale di citazioni	9260
H-index contemporary	33

* Parametri ricavati da *Scopus* (last update 11/02/2025).

15. Pubblicazioni selezionate

1. Di Cesare F, Calgaro M, Ghini V, Squarzanti DF, De Prisco A, Visciglia A, et al. Exploring the Effects of Probiotic Treatment on Urinary and Serum Metabolic Profiles in Healthy Individuals. *JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH*. 2023;22(12):3866–78.
2. Calgaro M, Romualdi C, Risso D, Vitulo N. benchdamic: benchmarking of differential abundance methods for microbiome data. *BIOINFORMATICS*. 2023;(1):1–3.
3. Pandolfo M, Telatin A, Lazzari G, Adriaenssens EM, Vitulo N. MetaPhage: an Automated Pipeline for Analyzing, Annotating, and Classifying Bacteriophages in Metagenomics Sequencing Data. *MSYSTEMS*. 2022;(5):1–13.
4. Guidetti C, Salvini E, Viri M, Deidda F, Amoroso A, Visciglia A, et al. Randomized Double-Blind Crossover Study for Evaluating a Probiotic Mixture on Gastrointestinal and Behavioral Symptoms of Autistic Children. *JOURNAL OF CLINICAL MEDICINE*. 2022;11(18):1–17.
5. Facchin S, Calgaro M, Pandolfo M, Caldart F, Ghisa M, Greco E, et al. Salivary microbiota composition may discriminate between patients with eosinophilic oesophagitis (EoE) and non-EoE subjects. *ALIMENTARY PHARMACOLOGY & THERAPEUTICS*. 2022;(3):1–13.
6. A Haas E, A Saad MJ, Santos A, Vitulo N, F Lemos Junior WJ, A Martins AM, et al. A red wine intervention does not modify plasma trimethylamine N-oxide but is associated with broad shifts in the plasma metabolome and gut microbiota composition. *THE AMERICAN JOURNAL OF CLINICAL NUTRITION*. 2022;(9):1–15.
7. Solito A, Bozzi Cionci N, Calgaro M, Caputo M, Vannini L, Hasballa I, et al. Supplementation with *Bifidobacterium breve* BR03 and B632 strains improved insulin

- sensitivity in children and adolescents with obesity in a cross-over, randomized double-blind placebo-controlled trial. *CLINICAL NUTRITION*. 2021;40(7):4585–94.
8. Calgaro M, Pandolfo M, Salvetti E, Marotta A, Larini I, Pane M, et al. Metabarcoding analysis of gut microbiota of healthy individuals reveals impact of probiotic and maltodextrin consumption. *BENEFICIAL MICROBES*. 2021;12(2):121–36.
 9. Bordugo A, Salvetti E, Rodella G, Piazza M, Dianin A, Amoroso A, et al. Assessing Gut Microbiota in an Infant with Congenital Propionic Acidemia before and after Probiotic Supplementation. *MICROORGANISMS*. 2021;9(12):1–18.
 10. Facchin S, Vitulo N, Calgaro M, Buda A, Romualdi C, Pohl D, et al. Microbiota changes induced by microencapsulated sodium butyrate in patients with inflammatory bowel disease. *NEUROGASTROENTEROLOGY AND MOTILITY*. 2020;(10):1–10.
 11. Calgaro M, Romualdi C, Waldron L, Risso D, Vitulo N. Assessment of statistical methods from single cell, bulk RNA-seq, and metagenomics applied to microbiome data. *GENOME BIOLOGY*. 2020;21(1):191–221.
 12. Magro DO, Santos A, Guadagnini D, de Godoy FM, Silva SHM, Lemos WJF, et al. Remission in Crohn's disease is accompanied by alterations in the gut microbiota and mucins production. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2019;9(1):1–10.

16. Lista delle pubblicazioni

1. Scalabrin S, Magris G, Liva M, Vitulo N, Vidotto M, Scaglione D, et al. A chromosome-scale assembly reveals chromosomal aberrations and exchanges generating genetic diversity in *Coffea arabica* germplasm. *NATURE COMMUNICATIONS*. 2024;15(1):1–15.
2. Boscari E, Palle SD, Vitulo N, Scapolatiello A, Schiavon L, Cariani A, et al. MIPs: multi-locus intron polymorphisms in species identification and population genomics. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2024;14(1):1–14.
3. Bombardi L, Salini A, Aulitto M, Zuliani L, Andreolli M, Bordoli P, et al. Lignocellulolytic Potential of Microbial Consortia Isolated from a Local Biogas Plant: The Case of Thermostable Xylanases Secreted by Mesophilic Bacteria. *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*. 2024;25(2):1–28.
4. Velt A, Frommer B, Blanc S, Holtgräwe D, Duchêne É, Dumas V, et al. An improved reference of the grapevine genome reasserts the origin of the PN40024 highly homozygous genotype. *G3*. 2023;13(5):1–14.
5. Quotti Tubi L, Canovas Nunes S, Mandato E, Pizzi M, Vitulo N, D'Agnolo M, et al. CK2 β Regulates Hematopoietic Stem Cell Biology and Erythropoiesis. *HEMASPHERE*. 2023;7(12):1–19.
6. Molesini B, Pennisi F, Vitulo N, Pandolfini T. MicroRNAs associated with AGL6 and IAA9 function in tomato fruit set. *BMC RESEARCH NOTES*. 2023;16(242):1–6.

7. Di Cesare F, Calgaro M, Ghini V, Squarzanti DF, De Prisco A, Visciglia A, et al. Exploring the Effects of Probiotic Treatment on Urinary and Serum Metabolic Profiles in Healthy Individuals. *JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH*. 2023;22(12):3866–78.
8. Calgaro M, Romualdi C, Risso D, Vitulo N. benchdamic: benchmarking of differential abundance methods for microbiome data. *BIOINFORMATICS*. 2023;(1):1–3.
9. Quotti Tubi L, Mandato E, Canovas Nunes S, Arjomand A, Zaffino F, Manni S, et al. CK2 β -regulated signaling controls B cell differentiation and function. *FRONTIERS IN IMMUNOLOGY*. 2022;13:1–25.
10. Pandolfo M, Telatin A, Lazzari G, Adriaenssens EM, Vitulo N. MetaPhage: an Automated Pipeline for Analyzing, Annotating, and Classifying Bacteriophages in Metagenomics Sequencing Data. *MSYSTEMS*. 2022;(5):1–13.
11. Molesini B, Pennisi F, Cressoni C, Vitulo N, Dusi V, Speghini A, et al. Nanovector-mediated exogenous delivery of dsRNA induces silencing of target genes in very young tomato flower buds. *NANOSCALE ADVANCES*. 2022;4(21):4542–53.
12. Guidetti C, Salvini E, Viri M, Deidda F, Amoruso A, Visciglia A, et al. Randomized Double-Blind Crossover Study for Evaluating a Probiotic Mixture on Gastrointestinal and Behavioral Symptoms of Autistic Children. *JOURNAL OF CLINICAL MEDICINE*. 2022;11(18):1–17.
13. Facchin S, Calgaro M, Pandolfo M, Caldart F, Ghisa M, Greco E, et al. Salivary microbiota composition may discriminate between patients with eosinophilic oesophagitis (EoE) and non-EoE subjects. *ALIMENTARY PHARMACOLOGY & THERAPEUTICS*. 2022;(3):1–13.
14. Facchin S, Calgaro M, Pandolfo M, Caldart F, Ghisa M, Vitulo N, et al. Editorial: non-invasive testing for EoE —does microbiome testing hold the key? Authors’ reply. *ALIMENTARY PHARMACOLOGY & THERAPEUTICS*. 2022;56(4):729–30.
15. A Haas E, A Saad MJ, Santos A, Vitulo N, F Lemos Junior WJ, A Martins AM, et al. A red wine intervention does not modify plasma trimethylamine N-oxide but is associated with broad shifts in the plasma metabolome and gut microbiota composition. *THE AMERICAN JOURNAL OF CLINICAL NUTRITION*. 2022;(9):1–15.
16. Vandelle E, Ariani P, Regaiolo A, Danzi D, Lovato A, Zadra C, et al. The Grapevine E3 Ubiquitin Ligase VriATL156 Confers Resistance against the Downy Mildew Pathogen *Plasmopara viticola*. *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*. 2021;22(2):940–58.
17. Solito A, Bozzi Cionci N, Calgaro M, Caputo M, Vannini L, Hasballa I, et al. Supplementation with *Bifidobacterium breve* BR03 and B632 strains improved insulin sensitivity in children and adolescents with obesity in a cross-over, randomized double-blind placebo-controlled trial. *CLINICAL NUTRITION*. 2021;40(7):4585–94.
18. Guardini Z, Dall’Osto L, Barera S, Jaber M, Cazzaniga S, Vitulo N, et al. High Carotenoid Mutants of *Chlorella vulgaris* Show Enhanced Biomass Yield under High Irradiance. *PLANTS*. 2021;10(5):1–25.

19. Giovannoni M, Larini I, Scafati V, Scortica A, Compri M, Pontiggia D, et al. A novel *Penicillium sumatraense* isolate reveals an arsenal of degrading enzymes exploitable in algal bio-refinery processes. *BIOTECHNOLOGY FOR BIOFUELS*. 2021;14(1):1–20.
20. Fattore N, Bellan A, Pedroletti L, Vitulo N, Morosinotto T. Acclimation of photosynthesis and lipids biosynthesis to prolonged nitrogen and phosphorus limitation in *Nannochloropsis gaditana*. *ALGAL RESEARCH*. 2021;58:1–11.
21. Fasani E, DAL CORSO G, Zorzi G, Vitulo N, Furini A. Comparative analysis identifies micro-RNA associated with nutrient homeostasis, development and stress response in *Arabidopsis thaliana* upon high Zn and metal hyperaccumulator *Arabidopsis helleri*. *PHYSIOLOGIA PLANTARUM*. 2021;173(3):920–934–934.
22. De Jesus Inacio L, Merlanti R, Lucatello L, Bisutti V, Carraro L, Larini I, et al. Natural contaminants in bee pollen: DNA metabarcoding as a tool to identify floral sources of pyrrolizidine alkaloids and fungal diversity. *FOOD RESEARCH INTERNATIONAL*. 2021;146(110438):1–12.
23. de Almeida OGG, Vitulo N, De Martinis ECP, Felis GE. Pangenome analyses of LuxS-coding genes and enzymatic repertoires in cocoa-related lactic acid bacteria. *GENOMICS*. 2021;113(4):1659–70.
24. D’Inca E, Cazzaniga S, Foresti C, Vitulo N, Bertini E, Galli M, et al. VviNAC33 promotes organ de-greening and represses vegetative growth during the vegetative-to-mature phase transition in grapevine. *NEW PHYTOLOGIST*. 2021;231(2):726–46.
25. Calgaro M, Pandolfo M, Salvetti E, Marotta A, Larini I, Pane M, et al. Metabarcoding analysis of gut microbiota of healthy individuals reveals impact of probiotic and maltodextrin consumption. *BENEFICIAL MICROBES*. 2021;12(2):121–36.
26. Bordugo A, Salvetti E, Rodella G, Piazza M, Dianin A, Amoroso A, et al. Assessing Gut Microbiota in an Infant with Congenital Propionic Acidemia before and after Probiotic Supplementation. *MICROORGANISMS*. 2021;9(12):1–18.
27. Urciuolo A, Serena E, Ghua R, Zatti S, Giomo M, Mattei N, et al. Engineering a 3D in vitro model of human skeletal muscle at the single fiber scale. *PLOS ONE*. 2020;15(5):1–10.
28. Scalabrin S, Toniutti L, Di Gaspero G, Scaglione D, Magris G, Vidotto M, et al. A single polyploidization event at the origin of the tetraploid genome of *Coffea arabica* is responsible for the extremely low genetic variation in wild and cultivated germplasm. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2020;10(1):4642–54.
29. Pinosio S, Marroni F, Zuccolo A, Vitulo N, Mariette S, Sonnante G, et al. A draft genome of sweet cherry (*Prunus avium* L.) reveals genome-wide and local effects of domestication. *PLANT JOURNAL*. 2020;(4):1–10.
30. Palumbo F, Vitulo N, Vannozzi A, Magon G, Barcaccia G. The Mitochondrial Genome Assembly of Fennel (*Foeniculum vulgare*) Reveals Two Different atp6 Gene Sequences in Cytoplasmic Male Sterile Accessions. *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*. 2020;21(13):4664–74.

31. Facchin S, Vitulo N, Calgaro M, Buda A, Romualdi C, Pohl D, et al. Microbiota changes induced by microencapsulated sodium butyrate in patients with inflammatory bowel disease. *NEUROGASTROENTEROLOGY AND MOTILITY*. 2020;(10):1–10.
32. Calgaro M, Romualdi C, Waldron L, Risso D, Vitulo N. Assessment of statistical methods from single cell, bulk RNA-seq, and metagenomics applied to microbiome data. *GENOME BIOLOGY*. 2020;21(1):191–221.
33. Balzan S, Carraro L, Merlanti R, Lucatello L, Capolongo F, Fontana F, et al. Microbial metabarcoding highlights different bacterial and fungal populations in honey samples from local beekeepers and market in north-eastern Italy. *INTERNATIONAL JOURNAL OF FOOD MICROBIOLOGY*. 2020;334:108806–13.
34. Vitulo N, Lemos WJF, Calgaro M, Confalone M, Felis G, Zapparoli G, et al. Bark and Grape Microbiome of *Vitis vinifera*: Influence of Geographic Patterns and Agronomic Management on Bacterial Diversity. *FRONTIERS IN MICROBIOLOGY*. 2019;9:3203–14.
35. Magro DO, Santos A, Guadagnini D, de Godoy FM, Silva SHM, Lemos WJF, et al. Remission in Crohn's disease is accompanied by alterations in the gut microbiota and mucins production. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2019;9(1):1–10.
36. Lovato A, Pignatti A, Vitulo N, Vandelle E, Polverari A. Inhibition of Virulence-Related Traits in *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* by Gunpowder Green Tea Extracts. *FRONTIERS IN MICROBIOLOGY*. 2019;10:1–17.
37. Fasoli M, Richter C, Zenoni S, Bertini E, Vitulo N, Dal Santo S, et al. Unraveling the key molecular events of grape berry ripening. In: *Acta Horticulturae*. PO BOX 500, 3001 LEUVEN 1, BELGIUM: INT SOC HORTICULTURAL SCIENCE; 2019. p. 241–8.
38. Bargelloni L, Babbucci M, Ferraresso S, Papetti C, Vitulo N, Carraro R, et al. Draft genome assembly and transcriptome data of the icefish *Chionodraco myersi* reveal the key role of mitochondria for a life without hemoglobin at subzero temperatures. *COMMUNICATIONS BIOLOGY*. 2019;2(1):1–11.
39. Pauletto M, Manousaki T, Ferraresso S, Babbucci M, Tsakogiannis A, Louro B, et al. Genomic analysis of *Sparus aurata* reveals the evolutionary dynamics of sex-biased genes in a sequential hermaphrodite fish. *COMMUNICATIONS BIOLOGY*. 2018;1(1):119–31.
40. Palumbo F, Vannozzi A, Vitulo N, Lucchin M, Barcaccia G. The leaf transcriptome of fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) enables characterization of the t-anethole pathway and the discovery of microsatellites and single-nucleotide variants. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2018;8(1):10459–70.
41. Palumbo F, Galla G, Vitulo N, Barcaccia G. First draft genome sequencing of fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.): identification of simple sequence repeats and their application in marker-assisted breeding. *MOLECULAR BREEDING*. 2018;38(10):38–49.
42. Nigris S, Baldan E, Tondello A, Zanella F, Vitulo N, Favaro G, et al. Biocontrol traits of *Bacillus licheniformis* GL174, a culturable endophyte of *Vitis vinifera* cv. Glera. *BMC MICROBIOLOGY*. 2018;18(1):133–48.

43. Fasoli M, Richter CL, Zenoni S, Bertini E, Vitulo N, Dal Santo S, et al. Timing and Order of the Molecular Events Marking the Onset of Berry Ripening in Grapevine. *PLANT PHYSIOLOGY*. 2018;178(3):1187–206.
44. De Iudicibus S, Lucafò M, Vitulo N, Martellosi S, Zimbello R, De Pascale F, et al. High-Throughput Sequencing of microRNAs in Glucocorticoid Sensitive Paediatric Inflammatory Bowel Disease Patients. *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*. 2018;19(5):1399–409.
45. Cecchin M, Benfatto S, Griggio F, Mori A, Cazzaniga S, Vitulo N, et al. Molecular basis of autotrophic vs mixotrophic growth in *Chlorella sorokiniana*. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2018;8(1):1–13.
46. Ambrosino L, Ruggieri V, Bostan H, Miralto M, Vitulo N, Zouine M, et al. Multilevel comparative bioinformatics to investigate evolutionary relationships and specificities in gene annotations: an example for tomato and grapevine. *BMC BIOINFORMATICS*. 2018;19(Suppl 15):435–51.
47. Vitulo N, Dalla Valle L, Skobo T, Valle G, Alibardi L. Transcriptome analysis of the regenerating tail versus the scarring limb in lizard reveals pathways leading to successful versus unsuccessful organ regeneration in amniotes. *DEVELOPMENTAL DYNAMICS*. 2017;(2):1–50.
48. Vitulo N, Dalla Valle L, Skobo T, Valle G, Alibardi L. Downregulation of lizard immunogenes in the regenerating tail and myogenes in the scarring limb suggests that tail regeneration occurs in an immuno-privileged organ. *PROTOPLASMA*. 2017;(6):1–15.
49. Vannozzi A, Donnini S, Vigani G, Corso M, Valle G, Vitulo N, et al. Transcriptional Characterization of a Widely-Used Grapevine Rootstock Genotype under Different Iron-Limited Conditions. *FRONTIERS IN PLANT SCIENCE*. 2017;7:1994–2010.
50. Santi C, Molesini B, Guzzo F, Pii Y, Vitulo N, Pandolfini T. Genome-Wide Transcriptional Changes and Lipid Profile Modifications Induced by *Medicago truncatula* N5 Overexpression at an Early Stage of the Symbiotic Interaction with *Sinorhizobium meliloti*. *GENES*. 2017;8(12):1–23.
51. Pagliarani C, Vitali M, Ferrero M, Vitulo N, Incarbone M, Lovisolo C, et al. The Accumulation of miRNAs Differentially Modulated by Drought Stress Is Affected by Grafting in Grapevine. *PLANT PHYSIOLOGY*. 2017;173(4):2180–95.
52. Boscari E, Vitulo N, Ludwig A, Caruso C, Mague NS, Suci R, et al. Fast genetic identification of the Beluga sturgeon and its sought-after caviar to stem illegal trade. *FOOD CONTROL*. 2017;75:145–52.
53. Bertoldi L, Forcato C, Vitulo N, Birolo G, De Pascale F, Feltrin E, et al. QueryOR: a comprehensive web platform for genetic variant analysis and prioritization. *BMC BIOINFORMATICS*. 2017;18(1):225–35.
54. Rosselli R, Romoli O, Vitulo N, Vezzi A, Campanaro S, de Pascale F, et al. Direct 16S rRNA-seq from bacterial communities: a PCR-independent approach to simultaneously

- assess microbial diversity and functional activity potential of each taxon. *SCIENTIFIC REPORTS*. 2016;6:32165–76.
55. Corso M, Vannozzi A, Ziliotto F, Zouine M, Maza E, Nicolato T, et al. Grapevine Rootstocks Differentially Affect the Rate of Ripening and Modulate Auxin-Related Genes in Cabernet Sauvignon Berries. *FRONTIERS IN PLANT SCIENCE*. 2016;7(2016):69–82.
 56. Corso M, Vannozzi A, Maza E, Vitulo N, Meggio F, Bouzayen M, et al. Transcriptome pathways in leaf and root of grapevine genotypes with contrasting drought tolerance. *ACTA HORTICULTURAE*. 2016;(1136):161–8
 57. Campagna D, Gasparini F, Franchi N, Vitulo N, Ballin F, Manni L, et al. Transcriptome dynamics in the asexual cycle of the chordate *Botryllus schlosseri*. *BMC GENOMICS*. 2016;17(1):275–91.
 58. Alboresi A, Perin G, Vitulo N, Diretto G, Block M, Jouhet J, et al. Light Remodels Lipid Biosynthesis in *Nannochloropsis gaditana* by Modulating Carbon Partitioning between Organelles. *PLANT PHYSIOLOGY*. 2016;171(4):2468–82.
 59. Jasnic Savovic J, Nestorovic A, Savic S, Karasek S, Vitulo N, Valle G, et al. Profiling of skeletal muscle Ankrd2 protein in human cardiac tissue and neonatal rat cardiomyocytes. *HISTOCHEMISTRY AND CELL BIOLOGY*. 2015;143(6):583–97.
 60. Corso M, Vannozzi A, Maza E, Vitulo N, Meggio F, Pitacco A, et al. Comprehensive transcript profiling of two grapevine rootstock genotypes contrasting in drought susceptibility links the phenylpropanoid pathway to enhanced tolerance. *JOURNAL OF EXPERIMENTAL BOTANY*. 2015;66(19):5739–52.
 61. Campagna D, Gasparini F, Franchi N, Manni L, Telatin A, Vitulo N, et al. SATRAP: SOLiD Assembler TRANslation Program. *PLOS ONE*. 2015;10(9):275–91.
 62. Barabaschi D, Magni F, Volante A, Gadaleta A, Šimková H, Scalabrin S, et al. Physical Mapping of Bread Wheat Chromosome 5A: An Integrated Approach. *THE PLANT GENOME*. 2015;8(3):1–24.
 63. Vitulo N, Forcato C, Carpinelli EC, Telatin A, Campagna D, D'Angelo M, et al. A deep survey of alternative splicing in grape reveals changes in the splicing machinery related to tissue, stress condition and genotype. *BMC PLANT BIOLOGY*. 2014;14(1):1–16.
 64. Martinelli VC, Kyle WB, Kojic S, Vitulo N, Zhaohui L, Belgrano A, et al. ZASP interacts with the mechanosensing protein Ankrd2 and p53 in the signalling network of striated muscle. *PLOS ONE*. 2014;9(3):1–18.
 65. Lauro FM, Eloë Fadrosch EA, Richter TKS, Vitulo N, Ferriera S, Johnson JH, et al. Ecotype diversity and conversion in *Photobacterium profundum* strains. *PLOS ONE*. 2014;9(5):1–10.

66. Corteggiani Carpinelli E, Telatin A, Vitulo N, Forcato C, D'Angelo M, Schiavon R, et al. Chromosome scale genome assembly and transcriptome profiling of *Nannochloropsis gaditana* in nitrogen depletion. *MOLECULAR PLANT*. 2014;7(2):323–35.
67. Pellizzari C, Krasnov A, Afanasyev S, Vitulo N, Franch R, Pegolo S, et al. High mortality of juvenile gilthead sea bream (*Sparus aurata*) from photobacteriosis is associated with alternative macrophage activation and anti-inflammatory response: results of gene expression profiling of early responses in the head kidney. *FISH AND SHELLFISH IMMUNOLOGY*. 2013;34(5):1269–78.
68. Engström P, Steijger T, Sipos B, Grant G, Kahles A, Alioto T, et al. Systematic evaluation of spliced alignment programs for RNA-seq data. *NATURE METHODS*. 2013;10(12):1185–91.
69. Capomaccio S, Vitulo N, Verini Supplizi A, Barcaccia G, Albiero A, D'Angelo M, et al. RNA sequencing of the exercise transcriptome in equine athletes. *PLOS ONE*. 2013;8(12):1–14.
70. Campagna D, Telatin A, Forcato C, Vitulo N, Valle G. PASS-bis: a bisulfite aligner suitable for whole methylome analysis of Illumina and SOLiD reads. *BIOINFORMATICS*. 2013;29(2):268–70.
71. Sato S, Tabata S, Hirakawa H, Asamizu E, Shirasawa K, Isobe S, et al. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *NATURE*. 2012;485(7400):635–41.
72. Vitulo N, Albiero A, Forcato C, Campagna D, Dal Pero F, Bagnaresi P, et al. First survey of the wheat chromosome 5A composition through a next generation sequencing approach. *PLOS ONE*. 2011;6(10):1–13.
73. Negrisolo E, Kuhl H, Forcato C, Vitulo N, Reinhardt R, Patarnello T, et al. Different phylogenomic approaches to resolve the evolutionary relationships among model fish species. *MOLECULAR BIOLOGY AND EVOLUTION*. 2010;27(12):2757–74.
74. Ferraresso S, Milan M, Pellizzari C, Vitulo N, Reinhardt R, Canario AVM, et al. Development of an oligo DNA microarray for the European sea bass and its application to expression profiling of jaw deformity. *BMC GENOMICS*. 2010;11(1):354–70.
75. Capomaccio S, Verini-Supplizi A, Galla G, Vitulo N, Barcaccia G, Felicetti M, et al. Transcription of LINE-derived sequences in exercise-induced stress in horses. *ANIMAL GENETICS*. 2010;41(2):23–7.
76. Campagna D, Albiero A, Bilardi A, Caniato E, Forcato C, Manavski S, et al. PASS: a program to align short sequences. *BIOINFORMATICS*. 2009;25(7):967–8–968.

77. Lauro FM, Tran K, Vezzi A, Vitulo N, Valle G, Bartlett DH. Large-scale transposon mutagenesis of *Photobacterium profundum* SS9 reveals new genetic loci important for growth at low temperature and high pressure. *JOURNAL OF BACTERIOLOGY*. 2008;190(5):1699–709.
78. Ferraresso S, Vitulo N, Mininni AN, Romualdi C, Cardazzo B, Negrisolo E, et al. Development and validation of a gene expression oligo microarray for the gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *BMC GENOMICS*. 2008;9:580–94.
79. Vitulo N, Vezzi A, Romualdi C, Campanaro S, Valle G. A global gene evolution analysis on Vibrionaceae family using phylogenetic profile. *BMC BIOINFORMATICS*. 2007;8 Suppl 1(Suppl 1):1–16.
80. Vitulo N, Vezzi A, Galla G, Citterio S, Marino G, Ruperti B, et al. Characterization and Evolution of the Cell Cycle-Associated Mob Domain-Containing Proteins in Eukaryotes. *EVOLUTIONARY BIOINFORMATICS ONLINE*. 2007;3:121–58.
81. Jaillon O, Aury JM, Noel B, Policriti A, Clepet C, Casagrande A, et al. The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *NATURE*. 2007;449(7161):449–55.
82. Simonato F, Campanaro S, Lauro FM, Vezzi A, D'Angelo M, Vitulo N, et al. Piezophilic adaptation: a genomic point of view. *JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY*. 2006;126(1):11–25.
83. Vezzi A, Campanaro S, D'Angelo M, Simonato F, Vitulo N, Lauro FM, et al. Life at depth: *Photobacterium profundum* genome sequence and expression analysis. *SCIENCE*. 2005;307(5714):1459–61.
84. Romualdi C, Vitulo N, Del Favero M, Lanfranchi G. MIDAW: a web tool for statistical analysis of microarray data. *NUCLEIC ACIDS RESEARCH*. 2005;33(Web Server issue):644–9.
85. De Pittà C, Tombolan L, Campo Dell'Orto M, Accordi B, te Kronnie G, Romualdi C, et al. A leukemia-enriched cDNA microarray platform identifies new transcripts with relevance to the biology of pediatric acute lymphoblastic leukemia. *HAEMATOLOGICA*. 2005;90(7):890–8.
86. Campanaro S, Vezzi A, Vitulo N, Lauro FM, D'Angelo M, Simonato F, et al. Laterally transferred elements and high pressure adaptation in *Photobacterium profundum* strains. *BMC GENOMICS*. 2005;6(1):122–36.
87. Campagna D, Romualdi C, Vitulo N, Del Favero M, Lexa M, Cannata N, et al. RAP: a new computer program for de novo identification of repeated sequences in whole genomes. *BIOINFORMATICS*. 2005;21(5):582–8.

17. Capitolo di libri

1. Valle G., **Vitulo N.**, Vannozzi A., Telatin A., Lucchin M. (2014). Il genoma dei portainnesti: similarità e differenze con *Vitis vinifera*. In: Progetto AGER-SERRES : strategie innovative per la selezione di nuovi portainnesti di vite, Edition: First Edition

Dicember 2014, Publisher: Edizioni l'informatore agrario, Editors: Attilio Scienza, Osvaldo Failla, Luca Espen, pp.75-85

Verona, 11/02/2025

Prof. Nicola Vitulo

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'Nicola Vitulo', written in a cursive style.