

CURRICULUM VITAE et STUDIORUM

• **DATI PERSONALI:**

Nome e Cognome **Silvia Dal Santo, Ph.D.**
Data e Luogo di Nascita 25 Novembre 1980, Vicenza, Italia
Stato Civile Nubile, 1 figlia
Indirizzo Privato 

Sede di Lavoro Strada Le Grazie 15, 37134 Verona
Tel. +39 045 802 7901
E-mail silvia.dalsanto@univr.it
silvia.dalsanto@postecert.it

• **ISTRUZIONE E FORMAZIONE:**

Agosto 2017 Abilitazione Scientifica nazionale per il ruolo di Professore Universitario di II Fascia; S.C. 05/I1 Genetica, S.S.D. BIO/18 Genetica

Luglio 2017 Abilitazione Scientifica nazionale per il ruolo di Professore Universitario di II Fascia; S.C. 07/E1 Chimica Agraria, Genetica Agraria e Pedologia, S.S.D. AGR/07 Genetica Agraria

Settembre 2009 Dottorato di ricerca in *Natural Sciences*, curriculum di *Molecular Biology*, University of Vienna, Austria. Votazione: *Distinction*
Tesi: “The role of GSK-3 like kinases in *Arabidopsis thaliana* stress response”. Tutor: Dr. Claudia Jonak - Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Austrian Academy of Science, Vienna, Austria.
Ph.D. Defense Board: Prof. Heribert Hirt, Prof Marie-Therese Hauser and Prof. Laszlo Szabados.

Dicembre 2004 Laurea (vecchio ordinamento) in Biotecnologie Agro-Industriali, Università di Verona. Votazione: 110/110
Tesi: “Individuazione e studio della regione regolativa del gene *PhEXPA1* ed analisi genetico-funzionale del relativo mutante inserzionale”, Supervisor: Prof. Mario Pezzotti – Dipartimento Scientifico e Tecnologico, Università di Verona, Italia

Luglio 1999

Diploma di istruzione secondaria superiore ad indirizzo scientifico.
Votazione: 91/100 – Liceo Scientifico P. Lioy, Vicenza, Italy

• **POSIZIONE:**

Marzo 2014 - Oggi Ricercatore a tempo determinate di tipo a (junior). S.S.D. AGR/07, Genetica Agraria, Dipartimento di Biotecnologie, Università di Verona

Gennaio 2014 - Giugno 2014: Congedo di Maternità

• **ESPERIENZE PROFESSIONALI E SOGGIORNI DI STUDIO ALL'ESTERO**

Marzo 2013 – Marzo 2014 Assegnista di Ricerca, presso il Dipartimento di Biotecnologie, Università di Verona, per il progetto INNOVINE “Combining innovation in vineyard management and genetic diversity for a sustainable European viticulture”, finanziato nell'ambito del 7 Programma Quadro con codice FP7-311775

Marzo 2012 – Marzo 2013 Assegnista di Ricerca, presso il Dipartimento di Biotecnologie, Università di Verona, per il progetto PRIN “Characterization of genes involved in berry ripening after pre-bloom defoliation” Finanziato dal MIUR con codice 2009P3B89K_003

Marzo 2011 – Marzo 2012 Assegnista di Ricerca, presso il Dipartimento di Biotecnologie, Università di Verona, per il progetto “Studio del ruolo delle proteine di patogenesi PR-10 nella resistenza di vite a *plasmopara viticola*”.

Ottobre 2010 – Marzo 2011 Assegnista di Ricerca, presso il Dipartimento di Biotecnologie, Università di Verona, per il progetto “Ottenimento di radici transgeniche di *Vitis vinifera* cv Corvina mediante infezione con *A. rhizogenes* per lo studio funzionale di geni regolatori della biosintesi di antociani e benzenoidi.”

Settembre 2009 – Settembre 2010 Assegnista di Ricerca, presso il Dipartimento di scienze, tecnologie e mercati della vite e del vino

(DISTEMEV), Università di Verona, per il progetto ValVive “Plasticità fenotipica in *Vitis vinifera* L.”. Finanziato dalla regione Veneto.

Gennaio 2006 - Settembre 2009 International PhD Program in Molecular Life Sciences, Vienna BioCenter. Mentor: Univ. Doz. Dr. Claudia Jonak - Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology. Faculty Ph.D. Committee: Dr. Claudia Jonak, Prof. Manuela Baccarini, Dr. Werner Aufsatz.

Maggio 2005 - Dicembre 2005 Fellowship, presso i Max F. Perutz Laboratories (MFPL), Department of Biochemistry and Molecular Cell Biology, University of Vienna, Vienna, Austria, nel gruppo di ricerca del Prof. Gustav Ammerer

• **CORSI SPECIALISTICI**

Maggio 2017	Corso sulla Sicurezza sui luoghi di Lavoro per Preposti, Università di Verona, Verona
Maggio 2016	Corso sulla Sicurezza nell'utilizzo di Agenti Radiogeni. Servizio di Prevenzione e Protezione, Università di Verona.
Luglio 2011	PhD Summer School: “Innovative Strategies to Improve Winemaking: new perspective in the light of new knowledge”, Pedemonte, Verona.
Agosto 2007	PhD Summer School: "Environmental Signalling: <i>Arabidopsis</i> as a model". Utrecht University, Paesi Bassi

• **PROGETTI DI RICERCA**

PROGETTI FINANZIATI

01/03/2017 – 01/03/2019

Coordinatrice del Progetto: “DNA methylation landscape variations and relations to

grape fruit ripening.” Bando Joint Project 2016 – Università di Verona e INRA, Francia

Project budget € 172,000

01/02/2015 – 01/08/2017

Coordinatrice del Progetto: “An integrative approach towards the characterization of

grape berry response to source/sink balance alteration” Bando Joint Project 2014 –

Università di Verona e E. & J. Gallo Winery, Modesto, California, USA

Project Budget € 100,650

01/03/2014 – 01/03/2018

Coordinatrice Nazionale del Progetto: “The Epigenomic Plasticity of Grapevine in Genotype per Environment Interactions”- Bando F.I.R.B (Futuro in Ricerca) 2013

Project budget €1,241,400

PARTECIPAZIONE AD ALTRI PROGETTI DI RICERCA

01/01/2013 – 31/12/2016

Partecipazione al progetto INNOVINE “Combining innovation in vineyard management and genetic diversity for a sustainable European viticulture” Finanziato nell'ambito del 7 Programma Quadro con codice FP7-311775

26/04/2012 - 25/10/2016

Partecipazione alle attività della COST Action FA1106 “Quality Fruit”

01/01/2011 – 01/01/2013

Partecipazione al progetto Vigneto “Valorizzazione dei Principali Vitigni Autoctoni Italiani e dei loro Terroir” finanziato dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (MiPAAF)

19/03/2010 – 19/03/2012

Partecipazione al progetto PRIN “Characterization of genes involved in berry ripening after pre-bloom defoliation” Finanziato dal MIUR con codice 2009P3B89K_003

01/01/2009 - 01/01/2012

Partecipazione al Progetto ValVive, “Valorizzazione della Tipicità dei Vitigni Autoctoni e dei Vini Veneti”, Finanziato dalla regione Veneto

• ATTIVITÀ DIDATTICA:

INCARICHI DIDATTICI

2012 **Teaching Assistant**, nel modulo di “Plant Genetics” per il Master internazionale in Fruit Science. Libera Università di Bolzano.

RELATRICE DI TESI DI LAUREA

2016 **Martina Albarello.** Laurea Triennale L2. “Functional characterization of *VvNAC33* and *VvNAC60*, putative master regulators of the vegetative-to-mature phase transition in grapevine”. Università di Verona.

CO- RELATRICE DI TESI DI LAUREA

2013	Erica D'Incà. Laurea Magistrale LM7. "Characterization of genes involved in grapevine ripening after defoliation treatment". Università di Verona.
2012	Francesca Baroni. Laurea Triennale L2. "PHEXPA1 expansin protein production through a transient expression system". Università di Verona.
2009 - 2010	Fasani Elisa. Laurea Magistrale LM7. "Functional Analysis of two <i>Vitis vinifera</i> MYB transcription factors involved in the volatile benzenoids biosynthesis regulation". Università di Verona.
2007 - 2009	Mag. Hansjörg Stampfl. Master Degree in Plant Molecular Biology. "ASK α and ASK γ , two <i>Arabidopsis thaliana</i> GSK-3/Shaggy-like kinases involved in biotic and abiotic stress signalling". University of Vienna, Austria.
2006	Richard Fischl. Bachelor Degree in Natural Sciences. "Yeast-two-hybrid technique for the identification of ATK5 and ATK6 upstream and down-stream interactors". University of Vienna, Austria.

TUTOR AZIENDALE DI TIROCINIO FORMATIVO

2017	Anna Cuccurullo, Università di Verona
2016	Carlotta Traverso, Università di Verona

CONTRIBUTO ALLE ATTIVITÀ SPERIMENTALI DEI VISITING RESEARCHES

Vera Cremers, Radboud University, Nijmegen, The Nederlands
Anscha Zietsman, Stellenbosch University, South Africa
Kari Du Plessis, Stellenbosch University, South Africa
Monica Sanna, University of Sassari, Italy

ALTRE ATTIVITÀ LEGATE ALLA DIDATTICA

Partecipazione come relatrice ai seminari "Research day" organizzati dal Dipartimento di Biotecnologie dell'Università di Verona rivolti agli studenti delle lauree triennale e specialistica in Biotecnologie (Maggio 2014 e Maggio 2015).

• ATTIVITÀ ACCADEMICA E DI RAPPRESENTANZA:

2014 – oggi Membro del Consiglio di Dipartimento di Biotecnologie.

- **ATTIVITÀ DI REVISORE PER RIVISTE INTERNAZIONALI:**

- ✓ BMC Genomics
- ✓ Plos One
- ✓ Genes
- ✓ Frontiers in Plant Sciences
- ✓ The Plant Genome
- ✓ Genes & Genomics
- ✓ Plant Methods
- ✓ American Journal of Enology and Viticulture
- ✓ Australian Journal of Grape and Wine Research
- ✓ Journal of Plant Physiology

- **PREMI E RICONOSCIMENTI**

2014 Premio SIGA "Domenico Mariotti" per la Genetica Agraria 58°
Congresso Annuale SIGA, Quarté Sayàl, Alghero (SS) 15-18
Settembre

- **APPARTENENZA A SOCIETÀ SCIENTIFICHE**

2014 – oggi Membro della Società Italiana di Genetica Agraria (SIGA)

- **ARTICOLI PUBBLICATI O IN CORSO DI PUBBLICAZIONE**

PUBBLICAZIONI SU RIVISTE (* EQUAL CONTRIBUTION)

1. Commisso, M., Anesi, A., **Dal Santo, S.**, and Guzzo, F. (2017). Performance comparison of electrospray ionization and atmospheric pressure chemical ionization in untargeted and targeted liquid chromatography/mass spectrometry based metabolomics analysis of grapeberry metabolites. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 31, 292-300
2. Matus, J.T., Cavallini, E., Loyola, R., Holl, J., Finezzo, L., **Dal Santo, S.**, Vialet, S., Commisso, M., Roman, F., Schubert, A., Alcalde, J.A., Bogs, J., Ageorges, A., Tornielli, G.B., and Arce-Johnson, P. (2017). A group of grapevine MYBA transcription factors located in chromosome 14 control anthocyanin synthesis in vegetative organs with different specificities compared with the berry color locus. *Plant Journal* 91, 220-236.
3. Pastore, C.*, **Dal Santo, S***., Zenoni, S., Movahed, N., Allegro, G., Valentini, G., Filippetti, I., and Tornielli, G.B. (2017). Whole Plant Temperature Manipulation Affects

Flavonoid Metabolism and the Transcriptome of Grapevine Berries. *Frontiers in Plant Science* 8.

4. Pii, Y., Zamboni, A., **Dal Santo, S.**, Pezzotti, M., Varanini, Z., and Pandolfini, T. (2017). Prospect on Ionomic Signatures for the Classification of Grapevine Berries According to Their Geographical Origin. *Frontiers in Plant Science* 8.
5. Zenoni, S., **Dal Santo, S.**, Tornielli, G.B., D'Inca, E., Filippetti, I., Pastore, C., Allegro, G., Silvestroni, O., Lanari, V., Pisciotta, A., Di Lorenzo, R., Palliotti, A., Tombesi, S., Gatti, M., and Poni, S. (2017). Transcriptional Responses to Pre-flowering Leaf Defoliation in Grapevine Berry from Different Growing Sites, Years, and Genotypes. *Frontiers in Plant Science* 8.
6. Carbonell-Bejerano P, Rodriguez V, Hernaiz S, Royo C, **Dal Santo, S.**, Pezzotti M, Martinez-Zapater JM: Reducing sampling bias in molecular studies of grapevine fruit ripening: transcriptomic assessment of the density sorting method. *Theor Exp Plant Phys* 2016, **28**(1):109-129.
7. **Dal Santo, S.**, Fasoli M, Negri S, D'Inca E, Vicenzi N, Guzzo F, Tornielli GB, Pezzotti M, Zenoni S: Plasticity of the Berry Ripening Program in a White Grape Variety. *Frontiers in Plant Science* 2016, **7**:970.
8. Fasoli M, Dell'Anna R, **Dal Santo S**, Balestrini R, Sanson A, Pezzotti M, Monti F, Zenoni S: Pectins, Hemicelluloses and Celluloses Show Specific Dynamics in the Internal and External Surfaces of Grape Berry Skin During Ripening. *Plant & cell physiology* 2016, **57**(6):1332-1349.
9. Stampfl H, Fritz M, **Dal Santo S**, Jonak C: The GSK3/Shaggy-Like Kinase ASKalpha Contributes to Pattern-Triggered Immunity. *Plant physiology* 2016, **171**(2):1366-1377.
10. Zenoni S, Fasoli M, Guzzo F, **Dal Santo S**, Amato A, Anesi A, Comisso M, Herderich M, Ceolto S, Avesani L *et al*: Disclosing the molecular basis of the postharvest life of berry in different grapevine genotypes. *Plant physiology* 2016.
11. Lopes Paim Pinto D, Brancadoro L, **Dal Santo S**, De Lorenzis G, Pezzotti M, Meyers B, Pè ME, Mica E: The Influence of Genotype and Environment on small RNAs profile in Grapevine Berry. *Frontiers in plant science* 2016, **7**(1459).
12. **Dal Santo S**, Comisso M, D'Inca E, Anesi A, Stocchero M, Zenoni S, Ceolto S, Tornielli GB, Pezzotti M, Guzzo F: The terroir concept interpreted through grape berry

metabolomics and transcriptomics. *Journal of Visualized Experiments* 2016. (116), e54410, doi:10.3791/54410.

13. **Dal Santo S***, Palliotti A*, Zenoni S, Tornielli GB, Fasoli M, Paci P, Tombesi S, Frioni T, Silvestroni O, Bellincontro A *et al*: Distinct transcriptome responses to water limitation in isohydric and anisohydric grapevine cultivars. *BMC Genomics*, 2016, **17**:815
14. Anesi A*, Stocchero M*, **Dal Santo S***, Comisso M, Zenoni S, Ceolto S, Tornielli G, Siebert T, Herderich M, Pezzotti M *et al*: Towards a scientific interpretation of the terroir concept: plasticity of the grape berry metabolome. *BMC Plant Biol* 2015, **15**(1):191.
15. Matus JT, Aquea F, Espinoza C, Vega A, Cavallini E, **Dal Santo S**, *et al*. Inspection of the grapevine BURP superfamily highlights an expansion of RD22 genes with distinctive expression features in berry development and ABA-mediated stress responses. *PloS One* 2014 **9**: e110372.
16. Liu J, Chen N, Chen F, Cai B, **Dal Santo S**, Tornielli GB, Pezzotti M, Cheng ZM. Genome-wide analysis and expression profile of the bZIP transcription factor gene family in grapevine (*Vitis vinifera*). *BMC Genomics* 2014 **15**, 281
17. Chen F, Fasoli M, Tornielli GB, **Dal Santo S**, Pezzotti M, Zhang L, Cai B, Cheng ZM. The evolutionary history and diverse physiological roles of the grapevine calcium-dependent protein kinase gene family. *PloS One* 2013 **8**, e80818.
18. **Dal Santo, S.**, Tornielli, G.B., Zenoni, S., Fasoli, M., Farina, L., Anesi, A., Guzzo, F., Delledonne, M., and Pezzotti, M. The plasticity of the grapevine berry transcriptome. *Genome Biology* 2013 **14**, r54.
19. **Dal Santo, S.**, Vannozzi, A., Tornielli, G.B., Fasoli, M., Venturini, L., Pezzotti, M., and Zenoni, S. Genome-wide analysis of the expansin gene superfamily reveals grapevine-specific structural and functional characteristics. *PloS One* 2013 **8**, e62206.
20. Venturini, L., Ferrarini, A., Zenoni, S., Tornielli, G.B., Fasoli, M., **Dal Santo, S.**, Minio, A., Buson, G., Tononi, P., Zago, E.D., *et al*. De novo transcriptome characterization of *Vitis vinifera* cv. Corvina unveils varietal diversity. *BMC Genomics* 2013 **14**, 41.
21. Zoccatelli, G., Zenoni, S., Savoi, S., **Dal Santo, S.**, Tononi, P., Zandonà, V., Dal Cin, A., Guantieri, V., Pezzotti, M., and Tornielli, G.B. Skin pectin metabolism during

the postharvest dehydration of berries from three distinct grapevine cultivars. *Australian Journal of Grape and Wine Research* 2013 19, 171-179.

22. Fasoli, M., **Dal Santo, S.**, Zenoni, S., Tornielli, G.B., Farina, L., Zamboni, A., Porceddu, A., Venturini, L., Bicego, M., Murino, V., *et al.* The Grapevine Expression Atlas Reveals a Deep Transcriptome Shift Driving the Entire Plant into a Maturation Program. *Plant Cell*, 2012 24 (9), 3489-3505.
23. **Dal Santo, S.**, Stampfl, H., Krasensky, J., Kempa, S., Gibon, Y., Petutschnig, E., Rozhon, W., Heuck, A., Clausen, T., and Jonak, C. Stress-Induced GSK3 Regulates the Redox Stress Response by Phosphorylating Glucose-6-Phosphate Dehydrogenase in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 2012 24 (8), 3380-3392.
24. Zenoni, S., Zamboni, A., **Dal Santo, S.**, Fasoli, M., Pezzotti, M., and Tornielli, G.B. Lo sviluppo delle conoscenze genomiche in vite e il loro potenziale utilizzo nella viticoltura attuale e futura. *Italus Hortus*, 2012 17-19.
25. Pastore, C., Zenoni, S., Tornielli, G.B., Allegro, G., **Dal Santo, S.**, Valentini, G., Intrieri, C., Pezzotti, M., and Filippetti, I. Increasing the source/sink ratio in *Vitis vinifera* (cv Sangiovese) induces extensive transcriptome reprogramming and modifies berry ripening. *BMC Genomics*, 2011 12, 631.
26. **Dal Santo S.**, Fasoli M., Cavallini E., Tornielli G.B., Pezzotti M. and Zenoni S. PhEXPA1, a *Petunia hybrida* expansin, is involved in cell wall metabolism and in plant architecture specification. *Plant Signal and Behav.* 2011 Dec; 6(12).
27. Zenoni, S., Fasoli, M., Tornielli, GB, **Dal Santo, S.**, Sanson, A., de Groot, P., Sordo, S., Citterio, S., Monti, F. and Pezzotti M. Overexpression of PhEXPA1 increases cell size, modifies cell wall polymer composition and affects the timing of axillary meristem development in *Petunia hybrida*. *New Phytologist*. 2011 Aug; 191(3): 662-77.
28. Kempa, S., Krasensky, J., **Dal Santo, S.**, Kopka, J., and Jonak, C. (2008). A central role of abscisic acid in stress-regulated carbohydrate metabolism. *PLoS One*, 2008 3, e3935.

LAVORI IN CORSO DI REVISIONE

Dal Santo S[§], Zenoni S, Sandri M, De Lorenzis G, Magris G, De Paoli E, Di Gaspero G, Del Fabbro C, Morgante M, Brancadoro L *et al*: Grapevine field experiment reveal the contribution of genotype, the influence of environment and the effect of their interaction (GxE) on berry transcriptome. 2017. [§]*Corresponding Author*

Fasoli M, Richter C, Zenoni S, Vitulo N, **Dal Santo S**, Dokoozlian N, Pezzotti M, Tornielli GB: The initial molecular events that mark and trigger the onset of berry ripening in grapevine. 2017

- **PARTECIPAZIONE A CONGRESSI NAZIONALI ED INTERNAZIONALI (SOLO COMUNICAZIONI ORALI- *RELATORE):**

INVITED SPEAKER

Silvia Dal Santo*, Dissecting GxE interactions in grapevine through a transcriptomic approach. XIV FISV (Federazione Italiana Scienze della Vita) CONGRESS, Roma, 20 - 23 Settembre 2016

Silvia Dal Santo*, The plasticity of the grapevine berry transcriptome.

Cerimonia di premiazione Premio SIGA "Domenico Mariotti". 58th Annual Congress, Quarté Sayàl, Alghero (SS). 15-18 Settembre 2014

Silvia Dal Santo*, The plasticity of the grapevine berry transcriptome. SEB (Society for Experimental Biology) Annual Meeting, Valencia Conference Centre, Valencia , Spain 3-6 Luglio 2013

Silvia Dal Santo*, Interpreting the "Terroir" at Transcriptomic Level. 20th Plant and Animal Genome (PAG) Meeting, San Diego, California, USA. 14-18 Gennaio 2012.

COMUNICAZIONI ORALI A CONVEgni

X INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON GRAPEVINE PHYSIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY, Verona, Italy, June 13th - 18th 2016

- The dissection of GxE interactions using a novel data mining approach uncovers the plasticity of the grapevine berry transcriptome
Silvia Dal Santo* - Marco Sandri - Gabriella De Lorenzis - Sara Zenoni - Paola Zuccolotto *et al*
- Transcriptomic and metabolomic analysis unravels specific and common traits of grape berry ripening in Pinot noir and Cabernet Sauvignon
Marianna Fasoli* - Chandra Richter - **Silvia Dal Santo** - Sara Zenoni *et al*
- Changes in flavonoid metabolism and in the whole transcriptome of the cv. Sangiovese berry under moderate air temperature increase
Chiara Pastore* - **Silvia Dal Santo** - Sara Zenoni - Gianluca Allegro *et al*
- Grapevine and somatic embryogenesis: molecular approaches to uncover the genotype effect

Irene Perrone* - Silvia Dal Santo - Cristian Del Fabbro - Paolo Boccacci *et al*

60th Italian Society of Agricultural Genetics (SIGA) Annual Congress, Catania, Italy, 13th – 16th September, 2016

- I. Perrone, S. Dal Santo, C. Del Fabbro, P. Boccacci, W. Chitarra, S. Zenoni, G.B. Tornielli, M. Celii, I. Gribaudo, E. De Paoli*, G. Gambino
Exploring the epigenetic signature of plant regeneration in the grapevine system
- S. Zenoni*, M. Fasoli, F. Guzzo, S. Dal Santo, M. Pezzotti, G.B. Tornielli
The plasticity of phenylpropanoid metabolism distinguishes among genotypes during the postharvest dehydration of *Vitis vinifera* berries

59th Italian Society of Agricultural Genetics (SIGA) Annual Congress, Milan, Italy, 8th-11th September, 2015.

- The transcriptome plasticity of grapevine in Genotype by Environment Interaction (GxE)
Silvia Dal Santo*, Sara Zenoni, Zuccolotto Paola, Sandri M *et al*

9th International Symposium on Grapevine Physiology & Biotechnology, La Serena, Chile, 21st-26th April, 2013.

- S. Dal Santo, G.B. Tornielli, S. Zenoni, L. Farina, M. Fasoli, M. Delledonne and M. Pezzotti*
A single clone in different environments: the plasticity of the grapevine berry transcriptome
- Molecular and metabolite changes in response to postharvest dehydration in different wine grape varieties
S. Zenoni*, G. B. Tornielli, S. Dal Santo, F. Guzzo, M. Fasoli and M. Pezzotti

21th Plant and Animal Genome (PAG) Meeting, San Diego, California, USA, 12th - 16th January, 2013.

- Zenoni, S., Tornielli, G.B., Zamboni A., Dal Santo, S., Fasoli, M., Massonet, M., Tononi P., Ferrarini, A., Delledonne, M., Pezzotti, M*.
Genetics and Genomics of Nutraceuticals in Grapes.

Macrowine 2012. Macrovision of viticulture, wine-making and markets Bordeaux, France, June 18th - 21th, 2012

- Dal Santo S., Zenoni S., Farina L., Tornielli G.B., Guzzo F., Fasoli M., Delledonne M., Pezzotti M*
Is grapevine phenotypic plasticity functional to interpret the term "terroir"?

12th World Petunia Days (WPD) Meeting, Erfurt, Germany, 18th-21st March 2012.

- **Dal Santo S.***, Zenoni S., Fasoli M., Tornielli G.B., Pezzotti M.
The dual role of PhEXPA1, a *Petunia hybrida* expansin, in cell wall metabolism and in plant architecture specification.

55th Joint Meeting S I G A, A G I, S I B V, Cittadella di Assisi, Italy, 19th - 22nd September 2011.

- **Dal Santo, S.***, Fasoli M., Zenoni S., Farina L., Tornielli G.B., Guzzo F., Delledonne M., Pezzotti M.
Transcriptome characterization of phenotypic plasticity in *Vitis vinifera* ISBN 978-88-904570-2-9.

10th International Conference on Reactive Oxygen and Nitrogen Species in Plants, Budapest, Hungary, 5th -8th July, 2011.

- Oral Presentation: **Dal Santo, S.**, Stampfl, H., Krasensky, J., Kempa, S., Gibon, Y., Heuck, A., Jonak, C*.
Phosphorylation-mediated stress signaling and redox regulation.

54th S I G A (Italian Society of Agricultural Genetics) Annual Congress, Matera, Italy, 27th – 30th September 2010.

- Fasoli, M.*., Zenoni, S., **Dal Santo, S.**, Tononi, P., Delledonne, M., Pezzotti M.
A gene expression map of *Vitis vinifera* 'Corvina' development.

7th Tri-National Arabidopsis Meeting, Salzburg, Austria, 15th - 18th September 2010.

- **Dal Santo, S.**, Kempa, S., Krasensky, J., Stampfl, H., Rozhon, W., Gibon, Y., Kopka J., Jonak, C*.
High soil salinity: Metabolic adaptation, redox balance and signaling

10th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics, Geneva, New York, USA, 1st – 5th August 2010.

- Fasoli, M., Zenoni, S., **Dal Santo, S.**, Tononi, P., Delledonne, M., Pezzotti M.*
A gene expression map of *Vitis vinifera* 'Corvina' development

International PhD Summer School "Environmental signaling: Arabidopsis as a model", Utrecht, the Netherlands, 27th -29th August 2007

- Kempa, S., Krasensky, J.*., **Dal Santo, S.**, Kopka, J., and Jonak, C.
A central role of abscisic acid in stress-regulated carbohydrate metabolism.

Plants and Fungi – A Stressful Interaction. Workshop, 12th -14th November 2006 Brno, Czech Republic.

- Jonak, C., **Dal Santo, S.***, Petutschnig, E., Rozhon, W., Kempa S.

GSK3-Shaggy-like kinases are involved in *Arabidopsis* biotic and abiotic stress responses.

7th World Petunia Days, Nottingham, UK, 15th - 17th September 2005

- Zenoni S.*, Dal Santo, S., Castelletti, S., Tornielli, G.B., Porceddu, A., Pezzotti M.
The role of expansions in Petunia plant development.

10th International Cell Wall Meeting, Sorrento, Italy, 29th August - 3rd September 2004

- Zenoni S., Dal Santo S., Tornielli G.B., Viviani, M., Pezzotti M.*
Petunia hybrida, a model plant for seeking the function of expansin genes.

• **ORGANIZZATRICE LOCALE DI CONGRESSI INTERNAZIONALI**

Membro della Local Organizing Committee

X International Symposium “Grapevine Physiology and Biotechnology”, Palazzo della Gran Guardia, Verona, Italy,
13 -18 Giugno 2016

Coordinatore della Local Organizing Committee

COST Action FA1106 “Quality Fruit” Workshop - A pre EXPO2015 event "The science behind feeding the world healthily: the ultimate GxE challenge", Polo Zanotto, Verona
5-6 Giugno 2015

• **DESCRIZIONE SINTETICA DELLE PRINCIPALI LINEE DI RICERCA**

La dr.ssa Dal Santo ha svolto la propria attività di ricerca presso il Gregor Mendel Institute di Vienna, Austria tra il 2006 ed il 2009 e presso il Dipartimento di Biotecnologie dell’Università di Verona dal 2009. Nel 2014 ha beneficiato di un congedo di maternità di cinque mesi per la nascita della figlia Elisabetta.

L’attività di ricerca condotta è stata principalmente rivolta all’interazione di sistemi vegetali con il loro ambiente di crescita, sia esso naturale che perturbato da stress abiotici, biotici ovvero da pratiche agronomiche. La risposta della pianta è valutata principalmente con approcci –omici, al fine di determinare la plasticità del trascrittoma, del metaboloma e delle dinamiche epigenetiche. Questo consente di valutare sotto diversi aspetti come la pianta reagisce a sollecitazioni ambientali per massimizzare la propria *fitness* nei confronti dell’eterogeneità ambientale.

La plasticità del trascrittoma della bacca di vite.

Le piante, a causa del loro stile di vita sessile, hanno evoluto meccanismi complessi per fronteggiare l'eterogeneità ambientale, incrementata negli ultimi anni dai cambiamenti climatici globali. Ad esempio, la plasticità fenotipica, cioè l'abilità di un organismo con un dato genotipo di cambiare il proprio fenotipo in risposta ad ambienti differenti, è particolarmente ben sviluppata negli organismi vegetali. La vite (*Vitis vinifera* L.), in particolare, è una delle coltivazioni arboree che mostrano più plasticità fenotipica; le bacche di vite, infatti, presentano elevata variabilità all'interno dello stesso grappolo, fra grappoli diversi della stessa pianta, e fra piante diverse dello stesso filare. Al fine di minimizzare questa elevata variabilità, è pratica colturale molto comune l'utilizzo di cloni dello stesso genotipo, i quali manifestano, comunque, una differente abilità di adattarsi all'ambiente.

La plasticità del trascrittoma delle bacche della cultivar Corvina (clone 48) è stata valutata dalla dr.ssa Dal Santo in un lavoro (Dal Santo S., et al, *Genome Biology*, 2013) che metteva a confronto i trascrittomi di piante coltivate in 11 aree di pregio per la produzione viti-vinicola veronese, in diverse annate. La dr.ssa Dal Santo ha dimostrato, ad esempio, come il metabolismo secondario, importante per la definizione dei tratti qualitativi del vino, fosse gravemente compromesso in un'annata insolitamente calda. Proseguendo su questo tema, la dr.ssa Dal Santo, in collaborazione con altri colleghi nel Dipartimento, ha studiato più approfonditamente le relazioni tra la plasticità del trascrittoma e del metaboloma di bacche di vite, giungendo ad una definizione più scientifica del termine *terroir*, molto usato (e spesso abusato) in viticoltura. Specifici *pathways* metabolici, e i geni codificanti i relativi enzimi, sembrano infatti precipuamente descrivere una particolare interazione tra pianta di vite, annata di raccolta e posizione geografica (Anesi A., et al, *BMC Plant Biology*, 2015).

La plasticità del trascrittoma è stata successivamente studiata anche in bacche di una varietà bianca (Garganega, clone 4), utilizzata nella produzione del vino Soave. In questo caso si è cercato di mettere in relazione la plasticità del trascrittoma e del metaboloma delle bacche di Garganega con particolari caratteristiche pedoclimatiche come il diverso tipo di suolo (vulcanico/alluvionale) o la diversa altitudine del vigneto (collina/pianura). Inoltre si è comparata la plasticità del trascrittoma della varietà a bacca bianca e della varietà a bacca rossa, concludendo che la varietà bianca dimostra più reattività all'ambiente, in termini di numero di geni modulati e di dinamiche di metaboliti, rispetto a quella a bacca rossa (Dal Santo S., et al, *Frontiers in Plant Science* 2016).

La performance del trascrittoma di vite in ambiente perturbato.

Una volta stabilito che il trascrittoma può essere utilizzato come un utile strumento per descrivere e valutare la plasticità di piante vite nel loro naturale ambiente di coltivazione, la dr.ssa Dal Santo, in collaborazione con diversi gruppi di ricerca italiani ed esteri, ha iniziato a valutare come il trascrittoma di vite reagisce quando l'ambiente di coltivazione è, invece, perturbato da stress abiotici (stress da caldo, dr.ssa Ilaria Filippetti – Università di Bologna; stress da siccità, Prof. Alberto Palliotti – Università di Perugia) o da pratiche agronomiche (defogliazione, Prof. Stefano Poni – Università del Sacro Cuore Piacenza; rimozione dei grappoli o *cluster thinning*, E & J Gallo Winery California). In taluni casi è stata valutata la risposta di un solo genotipo mentre in altri si è proceduto con l'analisi di due genotipi con risposta contrastante. Ad esempio, nel caso dello stress da siccità, che

sta diventando viepiù comune anche nelle zone viti-vinicole nazionali, si è definita la base genetica del diverso comportamento di due varietà: isoidrico (Montepulciano) e anisodrico (Sangiovese) (Dal Santo S., et al, *BMC Genomics*, 2016). Mentre per caratterizzare la risposta della pianta di vite alla pratica agronomica del *cluster thinning* (diradamento selettivo dei grappoli) si è scelto, nell'ambito di un progetto Joint Projects di cui la dr.ssa Dal Santo è responsabile scientifico, di utilizzare Pinot Nero e Cabernet Sauvignon, due cultivar che si ritiene essere diversamente sensibili a vari trattamenti di diradamento. Questo ultimo lavoro, protrattosi per tre stagioni consecutive e le cui analisi sono tuttora in corso, permetterà anche di valutare la diversa *performance* delle due varietà al trattamento in diverse annate.

Per quanto riguarda, invece, la plasticità trascrittonica di bacche di vite soggette a stress da caldo e al trattamento di defogliazione pre-fioritura, si è proceduto all'analisi di un singolo genotipo, Sangiovese, evidenziando, nel primo caso, il coinvolgimento del metabolismo secondario, specialmente quello dei fenilpropapanoidi stilbeni, e caratterizzando, nel secondo caso, dei marker molecolari specificatamente modulati durante il trattamento (Pastore, C., et al, 2017; Zenoni, S., et al, 2017)

La plasticità di Vitis vinifera nelle interazioni Genotipo per Ambiente (GxE).

Lo studio delle interazioni Genotipo per Ambiente (GxE) in vite è di fondamentale importanza per la moderna viticoltura e offre interessanti spunti di carattere genetico, molecolare ed ecologico. Infatti, la variabilità prodotta da interazioni GxE offre i vantaggi di adattare cultivar esistenti a specifiche aree di coltivazione, di produrre una vasta gamma di vini dalla stessa cultivar e di selezionare nuove cultivar meglio adattate ad essere coltivate in una peculiare area di coltivazione. D'altro canto, la plasticità in risposta a specifiche interazioni GxE può causare maturazione disomogenea e grosse fluttuazioni inter-stagionali.

Nell'ambito del progetto FIRB risultato vincitore nel 2013 di cui la dr.ssa Dal Santo è coordinatrice nazionale, si sono valutate le interazioni genotipo per ambiente (GxE) in due varietà di *Vitis vinifera*, Sangiovese e Cabernet Sauvignon, tramite la caratterizzazione della plasticità del loro trascrittoma e del loro epigenoma quando esse sono coltivate in tre diverse zone di produzione vinicola (GxE in pieno campo) e durante il processo di embriogenesi somatica, un sistema di rigenerazione noto per diversificare significativamente la reazione di genotipi diversi alle condizioni di crescita (GxE *in vitro*).

- 1) Per lo studio delle interazioni GxE in pieno campo ci si è avvalsi di materiale biologico raccolto nelle annate 2011 e 2012 delle due varietà, allevate nello stesso modo e coltivate in tre diverse aree italiane D.O.C.: Bolgheri (Toscana litoranea), Montalcino (Toscana Appenninica) e Riccione (collina pedemontana). I campioni, raccolti a quattro stadi di sviluppo, sono stati sottoposti ad analisi trascrittonica (piattaforma microarray Nimblegen ed RNA-seq) ed anche ad analisi epigenomiche mediante la tecnica del Reduced Representation Bisulfite Sequencing (RRBS). I risultati di questa analisi hanno confermato che l'espressione genica in vite è fortemente influenzata dall'ambiente e ha indicato le fasi di sviluppo più sensibili alla plasticità del trascrittoma. Al contrario, l'epigenoma appare più stabile durante le sollecitazioni ambientali e persino durante lo

sviluppo della bacca; la co-variabile più importante e che delinea fortemente l'epigenoma di vite sembra infatti essere il genotipo di appartenenza (cultivar). La complessità del piano sperimentale ha indotto la dr.ssa Dal Santo e i suoi colleghi a collaborare con la Prof. Paola Zuccolotto (Università di Brescia) al fine di delineare un nuovo approccio statistico atto ad affrontare in modo comprensivo tutte le variabili presenti nelle interazioni GxE in piante coltivate in pieno campo. Da questa proficua collaborazione si è riusciti a dissezionare in modo preciso il contributo delle variabili Genotipo, Stadio di Sviluppo, Area di Coltivazione e Annata di Raccolta alla plasticità del trascrittoma. Grazie alla precisa caratterizzazione dei parametri pedoclimatici ed agronomici eseguita dai colleghi dell'Università di Milano, è stato possibile correlare su base statistica l'espressione genica a fattori ambientali che contribuiscono in modo determinante a diversificare il comportamento delle due varietà. Inoltre, mediante la collaborazione col Prof. Morgante dell'Istituto di Genomica Applicata di Udine, la dr.ssa Dal Santo ha rivelato le basi genetiche della diversa attitudine, nota fino ad ora solo empiricamente, delle due varietà (il Cabernet Sauvignon, molto meno plastico e con un'ampia diffusione geografica di coltivazione e il Sangiovese, molto più plastico verso le sollecitazioni ambientali e coltivato precipuamente in Italia centrale).

2) Modificazioni molecolari durante il processo di embriogenesi somatica possono essere considerate come reazioni di un genotipo in una particolare situazione culturale. Durante l'embriogenesi alcune cellule somatiche rientrano nel ciclo cellulare, raggiungono uno stato cellulare de-differenziato per poi acquisire un potenziale embriogenico caratterizzato da una riorganizzazione del metabolismo cellulare e dell'espressione genica. In confronto al processo di micropropagazione *in vitro*, l'embriogenesi somatica esalta maggiormente il potenziale di un singolo genotipo ad esprimere la sua plasticità fenotipica. Per questo motivo, nell'ambito dello studio delle interazioni GxE *in vitro*, sono state studiate le due varietà Sangiovese e Cabernet Sauvignon che mostrano un'attitudine diametralmente opposta all'embriogenesi somatica. Le analisi trascrittomiche hanno preliminarmente suggerito come ci sia una forte rimodulazione del trascrittoma durante il processo di embriogenesi somatica e che calli indifferenziati e calli differenziati ma non embriogenici abbiano sostanzialmente trascrittoma simile fortemente diversificato dai calli embriogenici. Un numero molto elevato di geni risulta differenzialmente espresso tra calli embriogenici delle due varietà, e questi geni sono tuttora al vaglio come possibili *marker* promotori dell'embriogenesi somatica in vite. Ovviamente, grande importanza nel processo di embriogenesi somatica, ricoprono le modificazioni epigenetiche del DNA, che sono state studiate, in collaborazione con il Dr. Cristian Del Fabbro e Dr. Emanuele De Paoli dell'Università di Udine mediante approccio di RRBS. Questi studi hanno rivelato come il callo embriogenico sia caratterizzato da un differente stato di metilazione rispetto a quello non embriogenico e che calli embriogenici di Sangiovese (alta attitudine all'embriogenesi) mostrano più alti livelli di metilazione dei *gene bodies*, rispetto a quelli di Cabernet Sauvignon (bassa attitudine all'embriogenesi). Questi interessanti risultati saranno in seguito analizzati alla luce dei risultati del sequenziamento di SmallRNAseq, attualmente in corso.

Le dinamiche di metilazione durante la maturazione della bacca di vite.

Pur essendo la vite una delle più importanti colture arboree a livello economico, la complessità molecolare dello sviluppo e della maturazione della bacca rimane in gran parte sconosciuta. È stato recentemente dimostrato che la maturazione dei frutti carnosì (ad es., pomodoro) è inibita dalla metilazione del DNA, suggerendo un ruolo importante dell'epigenoma e delle sue dinamiche nel controllo della maturazione dei frutti. La dr.ssa Dal Santo si propone di analizzare le variazioni di metilazione del DNA durante il processo di maturazione della bacca di vite e di delineare il loro contributo nella definizione della lunghezza di tale processo. A tale fine si utilizzeranno tecnologie di sequenziamento ad alta processività per descrivere la complessità funzionale del trascrittomi (RNA-Seq) e dei pool di smallRNA (smallRNA-Seq), e per tracciare, per la prima volta in un frutto non climaterico, le dinamiche della metilazione del DNA su base genomica (WGBS). L'identificazione dei geni e delle modifiche del DNA le cui dinamiche sono correlate con la lunghezza del processo di maturazione della bacca di vite permetterà di dedurre un modello di analisi che potrebbe facilitare l'ottenimento di un prodotto standard di elevata qualità, fornendo, così, nuove linee guida per una coltivazione più redditizia della vite. Questa linea di ricerca è frutto di una collaborazione che la dr.ssa Dal Santo intrattiene con il French National Institute of Agricultural Reaserach (INRA), Francia.

DICHIARAZIONE SOSTITUTIVA DI CERTIFICAZIONE (ART. 46 E 47 D.P.R. 445/2000)

La sottoscritta Silvia Dal Santo, consapevole che le dichiarazioni false comportano l'applicazione delle sanzioni penali previste dall'art. 76 del D.P.R. 445/2000, dichiara di essere in possesso di tutti i titoli riportati nel presente *curriculum vitae* e la veridicità di quanto viene dichiarato nel presente *curriculum vitae*.

Verona, 29 Settembre 2017

Silvia Dal Santo, PhD