

Mariangela Bonizzoni

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie
Università degli Studi di Pavia
Via Ferrata 9, 27100 Pavia (Italy)

Tel: xx39-0382-986324
Email: m.bonizzoni@unipv.it
Pagina Web: www.bonizzonilab.com

Research Unique Identifier: ORCID ID 0000-0003-0568-8564
Settore Concorsuale 05/B1 – Zoologia e Antropologia; SSD BIO/05 Zoologia
Ambiti ERC: LS2, LS8, LS9

POSIZIONI ACCADEMICHE

- Dal 03/2015 **Professore Associato di Zoologia**, Dip. Biologia e Biotecnologie, Università di Pavia
- 2011-2015 **Ricercatore**, School of Public Health, Università della California a Irvine, USA
- 2007-2011 **Post Doc**, School of Public Health (supervisore prof. Guiyun Yan) e Dipartimento di Biologia Molecolare e Biochimica (supervisore prof. Anthony A. James), Università della California a Irvine, USA
- 2004-2006 **Post Doc**, Dipartimento di Biologia, Università della Basilicata, In sede all'Università di Pavia

EDUCAZIONE

- 2004 **Dottorato in cotutela con la Francia**, Biologia Cellulare, Università di Pavia
Genes, Genomes, Cellules, Université de Paris XI, France
Relatori: Prof. Giuliano Gasperi all'Università di Pavia e Prof. Pierre Capy all'Université de Paris XI
Titolo Tesi, scritta in inglese: *Population dynamics, sexual behavior and endogenous transposable elements for the improvement of the Sterile Insect Technique against Ceratitis capitata (Diptera, Tephritidae)*
- 2000 **Diploma di Specializzazione in "Genetica Applicata", Dip. di Genetica e Microbiologia**, l'Univ. di Pavia, 50/50 *cum laude*
Titolo Tesi: *"Identificazione e caratterizzazione molecolare di microsatelliti per l'analisi genetica di popolazioni naturali di Ceratitis capitata: il caso dell'introduzione accidentale della specie in California come modello per lo studio di bioinfestazioni"*.
- 1997 **Laurea quinquennale in Scienze Biologiche**, indirizzo Biomolecolare, Dip. Genetica e Microbiologia, Univ. Di Pavia, 110/110 *cum laudae*
Relatore: Prof. ssa Giovanna Riccardi
Titolo Tesi: *"Sequenziamento di 15437 bp nella regione del gene inhA di Mycobacterium avium ed analisi delle ORFs presenti"*

ATTIVITA' DI RICERCA

Direzione di progetti di ricerca

2017-2020	progetto RGP0007/2017 "Exploring the concept of adaptive immunity to viruses in mosquitoes" finanziato dallo Human Frontier Science Program
2015-2021	ERC-2015-Co 682394 NIRV_HOST_INT "Population genomics of co-evolution between nonretroviral RNA viruses and their hosts"
2012-2014	NIHR21 Grant N. 1R21AI098652-01 "Transcriptomics and population genetics of mosquito resistance to pyrethroids"
2001-2002	Progetto Giovani Ricercatori Univ. di Pavia "Studio del comportamento sessuale di <i>Ceratitis capitata</i> : determinazione della frequenza di accoppiamento con l'uso di microsatelliti"

Partecipazione come co-investigatore a progetti di ricerca

2009-2014	PSWRCE-USA-A165359 "Pacific-Southwest Regional Center of Excellence in Biodefense and Emerging Infections", PI Prof. Alan Barbour, Univ. della California a Irvine
2008-2013	NIH R01 AI050243 "Ecology of African Highland Malaria", PI: Prof. Guyan Yan, Univ. della California a Irvine
2003-2006	MIUR-FIRB Functional genomics of insects for the development of plant protection strategies. [Genomica funzionale di insetti per lo sviluppo di strategie innovative per la protezione delle piante (GEFI)] coordinatore nazionale Prof. Francesco Pennacchio, Univ. della Basilicata
2002-2004	MURST-PRIN, Progetto cofinanziato "Aspetti genetici della riproduzione di <i>Ceratitis capitata</i> analizzati con marcatori molecolari" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. G. Gasperi; Coordinatore nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
2001-2003	Fondazione Bussolera-Branca, Progetto "Biodiversità della vite coltivata in Italia e sua protezione dai parassiti" (Coordinatore all'Univ. di Pavia: Prof. Giuliano Gasperi; Coordinatore Progetto: Prof. Francesco Sala, Univ. di Milano)
2000-2004	"African fruitfly initiative" (Coordinatore Scientifico Anna R. Malacrida, Univ. Pavia)
2000-2002	Progetto GALILEO, "Analisi della stabilità di elementi trasponibili (TE) nel sistema modello <i>Drosophila</i> e in <i>Ceratitis capitata</i> , insetto di interesse agrario" (Coordinatori: Dr Pierre Capy -CNRS Gif/Yvette, Francia e Prof. Giuliano Gasperi - Dip.to di Biologia Animale, Univ. di Pavia)
2000-2002	MURST-PRIN, Progetto cofinanziato "Studi strutturali e molecolari sulla riproduzione degli insetti" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. Giuliano Gasperi; Coordinatore nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
1999-2002	Citrus Research Board (CRB) project N0. 5510-141 "Determining the incidence of female medfly mating frequency in SIT programs" PI:

1997-2000	Tracy Chapman, Univ. College London Ministero delle Risorse Agricole, Alimentari e Forestali, Progetto di ricerca "Controllo biologico di <i>Ceratitis capitata</i> attraverso tecniche genetiche e molecolari" (Responsabile locale all'Univ. di Pavia: Prof. Anna R. Malacrida; Responsabile nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
1997-1999	MURST-ex-40%, Progetto cofinanziato "Biologia ed Evoluzione del Riconoscimento e delle Interazioni nelle Cellule Animali" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. Anna R. Malacrida; Coordinatore nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
1996-2001	FAO/IAEA Progetto: "A molecular and genetic approach to develop sexing strains for field application in fruit fly SIT programme" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Giuliano Gasperi; Coordinatore centrale: Alan S. Robinson)[Agreement]
1997-1999	JRC Ispra, Contratto to Anna R. Malacrida (Univ. di Pavia) per il Progetto "Availability of a transposable element for the medfly transformation"
1997-2000	DG VI-FAIR, "Development of standardized molecular techniques for the identification of insect quarantine pests" - (Coordinatore centrale: Dr. C. Fleming - The Queen's University of Belfast, North Ireland; Coordinatore locale all'Univ. di Pavia Prof. Anna R. Malacrida)

Contributi alla ricerca

Un principio ben noto detta che "la prevenzione è meglio che curare". Ci sono limitati vaccini e non sono disponibili trattamenti terapeutici specifici per molte malattie virali trasmesse all'uomo da artropodi, tipo Dengue e West Nile. L'unico metodo attualmente disponibile per impedire la trasmissione di questi virus (arbovirus) è quello di agire sui vettori sopprimendone il contatto con gli esseri umani. La mia attività ricerca è guidata dal sopra menzionato principio e mira a ridurre l'impatto negativo degli insetti sulla salute umana e lo sviluppo economico, studiando strategie innovative di controllo degli insetti. Ho iniziato la mia carriera lavorando sulle specie di importanza agraria della famiglia Tephritidae, principalmente specie del genere *Ceratitis* e *Bactrocera*. Più tardi ho incluso anche vettori per le malattie umane, che sono ora il principale obiettivo della mia ricerca.

I miei contributi specifici sono elencati di seguito, seguendo in larga misura un ordine cronologico e partendo dai progetti più recenti:

Contributo 1. Co-evoluzione tra vettori artropodi ed arbovirus.

Malattie infettive emergenti includono quelle causate da arbovirus. Un esempio è la dengue, con 100 milioni di persone infette ogni anno nel mondo. Tutti gli arbovirus sono mantenuti in un ciclo naturale che coinvolge la trasmissione all'uomo dal morso di un artropode ematofago infetto. Una volta infettato da un arbovirus, il vettore è in grado di trasmetterlo per tutta la vita. La capacità del vettore di acquisire arbovirus e trasmetterli è definita "competenza vettoriale". Questo è un fenotipo complesso ed in continua evoluzione perché dipende dall'interazione di fattori genetici virali e vettoriali con variabili ambientali. Comprendere gli elementi genetici della competenza vettoriale, come questi sono distribuiti nelle popolazioni naturali ed interagiscono con fattori

ambientali è essenziale per prevenire il rischio di malattie arbovirali e per lo sviluppo di nuove strategie di blocco delle trasmissioni incentrate sui vettori.

La mia attività di ricerca ha come focus le zanzare del genere *Aedes*, i principali vettori arbovirali in Europa e nel mondo ed usa strumenti di una serie di discipline scientifiche per sondare la complicata biologia della loro competenza vettoriale.

Questa tematica di ricerca è svolta in collaborazione con: 1) Anna-Bella Failloux dell'Istitut Pasteur (Francia); 2) Ronald Van Rij della Radboud University Medical Center (Olanda); 3) Jayme Souza-Neto della São Paulo State University (Brasile); 4) prof. Xiaoguang Chen della Southern Medical University Guangzhou (China).

Citazioni principali

- Palatini et al., 2017. Comparative genomics shows that viral integrations are abundant and express piRNAs in the arboviral vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. BMC Genomics (in press)
- Olson and Bonizzoni, 2017. Nonretroviral integrated RNA viruses in arthropod vectors: an occasional event or something more? Curr Op Insect Sci 22: 45-53.
- Bonizzoni et al., 2012. Complex modulation of the *Aedes aegypti* transcriptome in response to dengue virus infection. PLoS One 7: e50512.

Contributo 2. Studio dei meccanismi molecolari della resistenza agli insetticidi.

La resistenza agli insetticidi nei vettori è riconosciuta come uno degli ostacoli principali nel controllo di malattie arbovirali e della malaria. Comprendere i meccanismi molecolari della resistenza agli insetticidi nelle zanzare vettori è considerata una strategia utile per individuare marcatori per poter monitorare la resistenza e per individuare nuovi bersagli per nuove formulazioni chimiche. Ho applicato approcci di trascrittomica e genetica di popolazione per studiare i meccanismi di resistenza agli insetticidi in vettori del plasmodio della malaria e vettori arbovirali e monitorare la resistenza agli insetticidi in popolazioni naturali.

Questa tematica di ricerca è svolta in collaborazione con: 1) Yaw Afrane Univeristy of Ghana (Ghana); 2) prof. Xiaoguang Chen della Southern Medical University Guangzhou (China); 3) Prof. Guiyun Yan, University of California at Irvine

Citazioni principali

- Chang et al., 2016. Landscape genetic structure and evolutionary genetics of insecticide resistance gene mutations in *Anopheles sinensis*. Parasit Vectors: 9:228.
- Xu et al., 2016. Multi-country survey revealed prevalent and novel F1534S mutation in voltage-gated sodium channel (VGSC) gene in *Aedes albopictus*. PLoS Negl Trop Dis 10: e0004696.
- Bonizzoni et al., 2015. RNA-seq analyses of changes in the *Anopheles gambiae* transcriptome associated with resistance to pyrethroids in Kenya: identification of candidate-resistance genes and candidate-resistance SNPs. Parasit Vectors 8:474.

Contributo 3. Identificazione di marcatori molecolari per la caratterizzazione genetica di pesti agricole (es. *Ceratitis capitata* e *Bactrocera dorsalis*) e zanzare vettori (es. *Aedes albopictus* e Anophelinae asiatiche) a livello di struttura delle popolazioni naturali e dei processi di colonizzazione nell'areale di diffusione della specie

L'interesse per lo studio della specie *C. capitata* deriva: 1) dall'ampio e veloce processo invasivo di questa specie, che costituisce un modello per studi di zoogeografia e microevoluzione; 2) dalla necessità di sviluppare metodi alternativi agli insetticidi per il controllo delle popolazioni di tale specie. Allo scopo sono stati caratterizzati dal genoma di *C. capitata* marcatori molecolari che hanno consentito di approfondire le conoscenze su *C. capitata* dal punto di vista della differenziazione delle sue popolazioni, del comportamento riproduttivo, della genetica comparata, delle relazioni tassonomiche con specie affini e della genetica applicata.

L'analisi della variabilità genetica di *C. capitata* e' stata messa in relazione alla diffusione delle sue popolazioni che dal centro di origine della specie, l'Africa sub-sahariana, si sono mosse verso il bacino del Mediterraneo, l'America centro-meridionale e l'Australia. L'analisi della struttura dei genotipi presenti nelle diverse popolazioni, della dinamica dei genotipi e delle diversificazioni tra popolazioni ha fornito i termini per verificare che questa specie, nel processo di colonizzazione di nuovi ambienti, ha perso un elevato carico di variabilità genetica superando "colli di bottiglia" anche di tipo stagionale. L'utilizzo di marcatori molecolari non solo ha permesso di interpretare storicamente i cambiamenti genetici delle popolazioni della specie durante i processi invasivi, confermando quanto già noto tramite marcatori biochimici, vale a dire che il processo di invasione dell'areale Mediterraneo è l'evento più antico rispetto alla colonizzazione dell'America Centro-meridionale, ma soprattutto ha permesso di studiare recenti processi invasivi. E' questo il caso della California e dell'Australia sud-orientale. I risultati dello studio in California hanno indotto l'USDA ad organizzare una massiva risposta di controllo contro *C. capitata* con ottimi risultati. Conoscenze acquisite in *C. capitata* sono poi state trasferite a specie affini.

Approcci di genetica di popolazione sono stati usati anche per chiarire il processo di invasione della zanzara tigre, *Aedes albopictus* in California e le relazioni genetiche tra zanzare che trasmettono malaria in Cina. Inoltre, marcatori molecolari per la resistenza agli antimalarici sono stati studiati in *Plasmodium falciparum* nell'ambito di una continua analisi dell'efficacia dei farmaci.

Citazioni principali:

- Manni et al., Genetic evidence for a worldwide chaotic dispersion pattern of the arbovirus vector, *Aedes albopictus*. PLoS Negl Trop Dis 10: e0005332.
- Bonizzoni et al., 2013. Probing functional polymorphisms in the dengue vector, *Aedes aegypti*. BMC Genomics 14:739.
- Zhong et al., 2013. Genetic Analysis of Invasive *Aedes albopictus* Populations in Los Angeles County, California and Its Potential Public Health Impact. PLoS One 8: e6858.
- Bonizzoni et al., 2004. On the origins of medfly invasion and expansion in Australia. Mol Ecol 13: 3845-3855.
- Baliraine et al., 2004. Population genetics of the potentially invasive African fruit fly species, *Ceratitis rosa* and *Ceratitis fasciventris* (Diptera: Tephritidae). Mol Ecol 13: 683-695.

Contributo 4. Studi sulla biologia riproduttiva degli insetti

Il successo della Tecnica dell'Insetto Sterile (SIT), il sistema di controllo biologico finora più efficace contro *C. capitata*, dipende in parte dal suo comportamento sessuale e, in particolare, dalla frequenza con la quale le femmine possono eventualmente riaccoppiarsi in natura. Infatti, è noto che in laboratorio *C. capitata* è in grado di accoppiarsi più volte, e gli spermatozoi dell'ultimo accoppiamento tendono ad essere utilizzati per primi; di conseguenza, in presenza di accoppiamenti multipli, il metodo SIT sarebbe efficace solo se l'ultimo accoppiamento avviene con un maschio sterile.

La disponibilità di marcatori molecolari ad alto potere risolutivo, quali i microsatelliti, ha già permesso di accertare che anche in natura la femmina di *C. capitata* può andare incontro ad accoppiamenti multipli. Questi risultati aprono prospettive interessanti per lo studio: 1) dei meccanismi che regolano l'utilizzazione degli spermatozoi da parte della femmina, 2) del differenziamento intra-specifico, 3) dell'efficienza di SIT.

Citazioni principali:

- Bonizzoni et al., 2002. Microsatellite analysis reveals remating by wild Mediterranean fruit fly females, *Ceratitidis capitata*. Mol Ecol 11: 1915-1921.
- Bonizzoni et al., 2006. Is polyandry a common event among wild populations of the pest *Ceratitidis capitata*? J Econ Entomol 99: 1420-1429.

Contributo 5. Caratterizzazione molecolare di elementi trasponibili (TE) nel genoma di *C. capitata*, di ditteri tefritidi e zanzare: aspetti evolutivi e ricadute applicative

L'interesse per lo studio di elementi trasponibili (TE) deriva: 1) dal loro potenziale di indurre instabilità genomica con produzione di variabilità genetica, base dei processi evolutivi e 2) di essere potenziali vettori di trasformazione della linea germinale degli insetti. In questo contesto si inseriscono gli studi sulla presenza e diffusione di sistemi di TE in *C. capitata*. Differenti sistemi di TE funzionali risultano presenti in popolazioni e ceppi di questo insetto creando plasticità al suo genoma, plasticità che è ritenuta essere alla base dei fenomeni di adattamento. Infatti, in popolazioni e ceppi di *C. capitata*, differenti sistemi di elementi trasponibili funzionali sono in grado di creare, in particolari condizioni, instabilità genomica quale una sindrome simile alla disgenesi degli ibridi, ben nota in *Drosophila*.

La caratterizzazione molecolare di TE appartenenti a diverse famiglie (*hobo*, *mariner*, *Tc1*), oltre a dimostrare la loro abbondante presenza nel genoma di *C. capitata*, ha permesso di estendere lo studio all'evoluzione di questi elementi in altre specie di ditteri sia della famiglia Tephritidae sia della famiglia Drosophilidae. Sono state in tal modo derivate informazioni sulle modalità di acquisizione e di trasferimento verticale e/o orizzontale da parte di queste specie, tenendo in considerazione sia l'evoluzione delle stesse sequenze TE sia la filogenesi delle specie ospiti.

Date le peculiari caratteristiche dei TE quali sequenze in grado di trasporre nel genoma, essi rappresentano potenziali vettori di trasformazione della linea germinale degli insetti. Quest'ultima potenzialità dei TE è stata sfruttata per l'allestimento di adatti costrutti molecolari capaci di veicolare geni di interesse e verificare l'integrazione stabile di tali geni nel genoma attraverso la sua espressione nella progenie di opportuni incroci. *C. capitata* è stato il primo insetto non-drosophilide sottoposto con successo a trasformazione della linea germinale in funzione della costruzione di ceppi di soli maschi geneticamente sterili, da utilizzare nel controllo biologico delle popolazioni naturali di *C. capitata* mediante il Metodo dell'Insetto Sterile (SIT).

L'aver dimostrato che il genoma di *C. capitata* (e di specie affini) è ricco di TE ha permesso di: 1) caratterizzare elementi *mariner* attivi (*Ccmar1*; *Crmar2*) quali potenziali vettori di trasformazione specie-specifici; 2) affrontare il problema della stabilità nel tempo dei sistemi di transgenesi. Quest'ultimo punto è di notevole importanza sia per l'efficienza della trasformazione genetica della specie, sia per la valutazione del rischio associato al rilascio in natura di ceppi ingegnerizzati.

L'integrazione di DNA esogeno durante transgenesi è generalmente casuale, nel senso che non è possibile scegliere a priori la posizione nel genoma dove l'inserito verrà integrato. A seconda di dove il transgene viene integrato, si possono avere effetti deleteri nell'organismo o il transgene può trovarsi sotto il controllo di inibitori e/o attivatori dell'espressione genica. Questi fenomeni dovuti alle diverse posizioni nel genoma dove il transgene risulta integrato sono stati studiati nella zanzara *Anopheles stephensi* nell'ambito di un progetto più ampio che vuole verificare l'impatto dei transgeni sulla fitness degli organismi geneticamente modificati e produrre una zanzara geneticamente modificata adeguata per essere rilasciata in natura.

Citazioni principali:

- Ameyna et al., 2010. Comparative Fitness Assessment of *Anopheles stephensi* Transgenic Lines Receptive to Site-Specific Integration. *Insect Mol Biol* 19: 263-269.
- Bonizzoni et al., 2007. Highly similar piggyBac transposase-like sequences in various *Bactrocera* (Diptera, Tephritidae) species. *Insect Mol Biol* 16: 645-650.
- Gomulski et al. 2004. Medfly transposable elements: diversity, evolution, genomic impact and possible applications. *Insect Bioch Mol Biol* 34: 139-148.

Contributo 6. Indagini tassonomiche, studio dei processi di speciazione e identificazione tra specie morfologicamente identiche.

L'esperienza delle metodologie e delle problematiche acquisite nello studio della variabilità genetica di *C. capitata* ha permesso di collaborare a ricerche tassonomiche sugli insetti del genere *Anastrepha* (Diptera, Tephritidae), *Glossina* (Diptera, Glossinidae) e *Bombus* (Hymenoptera, Apidae). Un nuovo approccio molecolare basato sulla "Loop-Mediated Isothermal Amplification" è stato anche sviluppato per la discriminazione tra *Anopheles gambiae* e *Anopheles arabiensis*, che sono morfologicamente identiche.

a. Insetti del genere *Glossina* (Diptera, Glossinidae)

Su specie del genere *Glossina*, quali *G. austeni*, *G. fucipes*, *G. palpalis*, sono stati eseguiti studi per la caratterizzazione di marcatori molecolari. Tali specie rappresentano complessi sottospecifici, il cui studio popolazionistico può mettere in evidenza condizioni di ibridazione intertaxa. La variabilità genetica, identificata a livello di popolazioni/specie, è stata utilizzata per stimare le relazioni filogenetiche, ed è di importanza per la costruzione di mappe geniche e cromosomiche.

b. Insetti del genere *Bombus* (Hymenoptera, Apidae)

L'uso di diverse specie del genere *Bombus* come impollinatori e la loro conseguente commercializzazione favorisce processi di scambio genetico. Per preservare le caratteristiche genetiche di queste specie ed evitare la diffusione di

parassiti e malattie che ne potrebbero compromettere l'attività come impollinatori, lo studio della struttura genetica delle popolazioni naturali è fondamentale. In questo ambito è stata studiata la struttura genetica di popolazioni dell'estremo oriente di *Bombus ignitus*, attualmente utilizzato come impollinatore in Cina e Giappone.

Citazioni principali:

- Manni et al. 2015. Relevant genetic differentiation among Brazilian populations of *Anastrepha fraterculus* (Diptera, Tephritidae). *ZooKeys* 540: 157-173.
- Bonizzoni et al. 2009. Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) for Rapid Identification of *Anopheles gambiae* and *Anopheles arabiensis* mosquitoes. *Am J Trop Med Hyg* 81: 1030-1034.
- Shao ZY et al. 2004. Genetic structure of Asian populations of *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae). *J Heredity* 95: 46-52.

ORGANIZZAZIONE CONVEGNI SCIENTIFICI

2017	3rd International Workshop on <i>Aedes albopictus</i> , the Asian tiger mosquito (Pavia, 10-12 Aprile 2017)
2016	Symposium "Role of microbiota in vectors", XXV International Congress of Entomology (Orlando, Florida, 25-30 Settembre 2016)
2013	1st International Workshop on <i>Aedes albopictus</i> , the Asian tiger mosquito (Pavia, 21-22 Marzo 2013)

PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE SCIENTIFICHE

Dal 2012	Associate Editor per BMC Genetics
Dal 2015	Guest Editor per Plos Neglected Tropical Diseases
2017	Editore del volume "Vectors and medical and veterinary entomology, Volume 22" che comparirà nella rivista Current Opinion in Insect Sciences in Agosto 2017

ATTIVITÀ PROFESSIONALI e DI SERVIZIO

2017	membro del comitato scientifico del progetto "InRoad", Università di Pavia
2016 to present	Membro della Commissione Risorse del Dip. di Biologia e Biotecnologie, Università di Pavia
2015	Revisore <i>ad hoc</i> per "Netherlands Organization for Scientific Research, VICI Scheme"
2014	Membro del panel NIH-NIAD per la revisione di grants R13, U01 e U19
Dal 2005	Revisore scientifico per le riviste PNAS, Genetica, Diversity and Distributions, Journal of Insect Science, Journal of Applied Entomology, Journal of Medical Entomology, Molecular Ecology, Bulletin of Entomological Research, Infection Genetics and Evolution, Journal of Insect Physiology, BMC Genomics, PLoS Neglected Tropical Diseases, PLoS One, Parasite and Vectors ed Heredity

ATTIVITA' DIDATTICA

Partecipazione al collegio dei docenti di dottorati di ricerca

Dal 2015 membro del collegio dei docenti del Dottorato in Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare dell'Universita' degli Studi di Pavia

Incarichi di insegnamento

2014 Guest Lectures in Vector Biology, Corso in Human Parasitology, University of California at Irvine, USA
2014-2015 Zoologia Applicata (6 CFU) Laurea triennale in Scienze Biologiche, Universita' di Pavia
Dal 2015-2016 Zoologia (Modulo, 6 CFU Corso B) Laurea triennale in Scienze Biologiche e Molecular Entomology (6 CFU) Laurea Magistrale in "Molecular Biology and Genetics", Universita' di Pavia

Attivita' di supporto a corsi universitari

2004-2005 Tutore al progetto "*Evoluzione Biologica*" per il corso di *Zoologia Generale*
2002-2003 Tutore al progetto "*I principali fenomeni biologici degli organismi animali: riproduzione e sviluppo*" per il corso di *Zoologia Generale*
2002-2003 tutore al progetto "*I principali fenomeni biologici degli organismi animali: riproduzione e sviluppo*" per il corso di *Zoologia Generale*
2001-2002 Tutore al progetto "*Metodi di studio della variabilita' degli organismi animali in funzione del loro ordinamento tassonomico*" per il corso di *Zoologia Generale*.
2001-2002 in veste di cultore della materia Zoologia (gruppo scientifico-disciplinare BIO/05) ha partecipato allo svolgimento delle esercitazioni pratiche degli insegnamenti di *Zoologia Generale* e di *Entomologia Applicata* per studenti dei Corsi di Laurea della "Classe di Scienze e Tecnologie per l'Ambiente e la Natura"

Attivita' di Mentoring

- Elisa Pischedda, attivita' post laurea in bioinformatica, dal 2017
- Michele Marconici, studente del Dottorato in Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare, Universita' degli Studi di Pavia, dal 2016
- Federica Valerio, Umberto Palatini, Giuseppe Iovino, Alessandra Tancredi, attivita' di tesi per della laurea magistrale in Molecular Biology and Genetics, Universita' di Pavia, dal 2016
- Rebeca Carballar, postdoc Universita' di Pavia, 2016-2017
- Joshua Hartsel, postdoc, Universita' della California di Irvine, 2012-2013
- Francesca Scolari, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Scienze Naturali, Universita' di Pavia, 2004-2005
- Ines Lara Bellazzi, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Biologia, Universita' di Pavia, 2004-2005
- Frederick N. Baliraine, student di dottorato, Nairobi, Kenya, 2002-2004

- Stefania Moltoni, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Biologia, Universita' di Pavia, 2002-2003