



**AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO**

**COD. ID: 4713**

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di **Scienze Agrarie e Ambientali - Produzione, Territorio, Agroenergia**.

Responsabile scientifico: **Matteo Montagna**

**Giobbe Forni**

## **CURRICULUM VITAE**

### **INFORMAZIONI PERSONALI**

Cognome	Forni
Nome	Giobbe
Data Di Nascita	01/06/1988
ORCID ID	<a href="https://orcid.org/0000-0003-3669-8693">https://orcid.org/0000-0003-3669-8693</a>

### **OCCUPAZIONE ATTUALE**

Incarico	Struttura
Studente di Dottorato	Dipartimento BiGeA (Biologia, Geologia e Ambiente), Università di Bologna

### **ISTRUZIONE E FORMAZIONE**

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Triennale	Biotechnologie, voto 103/110 tesi: Quantificazione micotossine in <i>Allium</i> .	Università di Bologna	2013
Laurea Magistrale	Biodiversità ed Evoluzione, voto 110L/110 tesi: Genome editing in <i>Oryza sativa</i> .	Università di Bologna	2016

### **LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE**

lingue	livello di conoscenza
Inglese	C1
Spagnolo	A2



## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2016	Erasmus+ per mobilità nel gruppo di Paul Christou, Università di Lleida - Lleida, Spagna.
2019	Marco Polo per mobilità nel gruppo di Sasha Mikheyev, Australian National University - Canberra, Australia.

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Dopo avere approfondito le tecniche di genome editing in piante modello durante il mio percorso di laurea magistrale, nel corso del dottorato di ricerca il mio interesse si è diretto nei confronti di tassonomia e sistematica molecolare, macroevoluzione e trascrittomica comparativa negli insetti. Nello specifico mi sono focalizzato sugli insetti polineotteri dell'Ordine Phasmatodea (insetti stecco e foglia) e successivamente sulle conseguenze della perdita di tratti complessi e sulla loro possibile ri-evoluzione. Durante il progetto di dottorato, sono stato in grado di raddoppiare il numero di specie di fasmidi per cui sono disponibili dati molecolari, processando oltre 200 specie diverse. Questi dati sono stati utilizzati per studiare il posizionamento filogenetico di alcune specifiche famiglie di fasmidi (Cladomorphae, Diapheromerinae, ...) e per comprendere l'incertezza filogenetica che le contraddistingue (Forni et al. - in preparation). Contemporaneamente, ho anche avuto modo di applicare metodi di species delimitation per il genere di fasmidi australiani *Candovia* (Forni et al, under review). Per questo progetto ho processato oltre 100 campioni che sono stati successivamente analizzati assieme ai dati disponibili sul portale BOLD: queste analisi hanno portato a raddoppiare il numero di specie note nel genere (da 9 a 21). Per meglio comprendere il momento ed il contesto storico di comparsa dei fasmidi ho costruito ed analizzato un dataset di genomi mitocondriali: questa analisi ha messo in luce una origine dei fasmidi più antica rispetto alle precedenti ipotesi, in cui la radiazione evolutiva del subordine Euphasmatodea appare legata da un lato all'evento di estinzione di massa del Triassico-Giurassico e dall'altro alla rottura della Pangea (Forni et al. 2020). Successivamente, tutti questi dati sono stati utilizzati - assieme a quelli disponibili online su NCBI - per costruire il più completo timetree per questo clade di insetti. Su questo albero filogenetico ho testato l'ipotesi che nei fasmidi l'evoluzione delle ali possa essere un processo reversibile, cioè che alla loro perdita possa seguire una successiva ri-acquisizione delle stesse (Forni et al., 2020 - biorxiv). In questo studio ho avuto modo di acquisire conoscenze profonde sulle analisi filogenetiche comparative e sulla macroevoluzione, spaziando dallo studio dei diversification rates alle ancestral state reconstruction. Dal momento che le mie analisi hanno trovato un riscontro positivo nella possibilità di una evoluzione reversibile delle ali dei fasmidi, ho intrapreso un progetto mirato a comprendere l'effetto della perdita di tratti complessi sui geni ad essi associati, sviluppato insieme a Sasha Mikheyev presso la Australian National University di Canberra. Il caso studio è stato il genere di insetti europei *Bacillus*: ho utilizzato due specie partenogenetiche e una sessuata. Il mio focus è stato quello di a) individuare i geni legati alle gonadi maschili nella specie sessuata b) studiare la trascrizione e l'evoluzione di sequenza degli stessi nelle specie partenogenetiche, dove i maschi non sono presenti (Forni et al. - in preparation). In questo progetto di trascrittomica comparativa (RNA-seq cross-specie) ho avuto modo di approfondire sia le mie skill relative a differential expression (DE) e gene regulatory networks (GRNs) sia di evoluzione molecolare (tassi evolutivi, codon usage bias, regimi di selezione, et cetera). Durante il mio percorso di ricerca, ho avuto anche modo di rafforzare le mie conoscenze nei confronti della genomica comparativa ed ho collaborato ad uno studio sulla comparazione di substitution rates, espansioni/contrazioni di gene families e regimi di selezione nel clade di crostacei Notostraci (Luchetti et al. 2019; Luchetti et al. - in preparation). Ho anche partecipato a studi di stampo ecologico, nello specifico sulla associazione fra l'ape *Partamona testacea* e la formica *Paraponera clavata* (Bordoni et al., 2020). Durante il mio percorso di studi ho affinato la mia esperienza nelle pratiche di wet-lab - come estrazioni di DNA ed RNA da insetti o PCR; contemporaneamente ho avuto modo di sviluppare le mie competenze nei confronti della bioinformatica. Nello specifico ho ottenuto una ottima conoscenza dei linguaggi di programmazione BASH, R e Snakemake, oltre alla gestione di progetti su piattaforme HPC, come il supercomputer Gadi, attualmente il 25esimo più potente al mondo. Parte del mio dottorato è consistito anche nello sviluppo di tool bioinformatici: a) un primo software (mitoRNA) è stato sviluppato per il data-mining di genomi mitocondriali a partire dalle reads di RNA-seq disponibili nei database online mentre b) un secondo software (BASE) è stato sviluppato con la finalità di integrare i geni non-ubiquitari (i.e. non presenti in tutte le specie prese in considerazione) nelle analisi filogenomiche di selezione. Entrambi i lavori sono risultati in una pubblicazione (Forni et al. 2019; Forni et al. 2020 - bioRxiv) e sono disponibili su github (<https://github.com/for-giobbe>). Nel suo complesso l'attività di ricerca svolta ha portato alla pubblicazione di 2 software e 7 lavori scientifici di cui 5 su riviste peer reviewed e con impact factor e 2 sul portale di preprint bioRxiv. Fonte Google Scholar: data della prima pubblicazione 2016. documenti presenti 7, H-index 2, citazioni 78.



## Partecipazione a corsi e workshop

Data	Attività	Sede
26/11/2019 - 27/11/2019	Introduction to R and Rstudio, programming in R.	RSB, Australian National University - Canberra, Australia
27/08/2019 - 01/09/2019	IRSAE-SIBE PhyloPop course.	Fondazione Edmund Mach - San Michele all'Adige, Italia
15/07/2019 - 18/07/2019	Using Computational Tools to Study Macroevolution on Phylogenies.	Heraklion, Creta
11/06/2018 -15/06/2018	Genome-free RNA-seq assembly and transcriptome analysis leveraging Trinity.	Botanischer Garten und Botanisches Museum - Berlino, Germania
04/06/2018 - 08/06/2018	Phylogenomics.	Botanischer Garten und Botanisches Museum - Berlino, Germania
21/04/2017 e 28/04/2017	Tecniche Molecolari per la Tracciabilità e la Filogenesi degli Organismi e per la Datazione di Eventi Biologici in base alla Tecnica RADseq.	Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia - Modena, Italia
10/04/2017 - 12/04/2017	Comparative Methods in Evolutionary Biology.	Stazione Zoologica Anton Dohrn - Napoli, Italia
13/03/2017 - 17/03/2017	Integrative Taxonomy and Taxonomic Expertise: Barcodes in the Genomic Era.	MNHN Muséum National d'Histoire Naturelle - Parigi, Francia

## Attività di ricerca

Data	Attività	Sede
27/08/2019 - 01/09/2019	Studiante ospite nel laboratorio di Paul Christou per sviluppo tecniche genome editing in riso.	Università di Lleida - Lleida, Spagna
24/09/2016 - 01/11/2017	Laureato frequentatore presso il gruppo di Zoologia Molecolare.	Università di Bologna - Bologna, Italia
01/11/2017 - present	Dottorato di ricerca STVA (Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente).	Università di Bologna - Bologna, Italia
01/10/2019 - 17-03/2020	Studiante ospite nel gruppo di Sasha Mikheyev per analisi di RNA-seq (Differential Expression e Gene Correlation Networks).	Australian National University - Canberra, Australia



## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Congresso e Titolo del Contributo	Sede
2019	<b>VIII Congresso della Società Italiana di Biologia Evoluzionistica SIBE</b> Contributo orale: <b>G. Forni</b> , A. A. Ruggeri, F. Plazzi, B. Mantovani and A. Luchetti. BASE: overcoming constraints & limitations of the $\omega$ in a phylogenomic framework.	Padova, Italia
2019	<b>Congresso SMBE - Society for Molecular Biology and Evolution</b> Poster: <b>G. Forni</b> , F. Plazzi, M. Iannello, G. Piccinini, A. Cussigh, A. Luchetti, B. Mantovani. Mito-nuclear interaction in the OXPHOS pathway genes during the Euphasmatodea radiation.	Manchester, Regno Unito
2019	<b>Darwin: il viaggio, l'uomo e la scienza. Convegno "BiGeA Racconta" II edizione.</b> Contributo orale: G. Forni. Gli alberi di Darwin e la filogenesi per l'evoluzione.	Bologna, Italia
2018	<b>Congresso SMBE - Society for Molecular Biology and Evolution</b> Poster: <b>G. Forni</b> , G. Puccio, T. Bourguignon, T. Evans, O. R. Stabelli, B. Mantovani, A. Luchetti. Testing the robustness of mitochondrial genomes recovered from transcriptomes: an insight from <i>Reticulitermes</i> termites mitogenomics.	Yokohama, Giappone
2018	<b>2nd Evolution meeting</b> Poster: <b>G. Forni</b> , A. Cussigh, P. Valero, F. Seow-Choen, J. C. von Sydow, J. Bresseel, J. Constant, Y. Gutiérrez, B. Kneubühler, A. S. Ortiz, P. Brock, F. Hennemann, O. Conle, A. Luchetti, B. Mantovani. New perspective on phasmids systematics: molecular data reveals pervasive taxonomic inconsistency.	Montpellier, Francia
2017	<b>VII Congresso della Società Italiana di Biologia Evoluzionistica SIBE</b> Poster: <b>G. Forni</b> , A. Cussigh, P. Valero, F. Seow-Choen, J. C. von Sydow, J. Bresseel, J. Constant, Y. Gutiérrez, B. Kneubühler, A. S. Ortiz, P. Brock, F. Hennemann, O. Conle, B. Mantovani. Turning chaos into Order: the phylogeny of Phasmida.	Roma, Italia
2016	<b>VIII European Plant Science Retreat</b> Poster: R. Nadi, E. Soto, <b>G. Forni</b> , G. Villorborna; G. Farré, T. Capell, C. Zhu, P. Christou. Knocking out NDP-glucose-starch glucosyltransferase (Waxy) gene in Rice ( <i>Oryza sativa</i> ) using CRISPR/Cas9.	Barcellona, Spagna
2015	<b>Universidad de Lleida</b> Seminario: "New engineering techniques: CRISPR-Cas9".	Lleida, Spagna

## PUBBLICAZIONI

Articoli su riviste con impact factor
Bortesi, L., Zhu, C., Zischewski, J., Perez, L., Bassié, L., Nadi, R., <b>Forni, G.</b> , Lade, S.B., Soto, E., Jin, X. and Medina, V., 2016. Patterns of CRISPR/Cas9 activity in plants, animals and microbes. <i>Plant biotechnology journal</i> , 14(12), pp.2203-2216.
<b>Forni, G.</b> , Puccio, G., Bourguignon, T., Evans, T., Mantovani, B., Rota-Stabelli, O. and Luchetti, A., 2019. Complete mitochondrial genomes from transcriptomes: assessing pros and cons of data mining for assembling new mitogenomes. <i>Scientific reports</i> , 9(1), pp.1-9.



Luchetti, A., **Forni, G.**, Skaist, A.M., Wheelan, S.J. and Mantovani, B., 2019. Mitochondrial genome diversity and evolution in Branchiopoda (Crustacea). *Zoological letters*, 5(1), p.15.

Bordoni, A., Mocilnik, G., **Forni, G.**, Bercigli, M., Giove, C.D.V., Luchetti, A., Turillazzi, S., Dapporto, L. and Marconi, M., 2020. Two aggressive neighbours living peacefully: the nesting association between a stingless bee and the bullet ant. *Insectes Sociaux*, 67(1), pp.103-112.

**Forni, G.**, Plazzi, F., Cussigh, A., Conle, O., Hennemann, F., Luchetti, A. and Mantovani, B., 2020. Phylomitogenomics provide new perspectives on the Euphasmatodea radiation (Insecta: Phasmatodea). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, p.106983.

## Articoli su pre-print

**Forni, G.**, Martelossi, J., Valero, P., Hennemann, F.H., Conle, O., Luchetti, A. and Mantovani, B., 2020. Macroevolutionary Analyses Provide New Evidences of Phasmids Wings Evolution as a Reversible Process. *bioRxiv*.

**Forni, G.**, A. A. Ruggeri, G. Piccinini and A. Luchetti, 2020. BASE: integrating non-ubiquitous genes in phylogenomic analyses for selection. *bioRxiv*.

## ALTRE INFORMAZIONI

### Attività di correlatore di tesi di laurea

Data	Titolo	Corso di Laurea
2017-2018	Correlatore della tesi: "Molecular phylogenetics of the order Phasmatodea". Studente: Alex Cussigh.	Corso di Laurea Magistrale in Biodiversità ed Evoluzione, Università di Bologna
2017-2018	Correlatore della tesi: "Nuclear and mitochondrial markers in a phylogenetic analysis among stick insect species of the genus <i>Bacillus</i> (Insecta, Phasmida)": Studente: Eleonora Rovegno.	Corso di Laurea triennale in Scienze Biologiche, Università di Bologna
2017-2018	Correlatore della tesi: "Delimitazione di specie nel genere <i>Candovia</i> (Insecta, Phasmida)". Studente: Lisa Pollini.	Corso di Laurea triennale in Scienze Biologiche, Università di Bologna
2018-2019	Correlatore della tesi: "Filogenesi molecolare in insetti dell'ordine Phasmatodea". Studente: Tommaso Mortarino.	Corso di Laurea triennale in Scienze Biologiche, Università di Bologna
2018-2019	Correlatore della tesi: "Delimitazione di specie e analisi filogenetica del genere australiano <i>Candovia</i> (Insecta, Phasmida)". Studente: Filippo Nicolini.	Corso di Laurea triennale in Scienze Biologiche, Università di Bologna
2019-2020	Correlatore della tesi: "Molecular Phylogenetics, Divergence time and Evolution of Phasmida (Insecta)". Studente: Jacopo Martelossi.	Corso di Laurea Magistrale in Biodiversità ed Evoluzione, Università di Bologna
2019-2020	Correlatore della tesi: "Molecoular phylogeography of European stick insects". Studente: Lorenzo Cocchi.	Corso di Laurea Magistrale in Biodiversità ed Evoluzione, Università di Bologna
2019-present	Correlatore della tesi: "Mining mitochondrial genomes from transcriptome data and phylomitogenomics in branchiopods (Crustacea; Branchiopoda)". Studente: Andrea Merella.	Corso di Laurea Magistrale in Biodiversità ed Evoluzione, Università di Bologna

