UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Curriculum vitae

AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO **COD. ID: 5127**

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: Prof. Matteo Montagna

Alex Cussigh

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Cussigh
Nome	Alex
Data di Nascita	01/05/1993

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	**Struttura**
Studente di dottorato	Dipartimento BiGeA - Università degli studi di Bologna

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	**Corso di studi**	**Università**	**anno conseguimento titolo**
Laurea Triennale	Biologia, voto 110 cum laude	Università di Padova	2015
Laurea Magistrale	Biodiversità ed Evoluzione, voto 110 cum laude	Università di Bologna	2018
Percorso formativo 24 CFU	Percorso discipline antropo-pisco-pedagogico e nelle metodologie e tecnologie didattiche 24 CFU	Università di Bologna	2018

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	B2
Spagnolo	B2
Turco	A2
Francese	A1

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2019	Premio di studio Filogenesi molecolare ed evoluzione degli insetti Fasmidi – Riservato a studenti laureati magistrali in Biodiversità ed Evoluzione presso dipartimento BiGeA dell'Università di Bologna

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Il tirocinio per la realizzazione della tesi triennale è consistito in una investigazione faunistica su un gruppo di chilopodi appartenenti a biocenosi di oasi xerotermiche nel parco naturale dei Colli Euganei. La mia attività faceva parte di un progetto di ricerca nominato ''Characterization of diet and gut microbiota in a major group of soil predators through DNA metabarcoding and metagenomic approaches'', portato avanti dal gruppo di 'Arthropods Evolutionary Biology' del dipartimento di Biologia dell'Università di Padova. L'obiettivo principale era la caratterizzazione della dieta e del microbiota intestinale di chilopodi geofilomorfi usando un approccio meta genomico. In particolare, ho partecipato alla fase di campionamento dei chilopodi e ho successivamente proceduto all'identificazione e determinazione delle specie con l'uso del microscopio ottico.
Ho svolto il tirocinio finalizzato al compimento della tesi magistrale preso il MoZoo Lab del dipartimento di scienze biologiche, geologiche e ambientali – BiGeA dell'Università degli studi di Bologna. Mi sono occupato di fornire una panoramica globale della filogenesi molecolare dell'ordine Phasmida utilizzando marker genetici nucleari e mitocondriali. Ho isolato, amplificato, purificato e successivamente inviato al sequenziamento materiale genetico appartenente a circa 150 taxa di insetti stecco. Il dataset da me composto è stato inoltre arricchito da altrettante sequenze derivanti da database pubblici online. Sono seguite analisi bioinformatiche per la costruzione di alberi filogenetici.
Durante il tirocinio curricolare ho continuato a lavorare sul mio progetto di tesi riguardante la filogenesi molecolare dell'ordine Phasmida (Insecta) presso il MoZooLab del dipartimento di Scienze Biologiche dell'Università degli studi di Bologna. In particolare, mi sono occupando di ampliare il dataset di sequenze aggiungendo nuovi marker genetici nucleari e mitocondriali. Il progetto si poneva come obiettivo un'indagine filogenetica approfondita dei tempi di comparsa e radiazione dell'ordine (Forni et al., 2021), una conoscenza dell'evoluzione delle strategie riproduttive, degli adattamenti morfologici al mimetismo criptico, della presenza-assenza delle ali e studi di species delimitation nel genere *Candovia*. Il tirocinio ha previsto sia la frequenza del laboratorio di Zoologia Molecolare sia la rielaborazione e analisi dei dati ottenuti attraverso strumenti bioinformatici
A Novembre 2018 ho iniziato il mio percorso di dottorato nel XXXIV ciclo di dottorati in curriculum Biologico presso l'Università degli studi di Bologna con una borsa finanziata dalla regione Emilia- Romagna. Il progetto riguarda lo studio del DNA ambientale nei processi di risk assessment e decision making per la gestione di specie nocive nel settore agroalimentare, la sicurezza idraulica e la conservazione della biodiversità. Lo studio mira a convalidare la metodica del metabarcoding di DNA ambientale per indagare la biodiversità di corsi acquatici, per poter gradualmente affiancare le indagini floro-faunistiche tradizionali.
Mi sono personalmente occupato di ogni step riguardante il disegno sperimentale. Una prima fase è stata occupato dalla richiesta di tutte le autorizzazioni agli organi competenti per poter procedere allo studio e all'analisi in campo e in laboratorio.
Lo studio ha previsto un'attività in campo riguardante il campionamento di acqua in un canale antropico della provincia bolognese e parallelamente lo svolgimento di un'indagine faunistica tradizionale per ottenere dati da confrontare con le analisi derivanti dal protocollo del metabarcoding.
Successivamente, l'attività di laboratorio ha compreso il filtraggio dei campioni d'acqua, l'estrazione di materiale genetico, PCR con l'utilizzo di primer taggati, verifica della presenza dei ampliconi e pulizia, quantificazione e pooling

degli ampliconi. Infine, la library preparation e il sequenziamento su piattaforme NGS sono state affidate a una ditta esterna.
Lo step finale ha previsto l'attuazione della pipeline bioinformatica per la gestione, rielaborazione e interpretazione dei dati derivanti dal sequenziamento.
Durante le attività di tirocinio, tesi e dottorato ho potuto acquisire conoscenze nelle attività sul campo, in laboratorio e nell'elaborazione informatica.
In particolare, ho maturato una buona conoscenza nell' osservazione e utilizzo di microscopio ottico, stereomicroscopio e nell'allestimento di vetrini e preparati a fresco e fissati anche con varie tecniche di colorazione. Ho un'ottima dimestichezza nell'attuare protocolli di biologia molecolare che comprendono PCR ed elettroforesi in agarosio, design di primer universali degenerati e per metabarcoding, clonaggio genico e preparazione di cellule competenti, estrazioni di DNA e RNA, trasformazione genetica, culture di tessuti. Ho inoltre sviluppato buone capacità di riconoscimento morfologico di artropodi mediante l'utilizzo di chiave dicotomiche.
Per quanto riguarda le competenze informatiche e bioinformatiche possiedo una buona conoscenza dei sistemi operativi Windows, Linux e dei pacchetti Office e Adobe; ottima conoscenza di software per l'analisi di dati molecolari e filogenetici come Mega, AliView, Seqtrace, R, DAMBE, ApE, PartitionFinder, MAFFT, Clustal, T-Coffee, RAxML, Beast, Mr Bayes, Phyutility, GBlocks. Ho una buona dimestichezza nell'uso della shell testuale Bash e una conoscenza base di QGIS. Grazie ai corsi seguiti durante il dottorato ho sviluppato un'ottima dimestichezza con pacchetto di programmi ObiTools, QIIME2 e data-visualization con ggplot2.

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2021	Validazione della metodica del metabarcoding di eDNA per il censimento della comunità di pesci e metazoi invertebrati di acqua dolce in un canale antropico dell'Emilia-Romagna. **Alex Cussigh**, Barbara Mantovani, Federico Plazzi, Giovanni Rossi.	UZI ETS: Giornate interdisciplinari di Zoologia 2021 (Presentazione orale)
2020	Molecular systematics and phylogeny of the Australian stick insect genus Candovia Stål, 1875 (Phasmida, Necrosciinae). G. Forni, **A. Cussigh,** P.D. Brock, B.R. Jones, F. Nicolini, J. Martelossi, A. Luchetti and B. Mantovani	European PhD meeting in insect science. (Presentazione orale)
2019	Filogenesi molecolare e biodiversità delle termiti del genere Kalotermes (Blattaria, Termitoidae, Kalotermitidae). **Alex Cussigh**, David J.H. Teixidor, Barbara Mantovani, Andrea Luchetti	XVII edizione del Convegno Nazionale AISASP, (Abstract)
2019	Mito-nuclear interaction in the OXPHOS pathway genes during the Euphasmatodea radiation. Giobbe Forni, Federico Plazzi, Mariangela Iannnello, Giovanni Piccinini, **Alex Cussigh,** Andrea Luchetti, Barbara Mantovani	SMBE 2019, Manchester (Poster)
2018	New perspective on phasmids systematics and divergence times using nuclear and mithocondrial data reveals taxonomic inconsistency. Giobbe Forni, **Alex Cussigh**, Pablo Valero, Francis Seow-Choen, Jane Costa von Sydow, Joachim Bresseel, Jérôme Constant, Yeisson Gutiérrez, Bruno Kneubühler, Antonio S. Ortiz, Paul Brock, Frank Hennemann, Oskar Conle, Barbara Mantovani.	Evolution 2018, Montpellier. (Poster)
2017	Turning chaos into Order: the phylogeny of Phasmida. Giobbe Forni, **Alex Cussigh**, Pablo Valero,Francis Seow-Choen, Jane Costa von Sydow, Joachim Bresseel, Jérôme Constant, Yeisson Gutiérrez, Bruno Kneubühler, Antonio S. Ortiz, Paul Brock, Frank Hennemann, Oskar Conle,Barbara Mantovani.	Evoluzione 2017, 7° Congresso della Società Italiana di Biologia Evoluzionistica, Roma (Poster)

PUBBLICAZIONI

Articoli su riviste con impact factor
Forni G, Plazzi F, **Cussigh A,** Conle O, Hennemann F, Luchetti A, Mantovani B. Phylogenetics provides new perspectives on the Phasmatodea radiation (Insects: Phasmatodea). Mol Phylogenet Evol. 2021 Feb;155:106983. doi: 10.1016/j.ympev.2020.106983. Epub 2020 Oct 13. PMID: 33059069

ALTRE INFORMAZIONI

Partecipazione a corsi e workshop

Data	**Titolo**	**Sede**
4-8 Marzo 2019	Eukaryotic Metabarcoding	Physalia courses, Berlino
9-13 Novembre 2020.	Data visualization in R using ggplo2	Physalia courses, Online

Attività di ricerca

Data	**Titolo**	**Sede**
Maggio - Ottobre 2018	Laureato frequentatore presso il Gruppo MoZooLab	Università degli studi di Bologna
Novembre 2018 - presente	Dottorato di ricerca STVA (Scienze della Terra, della Vita e dell'Ambiente	Università degli studi di Bologna

Attività tutor accademico

Data	**Titolo**	**Sede**
AA 2019-2020	Tutor didattico per il corso "Zoologia" del Corso di Laurea Triennale in Scienze Biologiche	Università degli studi di Bologna
AA 2020-2021	Tutor didattico per il corso "Zoologia" del Corso di Laurea Triennale in Scienze Biologiche	Università degli studi di Bologna

Attività didattica

Data	**Titolo**	**Sede**
AA 2019-2020	Membro commissione di esame per il corso di Zoologia della laurea triennale in Scienze Biologiche	Università degli studi di Bologna

Attività di correlatore di tesi di Laurea

Data	Titolo	Corso di Laurea
2018 - 2019	Caratterizzazione molecolare di colonie di termiti delle Isole Canarie Candidato: Viviani Laura	Corso di laurea triennale in Scienze Biologiche, Università degli studi di Bologna
2019-2020	Studio filogenetico di campioni iraniani appartenenti alla famiglia dei "Cyprinidae" Candidato: Quaresima Renatoemanuele	Corso di laurea triennale in Scienze Biologiche, Università degli studi di Bologna
2019-2020	Analisi filogenetica e filogeografica del genere *Squalius* (Cyprinidae) in Italia Candidato: Capirossi Giorgia	Corso di laurea triennale in Scienze Biologiche, Università degli studi di Bologna
2019-2020	Caratterizzazione molecolare delle termiti della famiglia Kalotermidae (Blattodea, Termitoidae) tramite il marcatore mitocondriale 16s Candidato: Vujovic Jacopo	Corso di laurea triennale in Scienze Biologiche, Università degli studi di Bologna

Membro di Società Scientifiche

Data	Titolo
2019 - presente	Membro SIBE – Società Italiana Biologia Evoluzionistica

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

RICORDIAMO che **i curricula SARANNO RESI PUBBLICI sul sito di Ateneo** e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Bologna, 30/11/2021