



**AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO  
COD. ID: 5348**

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 e Politiche Ambientali \_\_\_\_\_

Responsabile scientifico: Prof. Gentile Francesco Ficetola \_\_\_\_\_

**Diego Brambilla**

**CURRICULUM VITAE**

INFORMAZIONI PERSONALI

<b>Cognome</b>	Brambilla
<b>Nome</b>	Diego

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

<b>Titolo</b>	<b>Corso di studi</b>	<b>Università</b>	<b>anno titolo</b>	<b>conseguimento</b>
Laurea Triennale	Scienze Biologiche	Pavia	2013	
Laurea Magistrale o equivalente	Biologia	Milano-Bicocca	2018	
Esame di abilitazione alla professione di Biologo	X	Pavia	2019	

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

<b>lingue</b>	<b>livello di conoscenza</b>
Italiano	madrelingua
Inglese	C2

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Marzo 2020 - Aprile 2021: Assegno di ricerca di tipo B presso il CNR - IRSA di Verbania; responsabile scientifico: Dott. Gianluca Corno

progetto WARFARE: studio della diffusione di geni di resistenza agli antimicrobici in effluenti di impianti depurativi che sfociano nel Lago Maggiore.

Gestore delle attività informatiche del Microbial Ecology Group:



- Annotazione bioinformatica di metagenomi, rivolta alla co-occorrenza di geni di resistenza ai metalli e antibiotici.
  - Uso del software R per la creazione e manipolazione di tabelle pivot; normalizzazione delle funzioni geniche su copie di gene 16S rRNA; analisi di alfa- e beta-diversità tramite cluster analysis gerarchica (hclust) su matrici di distanze Bay-Curtis; test ANOVA a una via e conseguente test post-hoc HSD di Tukey; test PERMANOVA; test di correlazione secondo Pearson e conseguente visualizzazione grafica tramite network analysis.
  - Organizzazione delle analisi sopra elencate in script resi poi accessibili tramite creazione di una pagina GitHub dedicata (<https://github.com/CNR-IRSA-MEG>).
- Annotazione di marker molecolari 18S e COI usando usearch, e le rispettive e linee guida di Robert Edgar, come parte delle ricerche sulla meiofauna nel Lago Maggiore.

Settembre 2018 – Marzo 2020: Research Engineer presso la Linnaeus University (Kalmar, Svezia); referente: Dott. Daniel Lundin.

Supporto bioinformatico per il gruppo di ricerca “Ecology and Evolution in Microbial model Systems” (EEMiS):

- implementazione di strumenti per processare dati di metabarcoding destinati al database Biodiversity Atlas Sweden (BAS) (<https://biodiversitydata.se/>).
- Sviluppo e documentazione di ampliseq (<https://github.com/nf-core/ampliseq>), una pipeline in Nextflow di annotazione per dati di barcode, in particolare 16S rRNA e 18S rRNA.
- Preparazione di guide all’inserimento di raw reads e dati meta-omici (metabarcoding, metagenomici e metatranscrittomici) nell’European Nucleotide Archive e nel National Center for Biotechnology Information.

Lavoro ausiliario: assistente per il corso di dottorato “Fundamentals of Computational Biology”, basandosi estensivamente sul software R e seguendo il paradigma di dati “tidy” di Haldey Wickham.

Febbraio – Giugno 2018: Erasmus + Traineeship presso la Linnaeus University, Svezia; referente: Dott. Daniel Lundin.

Supporto ai dottorandi dell’EEMiS nell’interpretazione di dati di metabarcoding e meta-omici derivanti dai campionamenti di acqua del Mar Baltico effettuati al “Linnaeus Microbial Observatory” (LMO).

- Perfezionamento di biomakefiles (<https://github.com/erikrikarddaniel/biomakefiles>), una workflow di annotazione user-friendly, per elaborare dati di meta-omica provenienti da campioni del Mar Baltico.
- Redazione di una guida di utilizzo della workflow. Inoltre, esposizione dei vantaggi e possibili implementazioni della workflow ai membri dell’EEMiS.
- Interpretazione degli output di biomakefiles, che ha implicato l’uso della meta-libreria Tidyverse per filtrare, riorganizzare e riassumere dataset meta-omici. I geni espressi in modo differenziale sono stati normalizzati e analizzati tramite il pacchetto di R EdgeR. Tale collaborazione coi dottorandi ha contribuito a una maggiore caratterizzazione delle funzioni procariotiche nel Mar Baltico.



Gennaio 2017 - Febbraio 2018: lavoro di tesi, progetto SINERGIA: studio del potenziale metabolico della associazione foglie-microrganismi, incentrato sui pathway degradativi degli inquinanti aerodispersi.

- Ho svolto l'annotazione funzionale di dati di metagenomica con i più recenti programmi bioinformatici. La preparazione del dato ha incluso la normalizzazione delle abbondanze relative per milione di sequenze per campione in R.
- Dai profili funzionali ottenuti tramite metagenomica, in aggiunta ai profili tassonomici derivanti dall'analisi metabarcoding 16S rRNA (OTUs), si è fatta inferenza statistica con tecniche sia univariate che multivariate tramite software R:
  - Redundancy analyses (RDA), variation partitioning (VP) e partial RDNA (pRDA) sulle abbondanze relative normalizzate di OTUs e di pathways metabolici, previo calcolo della distanza di Hellinger, tra le diverse stagioni e specie di pianta ospite.
  - Gli andamenti di singoli prodotti genici, pathways metabolici e rispettivi inquinanti aerei sono stati modellati tramite GLS per tenere conto dell'eteroschedasticità tra gruppi di campioni. La scelta del modello che interpolasse la miglior struttura della matrice di varianza-covarianza si è basata sull'Akaike Information Criteria (AIC). La significatività del miglior modello è stata così verificata tramite test-F, con la correzione per test multipli False Discovery Rate (FDR). I test Post-hoc sono stati eseguiti con una procedura di randomizzazione per valutare le differenze significative tra coppie di gruppi di dati.
- E' stata così ottenuta l'evidenza preliminare che i microrganismi sulle foglie possano degradare gli inquinanti aerei.

## ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2020 - 2021	progetto "novel wastewater disinfection treatments to mitigate the spread of antibiotic resistance in agriculture (WARFARE)"(Assegnista di ricerca)
2018 - 2020	Biodiversity Atlas Sweden (BAS), oggi Swedish Biodiversity Data Infrastructure (SBDI) (Research Engineer)
2017	Strumenti INnovativi pER il trattamento bioloGico di inquinanti volatili per la sicurezza negli impianti produttivi (SINERGIA) (Tesi)



## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2022	Specied Distribution Models	Università degli Studi di Pavia
2022	Multivariate analysis of ecological, environmental and molecular data	Università degli Studi di Milano
2022	Comunicare la scienza: perché, a chi e come?	Università degli Studi di Milano
2022	Practical course on FAIR Data Stewardship in Life Science	Online ( <a href="https://www.eosc-pillar.eu/events/practical-course-fair-data-stewardship-life-science">https://www.eosc-pillar.eu/events/practical-course-fair-data-stewardship-life-science</a> )
2022	Analisi di serie storiche con R	Università degli Studi di Pavia
2022	Scrittura scientifica per le scienze ambientali	Università degli Studi di Milano
2022	Introduction to statistical analysis of ecological and environmental data	Università degli Studi di Milano
2021	Senckenberg Biodiversity Genomics Symposium	Online ( <a href="https://events.pacb.com/senckenberg-biodiversity">https://events.pacb.com/senckenberg-biodiversity</a> )
2021	Il monitoraggio ambientale delle acque mediante DNA	Online ( <a href="http://www.vb.irs.cnr.it/news/events/dna-aqua-net">http://www.vb.irs.cnr.it/news/events/dna-aqua-net</a> )
2021	First DNAQUA international conference	Online ( <a href="https://symposium.inrae.fr/dnaqua-conference-evian2021">https://symposium.inrae.fr/dnaqua-conference-evian2021</a> )
2021	Introduction to Python Programming	Online ( <a href="https://eventi.cineca.it/en/hpc/introduction-python-programming">https://eventi.cineca.it/en/hpc/introduction-python-programming</a> )
2021	17th Advanced School on Parallel Computing	Online ( <a href="https://www.hpc.cineca.it/center_news/17th-advanced-school-parallel-computing-containers-topic">https://www.hpc.cineca.it/center_news/17th-advanced-school-parallel-computing-containers-topic</a> )
2021	ENVRI Community International Winter School on DATA FAIRness	Online ( <a href="https://www.lifewatch.eu/envri-iws-data-fairness-2020">https://www.lifewatch.eu/envri-iws-data-fairness-2020</a> )
2020	Enacting Open Science in the Environmental and Earth Science	Online ( <a href="https://www.openaire.eu/item/praticare-l-open-science-nelle-scienze-della-terra-e-dell-ambiente">https://www.openaire.eu/item/praticare-l-open-science-nelle-scienze-della-terra-e-dell-ambiente</a> )
2020	Online CodeRefinery Workshop	Online ( <a href="https://coderefinery.github.io/2020-05-">https://coderefinery.github.io/2020-05-</a>



		18-online/)
2019	NBIS course for reproducible science	SciLifeLab, Stoccolma ( <a href="https://nbis-reproducible-research.readthedocs.io/en/course_1905/">https://nbis-reproducible-research.readthedocs.io/en/course_1905/</a> )
2017	Python for computational science	CINECA, Casalecchio di Reno ( <a href="https://eventi.cineca.it/en/hpc/python-computational-science/bologna-20171016">https://eventi.cineca.it/en/hpc/python-computational-science/bologna-20171016</a> )
2017	Corso base di R; statistica spaziale con R	Università degli Studi di Milano-Bicocca

## PUBBLICAZIONI

<b>Articoli su riviste</b>
Eva Högfors-Rönholm, Margarita Lopez-Fernandez, Stephan Christel, Diego Brambilla, Marcel Huntemann, Alicia Clum, Brian Foster, Bryce Foster, SimonRoux, Krishnaveni Palaniappan, Neha Varghese, Supratim Mukherjee, T.B.K. Reddy, Chris Daum, Alex Copeland, I-Min A. Chen, Natalia N. Ivanova, Nikos C. Kyrpides, Miranda Harmon-Smith, Emiley A. Eloë-Fadros3, Daniel Lundin, Sten Engblom, Mark Dopson. "Metagenomes and metatranscriptomes from boreal potential and actual acid sulfate soil materials". <i>Scientific Data</i> , 6, 207 (2019). DOI: 10.1038/s41597-019-0222-3
Andrea Franzetti, Bartolomeo Sebastiani, David Cappelletti, Diego Brambilla, Emilio Padoa-Schioppa, Ermanno Federici, Giuseppina Bestetti, Isabella Gandolfi, Maddalena Papacchini, Roberto Ambrosini, Claudia Canedoli. "Plant-microorganisms interaction promotes removal of air pollutants in urban areas". <i>Journal of Hazardous Materials</i> , 384, 121021 (2019). DOI: 10.1016/j.jhazmat.2019.121021
Andrea Di Cesare, Lee J.Pinnell, Diego Brambilla, Giulia Elli, Raffaella Sabatino, María B. Sathicq, Gianluca Corno, Colin O'Donnell, Jeffrey W. Turner. "Bioplastic accumulates antibiotic and metal resistance genes in coastal marine sediments". <i>Environmental Pollution</i> , 291, 118161 (2021). DOI: 10.1016/j.envpol.2021.118161
Andrea Di Cesare, Raffaella Sabatino, Ying Yang, Diego Brambilla, Li Pu, Diego Fontaneto, Ester M. Eckert, Gianluca Corno. "Contribution of Plasmidome, Metal Resistome and Integrases to the Persistence of the Antibiotic Resistome in Aquatic Environments". <i>Environmental Pollution</i> , 297, 118774 (2022). doi: 10.1016/j.envpol.2021.118774.

<b>Articoli in lavorazione</b>
Raffaella Sabatino, Pedro Cabello-Yeves, Ester M. Eckert, Gianluca Corno, Cristiana Callieri, Diego Brambilla, Nina Dzhenbekova, Snejana Moncheva, Andrea Di Cesare. "Antibiotic resistance genes correlate with metal resistances and accumulate in the deep water layers of the Black Sea".
Eva Högfors-Rönholm, Daniel Lundin, Diego Brambilla, Stephan Christel, Margarita Lopez-Fernandez, Tom Lillhonga, Sten Engblom, Peter Österholm, Mark Dopson. "Gallionella and Sulfuricella Populations Mediate the Transition of Boreal Potential to Actual Acid Sulfate Soils".



## ALTRE INFORMAZIONI

Luglio 2015 - Certificazione IELTS (Inglese) livello C1, voto complessivo 7.5 (centro numero IT010, rapporto numero 15IT006134BRAD010A).

Aiuto nella realizzazione della guida "Le Libellule del Parco Adda Sud", di Riccardo Groppali e Anna Paracolli (<https://www.parcoaddasud.it/download/libri/libellule.pdf>)

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 pre-costruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

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

Luogo e data: \_\_Travacò Siccomario (PV)\_\_, \_\_14/06/2022\_\_