



AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5922

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 Cliniche e di Comunità*

Responsabile scientifico: *Prof.ssa Bollati Valentina*

Tiago Nardi

## CURRICULUM VITAE

### INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Nardi
Nome	Tiago

### OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Borsista di ricerca	Università di Pavia - Laboratorio di Parassitologia
Affiliato	Lawrence Berkeley National Laboratory - Joint Genome Institute - USA

### ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno titolo	conseguimento
Laurea Magistrale o equivalente	Molecular Biotechnology and Bioinformatics (LM-8)	Università degli Studi di Milano	2019	
Dottorato Di Ricerca	Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare	Università di Pavia	2023	

### LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	C1
Portoghese	B1



## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2022	EMBO - Scientific Exchange Grant (SEG) - Number 9638: "Genomic and phylogenetic characterisation of the host-symbiont interface in the <i>Rickettsiales</i> "

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività
<p><b>2023 - corrente:</b> <i>Lawrence Berkeley National Lab - Joint Genome Institute - New Lineages of Life Group</i></p> <p><i>Marie Skłodowska-Curie Actions Staff Exchange Fellow / Progetto NGTax; ID: 872767: attività svolte presso il gruppo di ricerca guidato dal dott. Frederik Schulz.</i></p> <p>Costruzione di un framework filogenetico dei <i>Nucleocyotoviricota</i> (virus giganti), aggiornato con l'ausilio di dati massivi di metagenomica ambientale, inclusivo dell'analisi delle capacità metaboliche e la loro distribuzione. Il lavoro include l'uso di metodi per alleviare gli artefatti filogenetici causati da incomplete lineage sorting dei geni marker, il riconoscimento di rogue taxa e il test di diversi approcci per la deduplicazione dei campioni, come clustering per distanza filogenetica.</p> <p><b>2019 - corrente:</b> <i>Università di Pavia - Dipartimento di Biologia e Biotecnologie - Laboratorio di Parassitologia</i></p> <p><i>2019/10 - 2023/03: Dottorato in Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare, tesi "Genomic and evolutionary characterisation of symbiotic bacteria in ticks", relatore Prof. Davide Sasserà.</i></p> <p><i>2023/04 - corrente: Borsista di ricerca</i></p> <p>Durante il mio dottorato mi sono focalizzato su analisi bioinformatiche e genomiche volte a comprendere l'evoluzione e i meccanismi di diverse forme di simbiosi. I miei principali sistemi di studio sono stati i batteri simbiotici nelle zecche (e.g. <i>Midichloria</i>, <i>Coxiella</i>, <i>Francisella</i>, <i>Spiroplasma</i>) e in eucarioti unicellulari (membri dell'ordine delle <i>Rickettsiales</i>). Inoltre ho anche lavorato su altri sistemi come <i>Cryptosporidium parvum</i> (eucariote parassita), e dati di genetica di zecche. Ho impiegato vari approcci di analisi, come assemblaggio/mapping, anche in campioni misti ospite-simbionte, inferenze filogenetiche (maximum likelihood, e analisi bayesiana inclusi molecular clock), identificazione di pressioni selettive, ricostruzioni dinamiche genetiche (perdite, acquisizioni e duplicazioni), genetica di popolazione, ricostruzione di capacità metaboliche e amplicon metagenomics.</p> <p>Impiego come principali linguaggi di programmazione R (con tidymodels per machine learning) e Python, so usare e scrivere pipeline con snakemake e nextflow, e usare git per version control e collaborazione. Per la stesura di report e presentazioni uso Quarto/Rmarkdown.</p> <p>Lavoro in sistemi linux, incluso l'uso di High-Performance Computing con sistema SLURM.</p> <p><b>2022/06 - 2022/10 :</b> <i>Institut Pasteur - Parigi</i></p> <p><i>EMBO Scientific Exchange Grant: Grant n. 9638, "Genomic and phylogenetic characterisation of the host-symbiont interface in the Rickettsiales".</i></p> <p>Periodo all'estero del dottorato svolto nel laboratorio della Dr. Simonetta Gribaldo. Partendo dal dataset di genomi di batteri appartenenti all'ordine delle <i>Rickettsiales</i>, ho identificato i geni coinvolti nella sintesi e mantenimento delle membrane e delle outer membrane proteins, le relative dinamiche genetiche e come si associno con la perdita della sintesi del peptidoglicano.</p> <p><b>2018/10 - 2019/09:</b> <i>Università degli studi di Milano - Centro di ricerca pediatrica Romeo ed Enrica</i></p>



## Invernizzi

**Tesista magistrale:** tesi “Development of a novel culture-free HRM-based method for fast detection and typing of *Serratia marcescens*: bioinformatic analyses and preliminary results”, relatore Dr. Francesco Comandatore.

Sviluppo di una pipeline in python per identificare geni adatti per High Resolution Melt analysis, per l'identificazione di outbreak, scrittura programmi per visualizzare reti di contatto in infezioni nosocomiali .

## Corsi formazione

**2020/09/7-17:** Summer School: “Data Science: Machine Learning and its Application in Genomics, Chemistry and Neuroscience”, Intensive School for Advanced Graduate Studies, Pavia

## Corsi brevi/trasversali:

**2022/09/22:** Corso online “EPIGEUM Research Integrity” offerto dall’EMBO Scientific Exchange Grant

**2020/05/16-17:** Corso trasversale in “Data Analysis and Interpretation in Molecular Medicine: from Databases to Artificial Intelligence - Transcriptomics”, Università di Pavia

**2019 - 2020:** Corso online in europrogettazione (fondi europei per ricerca e salute, tecniche e metodi per la redazione di progetti, budget e rendicontazione) tramite il Cluster Lombardo Scienze della vita

## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2023/08/24 -25	2023 NeLLi - Symposium on New Lineages of Life	Berkeley, California, USA.
2022/07/25 -29	10th Congress of the International Society of Symbionts/3rd International Conference on Holobionts	Lione, Francia.
2021/10/13 -15	Gutenberg Workshop: The Rise and Fall of Mutualisms - Ecological and Evolutionary Dynamics of Host-Microbe Symbioses	Ingelheim am Rhein, Germania.
2021/06/16 -19	XXXI Congresso della Società Italiana di Parassitologia	Online

## PUBBLICAZIONI

### Articoli su riviste

Buysse M, Floriano AM, Gottlieb Y, Nardi T, Comandatore F, Olivieri E, Giannetto A, Palomar AM, Makepeace BL, Bazzocchi C, Cafiso A, Sasseria D, Duron O.

A dual endosymbiosis supports nutritional adaptation to hematophagy in the invasive tick *Hyalomma marginatum*.

eLife. 2021; 10: e72747.

Disponibile su: <https://doi.org/10.7554/eLife.72747>



Fabietti I, Nardi T, Favero C, Dioni L, Cantone L, Pergoli L, Hoxha M, Pinatel E, Mosca F, Bollati V, Persico N.

Extracellular vesicles and their mirna content in amniotic and tracheal fluids of fetuses with severe congenital diaphragmatic hernia undergoing fetal intervention.

Cells. 2021; 10(6): 1493.

Disponibile su: <https://doi.org/10.3390/cells10061493>

Castelli M, Lanzoni O, Nardi T, Lometto S, Modeo L, Potekhin A, Sassera D, Petroni G.

'*Candidatus* Sarmatiella mevalonica' endosymbiont of the ciliate *Paramecium* provides insights on evolutionary plasticity among *Rickettsiales*.

Environmental Microbiology. 2021; 23(3): 1684-701.

Disponibile su: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15396>

Nardi T, Olivieri E, Kariuki E, Sassera D, Castelli M.

Sequence of a *Coxiella* endosymbiont of the tick *Amblyomma nuttalli* suggests a pattern of convergent genome reduction in the *Coxiella* genus.

Genome Biology and Evolution. 7 gennaio 2021; 13(1):evaa253.

Disponibile su: <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa253>

### Preprints

Bellinzona G, Nardi T, Castelli M, Batisti Biffignandi G, Betson M, Blanchard Y, Bujila I, Chalmers R, Davidson R, D'Avino N, Enbom T, Gomes J, Karadjian G, Klotz C, Östlund E, Plutzer J, Rimhanen-Finne R, Robinson G, Sannella AR, Sroka J, Stensvold CR, Troell K, Vatta P, Zalewska B, Bandi C, Sassera D, Cacciò SM.

Comparative genomics reveals the emergence of an outbreak-associated *Cryptosporidium parvum* population in Europe and its spread to the USA.

19 settembre 2023.

Disponibile su: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2023.09.19.558430>

Castelli M, Nardi T, Gammuto L, Bellinzona G, Sabaneyeva E, Potekhin A, Serra V, Petroni G, Sassera D. Host association and intracellularity evolved multiple times independently in the *Rickettsiales*.

14 Ottobre 2022.

Disponibile su: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2022.10.13.511287>

### Atti di convegni

Castelli M, Nardi T, Gammuto L, Bellinzona G, Sabaneyeva E, Potekhin A, Serra V, Petroni G, Sassera D.

Insights from environmental metagenomics: multiple independent evolution of host association in *Rickettsiales*

Presentazione orale al *NeLLi - Symposium*, Berkeley (CA - USA), 2023/08/24

Castelli M, Nardi T, Gammuto L, Bellinzona G, Sabaneyeva E, Potekhin A, Serra V, Petroni G, Sassera D.

Novel genomes from neglected *Rickettsiales* shed light on their evolutionary diversification and adaptation



Poster al 10° Congresso della International Society of Symbiosis, Lione (Francia), 2022/07/28
<b>Nardi T, Olivieri E, Kariuki E, Sassera D, Castelli M.</b> Comparative genomics and phylogeny of <i>Coxiella</i> symbionts of ticks, and their relation to <i>Coxiella burnetii</i> : acquired or ancestral pathogenicity? Poster al Gutenberg Workshop: <i>The Rise and Fall of Mutualisms</i> , Ingelheim am Rhein (Germania) 2021/10/14
<b>Nardi T, Olivieri E, Kariuki E, Sassera D, Castelli M.</b> Comparative genomics and phylogeny of <i>Coxiella</i> symbionts of ticks, and their relation to <i>Coxiella burnetii</i> : acquired or ancestral pathogenicity? Presentazione orale al XXXI Congresso Società Italiana di Parassitologia, Online, 2021/06/19

ALTRE INFORMAZIONI

<b>Didattica</b>
<b>2022:</b> Cultore della materia per “Bioinformatics” (LM “Molecular Biology and Genetics”), Responsabile: Prof. Davide Sassera (SSD: ING-INF/06) Ho tenuto i seminari didattici sull’uso di R, e dato supporto alla stesura e svolgimento degli esami. Cultore della materia per “Micologia e Parassitologia con Tecniche di Laboratorio” (LM “Biologia Sperimentale e Applicata”), responsabile: dott. Michele Castelli (SSD: VET/06). Ho partecipato allo svolgimento degli esami. <b>2021:</b> Cultore della materia per “Bioinformatics” (LM “Molecular Biology and Genetics”), Responsabile: Prof. Davide Sassera (SSD: ING-INF/06). Tutor, preparazione dei materiali per le lezioni di genomica, supporto alla stesura e svolgimento degli esami.

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: Berkeley, 16/10/2023