

Curriculum vitæ of Alessandro Fuschi

Informazioni Personali

Data di nascita: 13/06/1991
 Luogo di nascita: Orvieto (TR)
 Domicilio: Via Murri 110, 40137, Bologna
 Cell.: +39 334 1114474
 E-Mail Unibo: alessandro.fuschi2@unibo.it
 E-Mail Personale: fuschi.alessandro@gmail.com
 Web Site: <https://www.unibo.it/sitoweb/alessandro.fuschi2>
 GitHub: <https://github.com/Fuschi>



Formazione e Percorso Professionale

- 02/2024 - oggi **Assegnista di ricerca nel progetto TRIGGER** presso l'Università di Bologna.
Focus del progetto: Il progetto TRIGGER ha l'obiettivo di comprendere gli impatti del cambiamento climatico sulla salute, attraverso tecniche genomiche e metagenomiche applicate a campioni umani e ambientali. Il fine è analizzare dati metagenomici per descrivere patologie e la loro evoluzione, identificare marcatori diagnostici o indicatori di cambiamenti ambientali determinati dal cambiamento climatico.
Responsabilità:
- Sviluppo di modelli matematici basati sulla teoria dei dati composizionali per l'analisi di dati metagenomici.
 - Implementazione e applicazione di pipeline bioinformatiche per l'analisi metagenomica.
 - Applicazione di metodi derivati dalla teoria delle reti per caratterizzare comunità di organismi e sviluppo di modelli matematici per studiare l'evoluzione di queste reti o delle loro proprietà.
- Collaborazione Interdisciplinare:* Il progetto richiede l'interazione con esperti in virologia/batteriologia, epidemiologia, scienze mediche/cliniche e fisica ambientale.
- 11/2020 - 01/2024 **Dottorato di Ricerca in Fisica Applicata** presso l'Università di Bologna, cofinanziato dal progetto europeo VEO (Versatile Emerging Infectious Disease Observatory) <https://www.veo-europe.eu/>.
Focus della ricerca: Analisi dati e modellizzazione applicata a dataset metagenomici, con particolare attenzione agli aspetti composizionali del sequenziamento. Attività incentrata sullo sviluppo di analisi a network specifiche per questo tipo di dati e sulla progettazione di pipeline bioinformatiche ottimizzate per sistemi di calcolo ad alte prestazioni (HPC), con un forte orientamento alla computazione in parallelo. Utilizzo consolidato di Conda e Snakemake per la gestione efficiente di workflow bioinformatici complessi.
- 02/2023 - 04/2023 **Periodo all'estero in Danimarca**, presso la Technical University of Denmark (DTU), sotto la supervisione del Dr. Frank Aarestrup e di Patrick Munk.
Focus dello scambio: Sviluppo di una pipeline bioinformatica e analisi dei dati finalizzati alla prevenzione di malattie emergenti, attraverso il monitoraggio delle acque reflue in diverse città europee.
- 2018 - 2020 **Laurea Magistrale in Fisica Applicata** presso Alma Mater Studiorum - Università di Bologna, con votazione 110/110 e lode. Titolo della tesi: "Analisi di dati compo-

sizionali applicata alla ricostruzione di reti del microbioma umano” – Relatore: Prof. D. Remondini, Correlatore: Prof. George Weinstock.

2013 - 2017 **Laurea Triennale in Fisica** presso Alma Mater Studiorum - Università di Bologna, con votazione 89/110. Titolo della tesi: "Calcolo di ologrammi con Matlab e Octave" – Relatore: Prof. M. Cuffiani.

2005 - 2010 **Diploma di Maturità Scientifica** con votazione 90/100 presso il Liceo Ettore Majorana, Orvieto (Italia).

Progetti Competitivi e Attività Ausiliarie

09/2024 - 05/2025 **Tutor Didattico** presso il laboratorio del corso di *Programmazione per la Fisica* [cod. 81784], Corso di Laurea in Fisica.
Supporto agli studenti nello sviluppo di competenze di programmazione in C++ per applicazioni scientifiche.
<https://www.unibo.it/it/studiare/insegnamenti-competenze-trasversali-moocs/insegnamenti/insegnamento/2024/485311>

09/2024 - 12/2024 **Tutor Didattico** presso il laboratorio del corso di *Metodi Numerici per il Calcolo* [cod. 69176], Corso di Laurea in Informatica per il Management, sotto la supervisione del Prof. David Palitta.
Attività: supporto agli studenti nello sviluppo di programmi in Matlab.
<https://www.unibo.it/it/studiare/insegnamenti-competenze-trasversali-moocs/insegnamenti/insegnamento/2024/375737>

09/2022 - 11/2022 **Correlatore di una Tesi di Laurea Triennale in Fisica** dal titolo *Analisi della migrazione cellulare in vitro in presenza e assenza di campo elettrico*, con relatore Prof. Gastone Castellani.

08/2022 - 10/2022 **Progetto CINECA ISCRA-C**. Responsabile della scrittura e implementazione del progetto *MEtaGenomics Assembly for AntiMicrobial Resistance*, finalizzato all'identificazione di geni di resistenza antibiotica in genomi ricostruiti de novo da campioni ambientali provenienti da allevamenti.
Gestione di risorse computazionali rilevanti: 75.000 core-hour sul sistema HPC Galileo100 (528 nodi, 384 GB di memoria, CPU Intel CascadeLake 8260).

09/2021 - 12/2021 **Tutor Didattico** presso il corso di *Analisi Numerica* [cod. 04524], Corso di Laurea in Informatica per il Management, sotto la supervisione del Prof. Giulio Casciola.
<https://www.unibo.it/it/didattica/insegnamenti/insegnamento/2021/375171>

09/2021 - 12/2021 **Tutor Didattico** presso il laboratorio del corso di *Metodi Numerici per il Calcolo* [cod. 69176], Corso di Laurea in Informatica per il Management, sotto la supervisione del Prof. David Palitta.
Attività: supporto agli studenti nello sviluppo di programmi in Matlab.
<https://www.unibo.it/it/didattica/insegnamenti/insegnamento/2019/375737>

09/2020 - 12/2020 **Tutor Didattico** presso il laboratorio del corso di *Metodi Numerici per il Calcolo* [cod. 69176], Corso di Laurea in Informatica per il Management, sotto la supervisione del Prof. Giulio Casciola.
Attività: supporto agli studenti nello sviluppo di programmi in Matlab.
<https://www.unibo.it/it/didattica/insegnamenti/insegnamento/2019/375737>

10/2019 - 02/2020 **Tutor Didattico** per l'attività di *Preparazione OFA in Matematica* [cod. 74566], Corso di Laurea in Informatica per il Management, sotto la supervisione della Prof.ssa Chiara Guidi.
Attività: esercizi in aula di Analisi Matematica (funzioni goniometriche, limiti, studio

di funzione, sviluppi di Taylor, derivate, integrali e integrali generalizzati). Correzione in classe degli esami della sessione invernale.

<https://www.unibo.it/it/didattica/insegnamenti/insegnamento/2019/367006>

11/2018 - 03/2019 **Correlatore di una Tesi di Laurea Triennale in Fisica** dal titolo *Misura di ampiezza e fase in olografia digitale*, con relatore Prof. Marco Cuffiani.

04/2018 - 06/2018 **Tutor Didattico** presso il laboratorio del corso di *Competenze Informatiche per la Chimica* [cod. 84639], Corso di Laurea in Chimica e Chimica dei Materiali, sotto la supervisione del Prof. Marco Lombardo.

Attività: supporto agli studenti nello sviluppo di programmi in Fortran 95.

<https://www.unibo.it/it/didattica/insegnamenti/insegnamento/2018/422231>

Conferenze e Scuole di Formazione

12–14/06/2023 Partecipazione come relatore al *Versatile Epidemiological Observatory* (VEO) Symposium 2023, tenutosi a Rotterdam, con presentazione di un poster scientifico.
<https://www.aanmelder.nl/143737>

16–18/05/2022 Presentazione di un poster scientifico e intervento come relatore nella sezione giovani al *Versatile Epidemiological Observatory* (VEO) Symposium 2022, svoltosi a L'Aia.
<https://www.aanmelder.nl/143737>

01–03/12/2021 Partecipazione al corso *High Performance Bioinformatics* organizzato da CINECA. Il programma ha incluso tecniche HPC per la bioinformatica e ottimizzazione delle pipeline. Coordinamento a cura di Silvia Gioiosa.
<https://eventi.cineca.it/en/hpc/high-performance-bioinformatics/20211201>

Pubblicazioni

Nature Communications **Time-series sewage metagenomics distinguishes seasonal, human-derived and environmental microbial communities potentially allowing source-attributed surveillance.**

*Autori (co-primo autore con Ágnes Becsei): Ágnes Becsei¹, **Alessandro Fuschi²**, Saria Otani³, Ravi Kant^{4,5,6}, Ilja Weinstein⁴, Patricia Alba⁷, József Stéger¹, Dávid Visontai¹, Christian Brinch³, Miranda de Graaf⁸, Claudia M. E. Schapendonk⁸, Antonio Battisti⁷, Alessandra De Cesare⁹, Chiara Oliveri², Fulvia Troja⁹, Tarja Sironen^{4,6}, Olli Vapalahti^{4,6}, Frédérique Pasquali¹⁰, Krisztián Bányai^{11,12}, Magdolna Makó¹³, Péter Pollner^{14,15}, Alessandra Merlotti², Marion Koopmans⁸, Istvan Csabai¹, Daniel Remondini², Frank M. Aarestrup³, Patrick Munk³*

Co-direzione di uno studio pan-europeo sulla metagenomica delle acque reflue, con il recupero di 2.332 MAGs per potenziare la sorveglianza su patogeni e resistenze antimicrobiche (AMR). Contributo all'analisi dei cambiamenti delle comunità microbiche nelle principali città europee e applicazione di un approccio innovativo basato su reti per tracciare le dinamiche AMR e attribuire l'origine di nuove specie.

doi:10.1038/s41467-024-51957-8

Scientific Reports **Enhancing cell motility via non-contact capacitively coupled electrostatic field.**

*Autori: Isabella Zironi^{1,2}, Tobias Cramer¹, **Alessandro Fuschi¹**, Margherita Cioni¹, Giada Guerra³, Giacomo Giuliani¹, Maria Calienni⁴, Laura Caramazza⁵, Micaela Liberti⁵, Francesca Apollonio⁵, Daniel Remondini^{1,2}, Gastone Castellani^{6,7}*

Contributo all'analisi statistica della motilità delle cellule di glioma sottoposte a stimolazione elettrica capacitiva non a contatto, dimostrando un aumento della capacità

migratoria su superfici di polistirene. doi:10.1038/s41598-024-77384-9

Italian Journal of Food Safety **Monitoring and preventing foodborne outbreaks: are we missing wastewater as a key data source.**

*Autori: Fulvia Troja¹, Valentina Indio¹, Federica Savini¹, Alessandro Sequino¹, Andrea Serraino¹, **Alessandro Fuschi²**, Daniel Remondini², Alessandra De Cesare¹*

Revisione della letteratura scientifica sulla sorveglianza delle acque reflue per patogeni alimentari, valutando metodi analitici, procedure di campionamento ed evidenze epidemiologiche per migliorare la previsione di focolai e il monitoraggio della salute pubblica. doi:10.4081/ijfs.2024.12725

In review

Geographics and bacterial networks shape the global urban sewage resistome.

*Autori: Hannah-Marie Martiny¹, Patrick Munk¹, **Alessandro Fuschi²**, Agnes Becsei³, Nikiforos Pyrounakis¹, Christian Brinch¹, Global Sewage Consortium#, D. G. Joakim Larsson⁴, Marion Koopmans⁵, Daniel Remondini², Istvan Csabai³, Frank M. Aarestrup¹*

Analisi di 1.240 metagenomi provenienti da acque reflue urbane in 111 paesi, per confrontare la distribuzione globale di ARGs funzionali e acquisiti. Applicazione di analisi di rete per rivelare associazioni ospite-ARG e fenomeni di distance-decay, evidenziando dinamiche ecologiche distinte e il ruolo dei serbatoi batterici nel plasmare il resistoma globale.

In review

Metagenomics data: tell me which metrics and I will tell you which communities.

*Autori: **Alessandro Fuschi**, Alessandra Merlotti, Daniel Remondini*

Studio sull'influenza delle metriche di distanza nell'interpretazione delle comunità microbiche in metagenomica. Analisi di dataset da microbiota intestinale umano e acque reflue urbane, evidenziando come Bray-Curtis e Aitchison portino a strutture molto diverse a causa dell'eterogeneità nelle abbondanze e delle proprietà matematiche delle metriche, offrendo orientamenti per la scelta della metrica nei dati composizionali.

In submission

Correlation measures in metagenomic data: the blessing of dimensionality.

*Autori: **Alessandro Fuschi**, Alessandra Merlotti, Daniel Remondini*

Esplorazione dei bias nelle stime di correlazione causati da sparsità e natura composizionale dei dati metagenomici. Combinazione di dati sintetici generati con il framework 'Normal To Anything' con un benchmark di metodi di correlazione su dataset reali.

doi:10.1101/2023.06.20.545665

Competenze

Lingue

Italiano (madrelingua)
Inglese (livello B1)

Informatica

Eccellente padronanza del linguaggio di programmazione R;
Eccellente conoscenza dei sistemi operativi Linux;
Eccellente padronanza di Matlab;
Eccellente utilizzo di ambienti virtuali tramite Conda;
Eccellente conoscenza di Snakemake per la costruzione di pipeline bioinformatiche;
Competente nella programmazione in linguaggio Bash;
Buona conoscenza del linguaggio di programmazione C++, integrato con le librerie

- Boost;
- Buona conoscenza dei sistemi di calcolo ad alte prestazioni (HPC);
- Buona conoscenza di Gnuplot per la creazione di grafici;
- Buona conoscenza della libreria di visione artificiale OpenCV;
- Buona conoscenza dei sistemi operativi Windows e Mac;
- Buona conoscenza dei pacchetti Microsoft Office, OpenOffice e LibreOffice;
- Buona conoscenza dei linguaggi Python e Fortran95.

Ambiti di Ricerca e Competenze Specifiche

La mia attività di ricerca si è concentrata principalmente sull'analisi di dati metagenomici, fondamentali per chiarire la biodiversità microbica e le dinamiche degli ecosistemi. Possiedo una solida competenza nelle tecniche standard di analisi metagenomica, tra cui la valutazione della diversità alfa e beta, metodologie avanzate di riduzione dimensionale e analisi della differenziale di abbondanza. Attraverso tecniche di sequenziamento di nuova generazione (NGS), ho analizzato il DNA microbico proveniente da diversi ambienti naturali, ottenendo una visione dettagliata della diversità microbica.

Un aspetto chiave del mio lavoro è stato l'esplorazione e l'adozione di metodologie avanzate, con particolare attenzione all'analisi di rete applicata ai dati metagenomici. Ho acquisito padronanza nelle tecniche di ricostruzione di reti più diffuse, come SPIEC-EASI, sparCC e rho proportionality, che hanno rappresentato il punto di partenza per lo sviluppo di approcci originali. Una delle principali innovazioni è stata l'integrazione del segno delle relazioni tra specie. Ad esempio, ho implementato una versione "signed" della modularità, definendo le comunità come gruppi di nodi collegati prevalentemente da interazioni positive, migliorando così la rappresentazione delle interazioni cooperative e antagoniste all'interno delle comunità microbiche. In continuità con questi studi, ho sviluppato un pacchetto R per la gestione e l'analisi in rete dei dati metagenomici, basato su oggetti S4, attualmente in versione alpha e disponibile su <https://github.com/Fuschi/mgnet>.

La mia ricerca ha posto costante attenzione alla natura compositiva dei dati metagenomici, approfondendo il quadro teorico introdotto dagli studi di Aitchison. Questo percorso ha incluso la selezione di metriche appropriate e l'analisi approfondita delle correlazioni spurie che possono emergere durante la ricostruzione di reti ecologiche. Il mio lavoro ha affrontato questi aspetti con rigore, garantendo interpretazioni più robuste e accurate, in particolare nel contesto delle analisi di rete.

Ho avuto l'opportunità di applicare queste competenze in due contesti collaborativi distinti. Il primo, durante il dottorato cofinanziato dal progetto europeo VEO, mi ha visto collaborare con il gruppo di Frank Aarestrup a Copenaghen, per l'analisi delle acque reflue di cinque grandi città europee. Lo studio ha portato all'identificazione di comunità batteriche caratterizzate da andamenti stagionali, rivelando relazioni ecologiche complesse anche in ambienti urbani. Ho inoltre collaborato con George Weinstock del Jax Laboratory (USA) e Jethro Johnson del Kennedy Institute di Oxford per uno studio sull'ecologia dei batteri intestinali, integrando le abbondanze di specie con le vie metaboliche associate. I risultati preliminari mostrano potenziali legami tra dieta e composizione batterica intestinale.

In entrambi i progetti ho ricoperto un ruolo centrale nello sviluppo delle pipeline bioinformatiche necessarie alla generazione dei dataset per l'analisi statistica. Una parte significativa del lavoro ha riguardato la generazione dei dati da acque reflue. Sotto la guida del Dr. Patrick Munk (DTU, FOOD Institute), abbiamo implementato pipeline per la ricostruzione di genomi batterici a partire da sequenziamenti shotgun. Considerata l'alta complessità dei campioni, la strategia adottata mirava a minimizzare la perdita di informazione, raggiungendo un allineamento medio del 70 – 80% delle reads originarie.

Per la creazione di un database di riferimento su misura, abbiamo eseguito co-assemblaggi per città utilizzando Megahit, ottenendo contig più completi al costo di elevate risorse computazionali. Ad esempio, il co-assemblaggio di una singola città ha richiesto l'uso esclusivo di un nodo ad alte prestazioni ('fat node') del sistema HPC Computerome (DTU), con 40 core paralleli, oltre 1 TB di RAM, e circa un mese di elaborazione continua. A seguire, è stata svolta la fase di binning con metabat2 e la validazione dei bin ottenuti con checkm2. Per completare la pipeline, è stato impiegato lo strumento dRep, al fine di selezionare il miglior genoma rappresentativo per ogni specie, evitando ridondanze e migliorando la qualità complessiva del database.

Lo sviluppo di queste pipeline ha previsto l'utilizzo di Snakemake per la gestione dei workflow e Conda per l'ambiente virtuale, garantendo l'integrazione degli strumenti e l'esecuzione efficiente su sistemi HPC con Slurm come gestore dei carichi di lavoro.

Nel progetto con George Weinstock, mi è stata inoltre affidata l'arricchimento informativo dei dati di microbiota intestinale 16S. L'analisi, eseguita con picrust2 su oltre 800 campioni, è stata condotta sull'HPC Open Physics Hub (OPH) dell'Università di Bologna.

Nel corso di questi progetti ho collaborato attivamente con biologi e bioinformatici, sviluppando una solida capacità di lavoro interdisciplinare. Questa esperienza ha arricchito sia le mie competenze tecniche e analitiche sia le mie abilità relazionali e comunicative, permettendomi di fare da ponte tra metodi computazionali avanzati e conoscenze biologiche, a beneficio dell'intero processo di ricerca scientifica.

Bologna, April 2025.