

Mariangela Bonizzoni

Dipartimento di Biologia e Biotecnologie
Università degli Studi di Pavia
Via Ferrata 9, 27100 Pavia (Italy)

Tel: xx39-0382-986324
Email: m.bonizzoni@unipv.it
Pagina Web: www.bonizzonilab.com

Research Unique Identifier: ORCID ID 0000-0003-0568-8564
Abilitazione a Prima Fascia nel Settore Concorsuale 05/B1 – Zoologia e
Antropologia, SSD BIO/05 Zoologia acquisita il 19 luglio 2017
Ambiti ERC: LS2, LS8, LS9

POSIZIONI ACCADEMICHE

Dal 03/2015	Professore Associato di Zoologia , Dip. Biologia e Biotecnologie, Università di Pavia
2011-2015	Ricercatore , School of Public Health, Università della California a Irvine, USA
2007-2011	Post Doc , School of Public Health (supervisore prof. Guiyun Yan) e Dipartimento di Biologia Molecolare e Biochimica (supervisore prof. Anthony A. James), Università della California a Irvine, USA
2004-2006	Post Doc , Dipartimento di Biologia, Università della Basilicata, In sede all'Università di Pavia

EDUCAZIONE

2004	Dottorato in cotutela con la Francia , Biologia Cellulare, Università di Pavia Genes, Genomes, Cellules, Université de Paris XI, France Relatori: Prof. Giuliano Gasperi all'Università di Pavia e Prof. Pierre Capy all' Université de Paris XI Titolo Tesi, scritta in inglese: <i>Population dynamics, sexual behavior and endogenous transposable elements for the improvement of the Sterile Insect Technique against <u>Ceratitis capitata</u> (Diptera, Tephritidae)</i>
2000	Diploma di Specializzazione in “Genetica Applicata”, Dip. di Genetica e Microbiologia , l'Univ. di Pavia, 50/50 <i>cum laude</i> Titolo Tesi: <i>“Identificazione e caratterizzazione molecolare di microsatelliti per l'analisi genetica di popolazioni naturali di <u>Ceratitis capitata</u>: il caso dell'introduzione accidentale della specie in California come modello per lo studio di bioinfestazioni”</i> .
1997	Laurea quinquennale in Scienze Biologiche , indirizzo Biomolecolare, Dip. Genetica e Microbiologia, Univ. Di Pavia, 110/110 <i>cum laudae</i> Relatore: Prof. ssa Giovanna Riccardi Titolo Tesi: <i>“Sequenziamento di 15437 bp nella regione del gene <u>inhA</u> di <u>Mycobacterium avium</u> ed analisi delle ORFs presenti”</i>

ATTIVITA' DI RICERCA

Direzione di progetti di ricerca

2017-2021	Progetto R1623HZA5 "Integrazioni virali nel genoma del vettore di arbovirus <i>Aedes albopictus</i> : esplorando il ruolo del piRNA pathway" finanziato da programma FARE Ricerca in Italia: framework per l'attrazione e il rafforzamento delle eccellenze per la ricerca in Italia.
2017-2020	Progetto RGP0007/2017 "Exploring the concept of adaptive immunity to viruses in mosquitoes" finanziato dalla Human Frontier Science Program
2016-2021	ERC-2015-Co 682394 NIRV_HOST_INT "Population genomics of co-evolution between nonretroviral RNA viruses and their hosts"
2012-2014	NIHR21 Grant N. 1R21AI098652-01 "Transcriptomics and population genetics of mosquito resistance to pyrethroids"
2001-2002	Progetto Giovani Ricercatori Univ. di Pavia "Studio del comportamento sessuale di <i>Ceratitidis capitata</i> : determinazione della frequenza di accoppiamento con l'uso di microsatelliti"

Partecipazione come co-investigatore a progetti di ricerca

2009-2014	PSWRCE-USA-A165359 "Pacific-Southwest Regional Center of Excellence in Biodefense and Emerging Infections", PI Prof. Alan Barbour, Univ. della California a Irvine
2008-2013	NIH R01 AI050243 "Ecology of African Highland Malaria", PI: Prof. Guyan Yan, Univ. della California a Irvine
2003-2006	MIUR-FIRB Functional genomics of insects for the development of plant protection strategies. [Genomica funzionale di insetti per lo sviluppo di strategie innovative per la protezione delle piante (GEFI)] coordinatore nazionale Prof. Francesco Pennacchio, Univ. della Basilicata
2002-2004	MURST-PRIN, Progetto cofinanziato "Aspetti genetici della riproduzione di <i>Ceratitidis capitata</i> analizzati con marcatori molecolari" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. G. Gasperi; Coordinatore nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
2001-2003	Fondazione Bussolera-Branca, Progetto "Biodiversità della vite coltivata in Italia e sua protezione dai parassiti" (Coordinatore all'Univ. di Pavia: Prof. Giuliano Gasperi; Coordinatore Progetto: Prof. Francesco Sala, Univ. di Milano)
2000-2004	"African fruitfly initiative" (Coordinatore Scientifico Anna R. Malacrida, Univ. Pavia)
2000-2002	Progetto GALILEO, "Analisi della stabilità di elementi trasponibili (TE) nel sistema modello <i>Drosophila</i> e in <i>Ceratitidis capitata</i> , insetto di interesse agrario" (Coordinatori: Dr Pierre Capy -CNRS Gif/Yvette, Francia e Prof. Giuliano Gasperi - Dip.to di Biologia Animale, Univ. di Pavia)
2000-2002	MURST-PRIN, Progetto cofinanziato "Studi strutturali e molecolari sulla riproduzione degli insetti" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. Giuliano Gasperi; Coordinatore nazionale: Prof. Romano

	Dallai, Univ. di Siena)
1999-2002	Citrus Research Board (CRB) project N0. 5510-141 "Determining the incidence of female medfly mating frequency in SIT programs" PI: Tracy Chapman, Univ. College London
1997-2000	Ministero delle Risorse Agricole, Alimentari e Forestali, Progetto di ricerca "Controllo biologico di <i>Ceratitis capitata</i> attraverso tecniche genetiche e molecolari" (Responsabile locale all'Univ. di Pavia: Prof. Anna R. Malacrida; Responsabile nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
1997-1999	MURST-ex-40%, Progetto cofinanziato "Biologia ed Evoluzione del Riconoscimento e delle Interazioni nelle Cellule Animali" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Prof. Anna R. Malacrida; Coordinatore nazionale: Prof. Romano Dallai, Univ. di Siena)
1996-2001	FAO/IAEA Progetto: "A molecular and genetic approach to develop sexing strains for field application in fruit fly SIT programme" (Coordinatore locale all'Univ. di Pavia: Giuliano Gasperi; Coordinatore centrale: Alan S. Robinson) [Agreement]
1997-1999	JRC Ispra, Contratto to Anna R. Malacrida (Univ. di Pavia) per il Progetto "Availability of a transposable element for the medfly transformation"
1997-2000	DG VI-FAIR, "Development of standardized molecular techniques for the identification of insect quarantine pests" - (Coordinatore centrale: Dr. C. Fleming - The Queen's University of Belfast, North Ireland; Coordinatore locale all'Univ. di Pavia Prof. Anna R. Malacrida)

Contributi alla ricerca

Un principio ben noto detta che "prevenire è meglio che curare". Ci sono limitati vaccini e non sono disponibili trattamenti terapeutici specifici per molte malattie virali trasmesse all'uomo da artropodi, tipo i virus Dengue e West Nile. L'unico metodo attualmente disponibile per impedire la trasmissione di questi virus (arbovirus) è quello di agire sui vettori sopprimendone il contatto con gli esseri umani. La mia attività ricerca è guidata dal sopra menzionato principio e mira a ridurre l'impatto negativo degli insetti sulla salute umana e lo sviluppo economico, studiando strategie innovative di controllo degli insetti. Ho iniziato la mia carriera lavorando sulle specie d'importanza agraria della famiglia Tephritidae, principalmente specie del genere *Ceratitis* e *Bactrocera*. Più tardi ho incluso anche vettori per le malattie umane, che sono ora il principale obiettivo della mia ricerca.

I miei contributi specifici sono elencati di seguito, seguendo in larga misura un ordine cronologico e partendo dai progetti più recenti:

Contributo 1. Co-evoluzione tra vettori artropodi ed arbovirus.

Malattie infettive emergenti includono quelle causate da arbovirus. Un esempio è la dengue, con 100 milioni di persone infette ogni anno nel mondo. Tutti gli arbovirus sono mantenuti in un ciclo naturale che coinvolge la trasmissione all'uomo dal morso di un artropode ematofago infetto. Una volta infettato da un arbovirus, il vettore è in grado di trasmetterlo per tutta la vita. La capacità del vettore di acquisire arbovirus e trasmetterli è definita "competenza vettoriale". Questo è un fenotipo complesso ed in continua evoluzione perché dipende dall'interazione di fattori genetici virali e vettoriali

con variabili ambientali. Comprendere gli elementi genetici della competenza vettoriale, come questi sono distribuiti nelle popolazioni naturali ed interagiscono con fattori ambientali è essenziale per prevenire il rischio di malattie arbovirali e per lo sviluppo di nuove strategie di blocco delle trasmissioni incentrate sui vettori.

La mia attività di ricerca ha come focus le zanzare del genere *Aedes*, i principali vettori arbovirali in Europa e nel mondo ed usa strumenti di una serie di discipline scientifiche per sondare la complicata biologia della loro competenza vettoriale.

Questa tematica di ricerca è svolta in collaborazione con: 1) Anna-Bella Failloux dell'Istitut Pasteur (Francia); 2) Ronald Van Rij della Radboud University Medical Center (Olanda); 3) Jayme Souza-Neto della São Paulo State University (Brasile); 4) prof. Xiaoguang Chen della Southern Medical University Guangzhou (China).

Citazioni principali

- Palatini et al., 2017. Comparative genomics shows that viral integrations are abundant and express piRNAs in the arboviral vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. BMC Genomics 18: 512.
- Olson and Bonizzoni, 2017. Nonretroviral integrated RNA viruses in arthropod vectors: an occasional event or something more? Curr Op Insect Sci 22: 45-53.
- Bonizzoni et al., 2012. Complex modulation of the *Aedes aegypti* transcriptome in response to dengue virus infection. PLoS One 7: e50512.

Contributo 2. Studio dei meccanismi molecolari della resistenza agli insetticidi.

La resistenza agli insetticidi nei vettori è riconosciuta come uno degli ostacoli principali nel controllo di malattie arbovirali e della malaria. Comprendere i meccanismi molecolari della resistenza agli insetticidi nelle zanzare vettori è considerata una strategia utile per individuare marcatori per poter monitorare la resistenza e per individuare nuovi bersagli per nuove formulazioni chimiche. Ho applicato approcci di trascrittomica e genetica di popolazione per studiare i meccanismi di resistenza agli insetticidi in vettori del plasmodio della malaria e vettori arbovirali e monitorare la resistenza agli insetticidi in popolazioni naturali.

Questa tematica di ricerca è svolta in collaborazione con: 1) Yaw Afrane Univeristy of Ghana (Ghana); 2) prof. Xiaoguang Chen della Southern Medical University Guangzhou (China); 3) Prof. Guiyun Yan, University of California at Irvine

Citazioni principali

- Chang et al., 2016. Landscape genetic structure and evolutionary genetics of insecticide resistance gene mutations in *Anopheles sinensis*. Parasit Vectors: 9:228.
- Xu et al., 2016. Multi-country survey revealed prevalent and novel F1534S mutation in voltage-gated sodium channel (VGSC) gene in *Aedes albopictus*. PLoS Negl Trop Dis 10: e0004696.
- Bonizzoni et al., 2015. RNA-seq analyses of changes in the *Anopheles gambiae* transcriptome associated with resistance to pyrethroids in Kenya: identification of candidate-resistance genes and candidate-resistance SNPs. Parasit Vectors 8:474.

Contributo 3. Identificazione di marcatori molecolari per la caratterizzazione genetica di pesti agricole (es. *Ceratitis capitata* e *Bactrocera dorsalis*) e zanzare vettori (es. *Aedes albopictus* e Anophelinae asiatiche) a livello di struttura delle popolazioni naturali e dei processi di colonizzazione nell'areale di diffusione della specie

L'interesse per lo studio della specie *C. capitata* deriva: 1) dall'ampio e veloce processo invasivo di questa specie, che costituisce un modello per studi di zoogeografia e microevoluzione; 2) dalla necessità di sviluppare metodi alternativi agli insetticidi per il controllo delle popolazioni di tale specie. Allo scopo sono stati caratterizzati dal genoma di *C. capitata* marcatori molecolari che hanno consentito di approfondire le conoscenze su questa specie riguardo alla differenziazione delle sue popolazioni, al comportamento riproduttivo, alla genetica comparata, alle relazioni tassonomiche con specie affini e alla genetica applicata.

L'analisi della variabilità genetica di *C. capitata* e' stata messa in relazione alla diffusione delle sue popolazioni che dal centro di origine della specie, l'Africa sub-sahariana, si sono mosse verso il bacino del Mediterraneo, l'America centro-meridionale e l'Australia. L'analisi della struttura dei genotipi presenti nelle diverse popolazioni, della dinamica dei genotipi e delle diversificazioni tra popolazioni ha fornito i termini per verificare che questa specie, nel processo di colonizzazione di nuovi ambienti, ha perso un elevato carico di variabilità genetica superando "colli di bottiglia" anche di tipo stagionale. L'utilizzo di marcatori molecolari ha permesso di interpretare storicamente i cambiamenti genetici delle popolazioni della specie durante i processi invasivi, confermando quanto già noto tramite marcatori biochimici, vale a dire che il processo di invasione dell'areale Mediterraneo è l'evento più antico rispetto alla colonizzazione dell'America Centro-meridionale, e soprattutto ha permesso di studiare recenti processi invasivi. E' questo il caso della California e dell'Australia sud-orientale. I risultati dello studio in California hanno indotto l'USDA ad organizzare una massiva risposta di controllo contro *C. capitata* con ottimi risultati. Conoscenze acquisite in *C. capitata* sono poi state trasferite a specie affini.

Approcci di genetica di popolazione sono stati usati anche per chiarire il processo di invasione della zanzara tigre, *Aedes albopictus* in California e le relazioni genetiche tra zanzare che trasmettono malaria in Cina. Inoltre, marcatori molecolari per la resistenza agli antimalarici sono stati studiati in *Plasmodium falciparum* nell'ambito di una continua analisi dell'efficacia dei farmaci.

Citazioni principali:

- Manni et al., Genetic evidence for a worldwide chaotic dispersion pattern of the arbovirus vector, *Aedes albopictus*. PLoS Negl Trop Dis 10: e0005332.
- Bonizzoni et al., 2013. Probing functional polymorphisms in the dengue vector, *Aedes aegypti*. BMC Genomics 14:739.
- Zhong et al., 2013. Genetic Analysis of Invasive *Aedes albopictus* Populations in Los Angeles County, California and Its Potential Public Health Impact. PLoS One 8: e6858.
- Bonizzoni et al., 2004. On the origins of medfly invasion and expansion in Australia. Mol Ecol 13: 3845-3855.
- Baliraine et al., 2004. Population genetics of the potentially invasive African fruit fly species, *Ceratitis rosa* and *Ceratitis fasciventris* (Diptera: Tephritidae). Mol Ecol 13: 683-695.

Contributo 4. Studi sulla biologia riproduttiva degli insetti

Il successo della Tecnica dell'Insetto Sterile (SIT), il sistema di controllo biologico finora più efficace contro *C. capitata*, dipende in parte dal suo comportamento sessuale e, in particolare, dalla frequenza con la quale le femmine possono eventualmente riaccoppiarsi in natura. Infatti, è noto che in laboratorio *C. capitata* è in grado di accoppiarsi più volte, e gli spermatozoi dell'ultimo accoppiamento tendono ad essere utilizzati per primi; di conseguenza, in presenza di accoppiamenti multipli, il metodo SIT sarebbe efficace solo se l'ultimo accoppiamento avviene con un maschio sterile.

La disponibilità di marcatori molecolari ad alto potere risolutivo, quali i microsatelliti, ha già permesso di accertare che anche in natura la femmina di *C. capitata* può andare incontro ad accoppiamenti multipli. Questi risultati aprono prospettive interessanti per lo studio: 1) dei meccanismi che regolano l'utilizzazione degli spermatozoi da parte della femmina, 2) del differenziamento intra-specifico, 3) dell'efficienza di SIT.

Citazioni principali:

- Bonizzoni et al., 2002. Microsatellite analysis reveals remating by wild Mediterranean fruit fly females, *Ceratitidis capitata*. *Mol Ecol* 11: 1915-1921.
- Bonizzoni et al., 2006. Is polyandry a common event among wild populations of the pest *Ceratitidis capitata*? *J Econ Entomol* 99: 1420-1429.

Contributo 5. Caratterizzazione molecolare di elementi trasponibili (TE) nel genoma di *C. capitata*, di ditteri tefritidi e zanzare: aspetti evolutivi e ricadute applicative

L'interesse per lo studio di elementi trasponibili (TE) deriva: 1) dal loro potenziale di indurre instabilità genomica con produzione di variabilità genetica, base dei processi evolutivi e 2) di essere potenziali vettori di trasformazione della linea germinale degli insetti. In questo contesto si inseriscono gli studi sulla presenza e diffusione di sistemi di TE in *C. capitata*. Differenti sistemi di TE funzionali risultano presenti in popolazioni e ceppi di questo insetto creando plasticità al suo genoma, plasticità che è ritenuta essere alla base dei fenomeni di adattamento. Infatti, in popolazioni e ceppi di *C. capitata*, differenti sistemi di elementi trasponibili funzionali sono in grado di creare, in particolari condizioni, instabilità genomica quale una sindrome simile alla disgenesi degli ibridi, ben nota in *Drosophila*.

La caratterizzazione molecolare di TE appartenenti a diverse famiglie (*hobo*, *mariner*, *Tc1*), oltre a dimostrare la loro abbondante presenza nel genoma di *C. capitata*, ha permesso di estendere lo studio all'evoluzione di questi elementi in altre specie di ditteri sia della famiglia Tephritidae sia della famiglia Drosophilidae. Sono state in tal modo derivate informazioni sulle modalità di acquisizione e di trasferimento verticale e/o orizzontale da parte di queste specie, tenendo in considerazione sia l'evoluzione delle stesse sequenze TE sia la filogenesi delle specie ospiti.

Date le peculiari caratteristiche dei TE quali sequenze in grado di trasporre nel genoma, essi rappresentano potenziali vettori di trasformazione della linea germinale degli insetti. Quest'ultima potenzialità dei TE è stata sfruttata per l'allestimento di adatti costrutti molecolari capaci di veicolare geni di interesse e verificare l'integrazione stabile di tali geni nel genoma attraverso la sua espressione nella progenie di opportuni incroci. *C. capitata* è stato il primo insetto non-drosophilide sottoposto con successo a trasformazione della linea germinale in funzione della costruzione di ceppi di soli

maschi geneticamente sterili, da utilizzare nel controllo biologico delle popolazioni naturali di *C. capitata* mediante il Metodo dell'Insetto Sterile (SIT).

L'aver dimostrato che il genoma di *C. capitata* (e di specie affini) è ricco di TE ha permesso di: 1) caratterizzare elementi *mariner* attivi (*Ccmar1*; *Crmar2*) quali potenziali vettori di trasformazione specie-specifici; 2) affrontare il problema della stabilità nel tempo dei sistemi di transgenesi. Quest'ultimo punto è di notevole importanza sia per l'efficienza della trasformazione genetica della specie, sia per la valutazione del rischio associato al rilascio in natura di ceppi ingegnerizzati.

L'integrazione di DNA esogeno durante transgenesi è generalmente casuale, nel senso che non è possibile scegliere a priori la posizione nel genoma dove l'inserito verrà integrato. A seconda di dove il transgene viene integrato, si possono avere effetti deleteri nell'organismo o il transgene può trovarsi sotto il controllo di inibitori e/o attivatori dell'espressione genica. Questi fenomeni dovuti alle diverse posizioni nel genoma dove il transgene risulta integrato sono stati studiati nella zanzara *Anopheles stephensi* nell'ambito di un progetto più ampio che vuole verificare l'impatto dei transgeni sulla fitness degli organismi geneticamente modificati e produrre una zanzara geneticamente modificata adeguata per essere rilasciata in natura.

Citazioni principali:

- Ameny et al., 2010. Comparative Fitness Assessment of *Anopheles stephensi* Transgenic Lines Receptive to Site-Specific Integration. *Insect Mol Biol* 19: 263-269.
- Bonizzoni et al., 2007. Highly similar piggyBac transposase-like sequences in various *Bactrocera* (Diptera, Tephritidae) species. *Insect Mol Biol* 16: 645-650.
- Gomulski et al. 2004. Medfly transposable elements: diversity, evolution, genomic impact and possible applications. *Insect Biochem Mol Biol* 34: 139-148.

Contributo 6. Indagini tassonomiche, studio dei processi di speciazione e identificazione tra specie morfologicamente identiche.

L'esperienza delle metodologie e delle problematiche acquisite nello studio della variabilità genetica di *C. capitata* ha permesso di collaborare a ricerche tassonomiche sugli insetti del genere *Anastrepha* (Diptera, Tephritidae), *Glossina* (Diptera, Glossinidae) e *Bombus* (Hymenoptera, Apidae). Un nuovo approccio molecolare basato sulla "Loop-Mediated Isothermal Amplification" è stato anche sviluppato per la discriminazione tra *Anopheles gambiae* e *Anopheles arabiensis*, che sono morfologicamente identiche.

a. Insetti del genere *Glossina* (Diptera, Glossinidae)

Su specie del genere *Glossina*, quali *G. austeni*, *G. fucipes*, *G. palpalis*, sono stati eseguiti studi per la caratterizzazione di marcatori molecolari. Tali specie rappresentano complessi sottospecifici, il cui studio popolazionistico può mettere in evidenza condizioni di ibridazione intertaxa. La variabilità genetica, identificata a livello di popolazioni/specie, è stata utilizzata per stimare le relazioni filogenetiche, ed è di importanza per la costruzione di mappe geniche e cromosomiche.

b. Insetti del genere *Bombus* (Hymenoptera, Apidae)

L'uso di diverse specie del genere *Bombus* come impollinatori e la loro

conseguente commercializzazione favorisce processi di scambio genetico. Per preservare le caratteristiche genetiche di queste specie ed evitare la diffusione di parassiti e malattie che ne potrebbero compromettere l'attività come impollinatori, lo studio della struttura genetica delle popolazioni naturali è fondamentale. In questo ambito è stata studiata la struttura genetica di popolazioni dell'estremo oriente di *Bombus ignitus*, attualmente utilizzato come impollinatore in Cina e Giappone.

Citazioni principali:

- Manni et al. 2015. Relevant genetic differentiation among Brazilian populations of *Anastrepha fraterculus* (Diptera, Tephritidae). *ZooKeys* 540: 157-173.
- Bonizzoni et al. 2009. Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) for Rapid Identification of *Anopheles gambiae* and *Anopheles arabiensis* mosquitoes. *Am J Trop Med Hyg* 81: 1030-1034.
- Shao ZY et al. 2004. Genetic structure of Asian populations of *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae). *J Heredity* 95: 46-52.

Publicazioni (h-index scopus: 24, as of Sept. 2017)

1. Bonizzoni M, Attardo G. Editorial overview: Vectors and medical and veterinary entomology: Becoming vectors or victims, the intriguing interplay between insects and viruses. (2017) *Current Opinion in Insect Science* 22:v-vii.
2. Palatini U, Miesen P, Carballar-Lejarazu R, Ometto L, Rizzo E, Tu Z, van Rij RP, Bonizzoni M. Comparative genomics shows that viral integrations are abundant and express piRNAs in the arboviral vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. (2-17) *BMC Genomics* 18:512.
3. Olson, K.E., Bonizzoni, M. Nonretroviral integrated RNA viruses in arthropod vectors: an occasional event or something more? (2017) *Current Opinion in Insect Science* 22, pp. 45-53.
4. Manni, M., Guglielmino, C.R., Scolari, F., Vega-Rúa, A., Failloux, A.-B., Somboon, P., Lisa, A., Savini, G., Bonizzoni, M., Gomulski, L.M., Malacrida, A.R., Gasperi, G. Genetic evidence for a worldwide chaotic dispersion pattern of the arbovirus vector, *Aedes albopictus* (2017) *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11 (1), art. no. e0005332.
5. Xu, J., Bonizzoni, M., Zhong, D., Zhou, G., Cai, S., Li, Y., Wang, X., Lo, E., Lee, R., Sheen, R., Duan, J., Yan, G., Chen, X.-G. Multi-country Survey Revealed Prevalent and Novel F1534S Mutation in Voltage-Gated Sodium Channel (VGSC) Gene in *Aedes albopictus* (2016) *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10 (5), art. no. e0004696.
6. Chang, X., Zhong, D., Lo, E., Fang, Q., Bonizzoni, M., Wang, X., Lee, M.-C., Zhou, G., Zhu, G., Qin, Q., Chen, X., Cui, L., Yan, G. Landscape genetic structure and evolutionary genetics of insecticide resistance gene mutations in *Anopheles sinensis* (2016) *Parasites and Vectors*, 9 (1), art. no. 228.
7. Chen, X.-G., Jiang, X., Gu, J., Xu, M., Wu, Y., Deng, Y., Zhang, C., Bonizzoni, M., Dermauw, W., Vontas, J., Armbruster, P., Huang, X., Yang, Y., Zhang, H., He, W., Peng, H., Liu, Y., Wu, K., Chen, J., Lirakisi, M., Topalis, P., Van Leeuwen, T., Hall, A.B., Jiang, X., Thorpe, C., Mueller, R.L., Sun, C., Waterhouse, R.M., Yan, G., Tu, Z.J., Fang, X., James, A.A. Genome sequence of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus*, reveals insights into its biology, genetics, and evolution (2015) *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112 (44), pp. E5907-E5915.

8. Bonizzoni, M., Ochomo, E., Dunn, W.A., Britton, M., Afrane, Y., Zhou, G., Hartsel, J., Lee, M.-C., Xu, J., Githeko, A., Fass, J., Yan, G. RNA-seq analyses of changes in the *Anopheles gambiae* transcriptome associated with resistance to pyrethroids in Kenya: Identification of candidate-resistance genes and candidate-resistance SNPs (2015) *Parasites and Vectors*, 8 (1), art. no. 474.
9. Evans, B.R., Gloria-Soria, A., Hou, L., McBride, C., Bonizzoni, M., Zhao, H., Powell, J.R. A multipurpose, high-throughput single-nucleotide polymorphism chip for the dengue and yellow fever mosquito, *Aedes aegypti* (2015) *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 5 (5), pp. 711-718.
10. Manni, M., Lima, K.M., Guglielmino, C.R., Lanzavecchia, S.B., Juri, M., Vera, T., Cladera, J., Scolari, F., Gomulski, L., Bonizzoni, M., Gasperi, G., Silva, J.G., Malacrida, A.R. Relevant genetic differentiation among brazilian populations of *Anastrepha fraterculus* (Diptera, tephritidae) (2015) *ZooKeys*, 2015 (540), pp. 157-173.
11. Macias, V., Coleman, J., Bonizzoni, M., James, A.A. piRNA pathway gene expression in the malaria vector mosquito *Anopheles stephensi* (2014) *Insect Molecular Biology*, 23 (5), pp. 579-586.
12. Bonizzoni, M., Britton, M., Marinotti, O., Dunn, W.A., Fass, J., James, A.A. Probing functional polymorphisms in the dengue vector, *Aedes aegypti* (2013) *BMC Genomics*, 14 (1), art. no. 739.
13. Bonizzoni, M., Gasperi, G., Chen, X., James, A.A. The invasive mosquito species *Aedes albopictus*: Current knowledge and future perspectives (2013) *Trends in Parasitology*, 29 (9), pp. 460-468.
14. Zhong, D., Lo, E., Hu, R., Metzger, M.E., Cummings, R., Bonizzoni, M., Fujioka, K.K., Sorvillo, T.E., Kluh, S., Healy, S.P., Fredregill, C., Kramer, V.L., Chen, X., Yan, G. Genetic Analysis of Invasive *Aedes albopictus* Populations in Los Angeles County, California and Its Potential Public Health Impact (2013) *PLoS ONE*, 8 (7), art. no. e68586.
15. Zhong, D., Chang, X., Zhou, G., He, Z., Fu, F., Yan, Z., Zhu, G., Xu, T., Bonizzoni, M., Wang, M.-H., Cui, L., Zheng, B., Chen, B., Yan, G. Relationship between Knockdown Resistance, Metabolic Detoxification and Organismal Resistance to Pyrethroids in *Anopheles sinensis* (2013) *PLoS ONE*, 8 (2), art. no. e55475.
16. Bonizzoni, M., Dunn, W.A., Campbell, C.L., Olson, K.E., Marinotti, O., James, A.A. Complex Modulation of the *Aedes aegypti* Transcriptome in Response to Dengue Virus Infection (2012) *PLoS ONE*, 7 (11), art. no. e50512.
17. Bonizzoni, M., Afrane, Y., Dunn, W.A., Atieli, F.K., Zhou, G., Zhong, D., Li, J., Githeko, A., Yan, G. Comparative Transcriptome Analyses of Deltamethrin-Resistant and -Susceptible *Anopheles gambiae* Mosquitoes from Kenya by RNA-Seq (2012) *PLoS ONE*, 7 (9), art. no. e44607.
18. Liu, C., Mauk, M.G., Hart, R., Bonizzoni, M., Yan, G., Bau, H.H. A low-cost microfluidic chip for rapid genotyping of malaria-transmitting mosquitoes (2012) *PLoS ONE*, 7 (8), art. no. e42222.
19. Bonizzoni, M., Augustine Dunn, W., Campbell, C.L., Olson, K.E., Marinotti, O., James, A.A. Strain variation in the transcriptome of the dengue fever vector, *Aedes aegypti* (2012) *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 2 (1), pp. 103-114.
20. Bonizzoni, M., Bourjea, J., Chen, B., Crain, B.J., Cui, L., Fiorentino, V., Hartmann, S., Hendricks, S., Ketmaier, V., Ma, X., Muths, D., Pavesi, L., Pfautsch, S., Rieger, M.A., Santonastaso, T., Sattabongkot, J., Taron, C.H., Taron, D.J., Tiedemann, R., Yan, G., Zheng, B., Zhong, D. Permanent genetic

- resources added to Molecular Ecology Resources Database 1 April 2011-31 May 2011 (2011) *Molecular Ecology Resources*, 11 (5), pp. 935-936.
21. Zhong, D., Bonizzoni, M., Zhou, G., Wang, G., Chen, B., Vardo-Zalik, A., Cui, L., Yan, G., Zheng, B. Genetic diversity of *Plasmodium vivax* malaria in China and Myanmar (2011) *Infection, Genetics and Evolution*, 11 (6), pp. 1419-1425.
 22. Bonizzoni, M., Dunn, W.A., Campbell, C.L., Olson, K.E., Dimon, M.T., Marinotti, O., James, A.A. RNA-seq analyses of blood-induced changes in gene expression in the mosquito vector species, *Aedes aegypti* (2011) *BMC Genomics*, 12, art. no. 82.
 23. Bertin, S., Scolari, F., Guglielmino, C.R., Bonizzoni, M., Bonomi, A., Marchini, D., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Malacrida, A.R., Matessi, C. Sperm storage and use in polyandrous females of the globally invasive fruitfly, *Ceratitidis capitata* (2010) *Journal of Insect Physiology*, 56 (11), pp. 1542-1551.
 24. Baliraine, F.N., Afrane, Y.A., Amenia, D.A., Bonizzoni, M., Vardo-Zalik, A.M., Menge, D.M., Githeko, A.K., Yan, G. A cohort study of *Plasmodium falciparum* infection dynamics in Western Kenya Highlands (2010) *BMC Infectious Diseases*, 10, art. no. 283.
 25. Khatoon, L., Baliraine, F.N., Bonizzoni, M., Malik, S.A., Yan, G. Genetic structure of *Plasmodium vivax* and *Plasmodium falciparum* in the Bannu district of Pakistan (2010) *Malaria Journal*, p. 112.
 26. Amenia, D.A., Bonizzoni, M., Isaacs, A.T., Jasinskiene, N., Chen, H., Marinotti, O., Yan, G., Jamesti, A.A. Comparative fitness assessment of *Anopheles stephensi* transgenic lines receptive to site-specific integration (2010) *Insect Molecular Biology*, 19 (2), pp. 263-269.
 27. Bonizzoni, M., Afrane, Y., Yan, G. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) for rapid identification of *Anopheles gambiae* and *Anopheles arabiensis* mosquitoes (2009) *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 81 (6), pp. 1030-1034.
 28. Khatoon, L., Baliraine, F.N., Bonizzoni, M., Malik, S.A., Yan, G. Short report: Prevalence of antimalarial drug resistance mutations in *Plasmodium vivax* and *P. falciparum* from a malaria-endemic area of Pakistan (2009) *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 81 (3), pp. 525-528.
 29. Bonizzoni, M., Afrane, Y., Baliraine, F.N., Amenia, D.A., Githeko, A.K., Yan, G. Genetic structure of *Plasmodium falciparum* populations between lowland and highland sites and antimalarial drug resistance in Western Kenya (2009) *Infection, Genetics and Evolution*, 9 (5), pp. 806-812.
 30. Baliraine, F.N., Afrane, Y.A., Amenia, D.A., Bonizzoni, M., Menge, D.M., Zhou, G., Zhong, D., Vardo-Zalik, A.M., Githeko, A.K., Yan, G. High prevalence of asymptomatic *Plasmodium falciparum* infections in a highland area of western Kenya: A cohort study (2009) *Journal of Infectious Diseases*, 200 (1), pp. 66-74.
 31. Bonizzoni, M., Gomulski, L.M., Malacrida, A.R., Capy, P., Gasperi, G. Highly similar piggyBac transposase-like sequences from various *Bactrocera* (Diptera, Tephritidae) species (2007) *Insect Molecular Biology*, 16 (5), pp. 645-650.
 32. Aketarawong, N., Bonizzoni, M., Thanaphum, S., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Malacrida, A.R., Guglielmino, C.R. Inferences on the population structure and colonization process of the invasive oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (2007) *Molecular Ecology*, 16 (17), pp. 3522-3532.
 33. Malacrida, A.R., Gomulski, L.M., Bonizzoni, M., Bertin, S., Gasperi, G., Guglielmino, C.R. Globalization and fruitfly invasion and expansion: The medfly paradigm (2007) *Genetica*, 131 (1), pp. 1-9.

34. Bonizzoni, M., Gomulski, L.M., Bertin, S., Scolari, F., Guglielmino, C.R., Yuval, B., Gasperi, G., Malacrida, A.R. Unfaithful Mediterranean fruit fly *Ceratitidis capitata* females: Impact on the SIT? (2007) *Area-Wide Control of Insect Pests: From Research to Field Implementation*, pp. 175-182.
35. Aketarawong, N., Bonizzoni, M., Malacrida, A.R., Gasperi, G., Thanaphum, S. Seventeen novel microsatellite markers from an enriched library of the pest species *Bactrocera dorsalis* sensu stricto (2006) *Molecular Ecology Notes*, 6 (4), pp. 1138-1140.
36. Bonizzoni, M., Gomulski, L.M., Mossinson, S., Guglielmino, C.R., Malacrida, A.R., Yuval, B., Gasperi, G. Is polyandry a common event among wild populations of the pest *Ceratitidis capitata*? (2006) *Journal of Economic Entomology*, 99 (4), pp. 1420-1429.
37. Torti, C., Gomulski, L.M., Bonizzoni, M., Murelli, V., Moralli, D., Guglielmino, C.R., Raimondi, E., Crisafulli, D., Capy, P., Gasperi, G., Malacrida, A.R. Cchobo, a hobo-related sequence in *Ceratitidis capitata* (2005) *Genetica*, 123 (3), pp. 313-325.
38. Bonizzoni, M., Guglielmino, C.R., Smallridge, C.J., Gomulski, M., Malacrida, A.R., Gasperi, G. On the origins of medfly invasion and expansion in Australia (2004) *Molecular Ecology*, 13 (12), pp. 3845-3855.
39. Kanzok, S.M., Hoa, N.T., Bonizzoni, M., Luna, C., Huang, Y., Malacrida, A.R., Zheng, L. Origin of toll-like receptor-mediated innate immunity (2004) *Journal of Molecular Evolution*, 58 (4), pp. 442-448.
40. Baliraine, F.N., Bonizzoni, M., Guglielmino, C.R., Osir, E.O., Lux, S.A., Mulaa, F.J., Gomulski, L.M., Zheng, L., Quilici, S., Gasperi, G., Malacrida, A.R. Population genetics of the potentially invasive African fruit fly species, *Ceratitidis rosa* and *Ceratitidis fasciventris* (Diptera: Tephritidae) (2004) *Molecular Ecology*, 13 (3), pp. 683-695.
41. Gomulski, L.M., Torti, C., Murelli, V., Bonizzoni, M., Gasperi, G., Malacrida, A.R. Medfly transposable elements: Diversity, evolution, genomic impact and possible applications (2004) *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 34 (2), pp. 139-148.
42. Shao, Z.-Y., Mao, H.-X., Fu, W.-J., Ono, M., Wang, D.-S., Bonizzoni, M., Zhang, Y.-P. Genetic Structure of Asian Populations of *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae) (2004) *Journal of Heredity*, 95 (1), pp. 46-52.
43. Baliraine, F.N., Bonizzoni, M., Osir, E.O., Lux, S.A., Mulaa, F.J., Zheng, L., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Malacrida, A.R. Comparative analysis of microsatellite loci in four fruit fly species of the genus *Ceratitidis* (Diptera: Tephritidae) (2003) *Bulletin of Entomological Research*, 93 (1), pp. 1-10.
44. Bonizzoni, M., Katsoyannos, B.I., Marguerie, R., Guglielmino, C.R., Gasperi, G., Malacrida, A., Chapman, T. Microsatellite analysis reveals remating by wild Mediterranean fruit fly females, *Ceratitidis capitata* (2002) *Molecular Ecology*, 11 (10), pp. 1915-1921.
45. Bonizzoni, M., Zheng, L., Guglielmino, C.R., Haymer, D.S., Gasperi, G., Gomulski, L.M., Malacrida, A.R. Microsatellite analysis of medfly bioinfestations in California (2001) *Molecular Ecology*, 10 (10), pp. 2515-2524.
46. Gomulski, L.M., Torti, C., Bonizzoni, M., Moralli, D., Raimondi, E., Capy, P., Gasperi, G., Malacrida, A.R. A new basal subfamily of mariner elements in *Ceratitidis rosa* and other tephritid flies (2001) *Journal of Molecular Evolution*, 53 (6), pp. 597-606.

47. Luna, C., Bonizzoni, M., Cheng, Q., Robinson, A.S., Aksoy, S., Zheng, L. Microsatellite polymorphism in tsetse flies (Diptera: Glossinidae) (2001) *Journal of Medical Entomology*, 38 (3), pp. 376-381.
48. Bonizzoni, M., Malacrida, A.R., Guglielmino, C.R., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Zheng, L. Microsatellite polymorphism in the mediterranean fruit fly, *Ceratitidis capitata* (2000) *Insect Molecular Biology*, 9 (3), pp. 251-261.

Congress Proceedings

1. Santoni R, Alma A, Bonizzoni M, Parisi M, Malacrida AR, Gomulski LM & Gasperi G, 2004. Variabilita' genetica di popolazioni di *Scaphoideus titanus* Ball (Homoptera, Cicallidae) analizzata con l'uso di marcatori RAPD. Atti XIX Congr. Naz. Ital. Entomol. Catania June, 10-15 2002, Vol. 1: 613-617.
2. Baliraine FN, Bonizzoni M, Osir EO, Lux SA, Mulaa FJ, Quilici S, Gomulski LM, Gasperi G & Malacrida AR, 2002. Medfly microsatellite markers for species diagnosis and population genetic analysis in three other fruit fly (Diptera:Tephritidae) species. *Proceedings of the 6th International Fruit Fly Symposium, Stellenbosh, South Africa*. Pp. 411-414.
3. Gasperi G, Gomulski LM, Torti C, Sebastiani F, Bonizzoni M & Malacrida A R, 1999. Diagnostic tools for the characterization of strains and populations of the medfly *Ceratitidis capitata*. *Working paper Joint FAO/IAEA 3rd Research co-ordination Meeting*.

Relatore su invito

1. Palatini U, Pischedda E, Bonizzoni M. Nonretroviral integrated RNA viruses in the genome of mosquito vectors: a new form of immunity? Second Joint Meeting of Societe Zoologique de France and Unione Zoologia Italiana (Torino, 18-23 Settembre 2017)
2. Palatini U, Pischedda E, Bonizzoni M. Comparative genomics of viral integrations in mosquitoes. EMBO Conference "Molecular and Population Biology of Mosquitoes and other disease vectors" (Kolymbari, Greece, July 24-28, 2017).
3. Bonizzoni M. Viral integrations are abundant in the genome of *Aedes* mosquitoes. 3rd International Workshop on *Aedes albopictus*, the Asian tiger mosquito (Pavia, April 10-14 2017)
4. Bonizzoni M. Non-retroviral RNA virus integrations in *Aedes albopictus*. Symposium 394 "the Role of Microbiota in Vectors". XXV International Congress of Entomology 2016 (Orlando, FL Sept. 25-30 2016)
5. Bonizzoni M. Resistace to pyrethroids in *Aedes albopictus*: results from a multy-country survey. Congresso "*Facing the invasion of alien arthropods species*" (Trento, Nov. 07-09 -2016)
6. Bonizzoni M. Control of the Dengue vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*: challenges of insecticide resistance and alternative methods. Gordon Research Conference "Drug Resistance" (University of New England, Biddeford Maine, June 12-17 2016)
7. Bonizzoni M. Assessing functional polymorphism in the dengue vector *Aedes aegypti* by RNA-Seq. 9th Annual Meeting of NIAID Regional Centers of Excellence for Biodefense and Emerging Infectious Disease Research (Seattle, April 7-9, 2013)
8. Bonizzoni M. Transcriptional analyses of the dengue vector *Aedes aegypti* supports a transgenic approach for vector control. 6th International Congress of

- the Society for Vector Ecology (La Quinta, CA, Sept. 22-27th 2013)
9. Bonizzoni M. Profiling the mosquito transcriptome: case studies of *Aedes aegypti* and *Anopheles gambiae*. XXIV International Congress of Entomology (Daegu, Korea, 19-25 August 2012)
 10. Bonizzoni M, Li J & Yan G. Comparative transcriptome analyses of pyrethroid -resistant and -susceptible *Anopheles gambiae* mosquitoes. 59th Annual Meeting of the Entomological Society of America (Reno, USA, 13-16 November 2011)
 11. Bonizzoni M, Guglielmino R, Gomulski LM, Smallridge C, Malacrida AR & Gasperi G. Genetic status of medfly in Australia as inferred from microsatellite markers. XXII International Congress of Entomology (Brisbane, Australia, August 15-21, 2004)
 12. Bonizzoni M, Gomulski LM, Bertin S, Scolari F, Matessi C, Gasperi G. Remating and sperm use in medfly females. Eighth Annual Exotic Fruit Fly Symposium (Riverside, California, 7-9 March 2005)
 13. Baliraine FN, Bonizzoni M, Osir EO, Lux SA, Mulaa FJ, Quilici S, Gomulski LM, Gasperi G & Malacrida AR. Medfly microsatellite markers for species diagnosis and population genetics analysis in three tephritid fruit fly species. 6 th International Symposium on Fruit Fly of Economic Importance pp. 2 (Stellenbosch, South Africa, May 6-10, 2002)
 14. Bonizzoni M, Marchini D, Dallai R, Malacrida AR & Gasperi G. Progress in the analysis of sperm use in medfly. 2002 Annual Exotic Fruitfly Symposim (Riverside, California, USA, September 14-16, 2002)
 15. Bonizzoni M, Murelli V, Gugliemino CR, Chapman T, Haymer DS, Katsoyannos BI, Zheng L, Gasperi G & Malacrida AR. SSR genotyping in the medfly *Ceratitidis capitata* as a tool to interpret bioinvasion processes and remating frequency. 2001 Annual Exotic Fruitfly Symposim (Tampa, Florida, USA; Dicember 2-4, 2001)

Riassunti Scientifici

1. Malacrida AR, Sebastiani F, Gomulski LM, Bonizzoni M, Torti C, Gasperi G & Guglielmino CR. Worldwide colonization history and population genetic structure of *Ceratitidis capitata*. *Fifth International Symposium on Fruit Flies of Economic Importance* p.114 (Penang, Malaysia, June 1-5, 1998).
2. Malacrida AR, Torti C, Gomulski LM, Bonizzoni M, Crisafulli D, Sebastiani F & Gasperi G. Different families of transposable elements are present in the medfly genome. *Third International Workshop on Trasgenesis of Invertebrate Organisms* p. 37 (Kolymbari, Creete, Greece, August 21-26, 1999).
3. Bonizzoni M, Malacrida AR, Guglielmino CR, Sebastiani F, Gasperi G & Zheng L. Polymorphic microsatellite markers for population analysis of a tephritid species, *Ceratitidis capitata*. *VII Congress of the European Society for Evolutionary Biology* p. 1139. (Barcellona, Spain, August 23-28, 1999).
4. Bonizzoni M, Guglielmino CR, Malacrida AR, Sebastiani F, Gasperi G & Zheng L. Population analysis of *Ceratitidis capitata* as asseyed by polymorphic microsatellite markers. *3rd Meeting of the working group on fruit flies of the western hemisphere* p.85. (Guatemala City, Guatemala July 4-9, 1999).
5. Gasperi G, Bonizzoni M, Zheng L, Haymer DS, Gomulski LM, Torti C, Guglielmino CR & Malacrida AR. Bioinvasions into Europe and Americas and the colonization history of the Medfly. *2000 Exotic FruitFly Symposim* (Riverside, CA, USA, September 10-12, 2000)
6. Bonizzoni M, Zheng L, Sebastiani F, Guglielmino CR, Gomulski LM, Gasperi G & Malacrida AR. Polymorphic microsatellite markers to assess the genetic

- variability in the Mediterranean fruit fly, *Ceratitis capitata*, species range. *XXI International Congress of Entomology* p.563 (Brasil, August 20-26, 2000).
7. Bonizzoni M, Zheng L, Chapman T, Gomulski LM, Guglielmino CR, Gasperi G & Malacrida AR. Application of SSR markers in *Ceratitis capitata* to clarify technical details of SIT programmes. *2001 Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology-Genetic Manipulation of Insects* p. 54 (Taos, New Mexico, USA; February 5-11, 2001)
 8. Murelli V, Bonizzoni M, Torti C, Gomulski LM, Gasperi G & Malacrida AR. Genetic mapping in Mediterranean fruit fly *Ceratitis capitata*. *6th International Symposium on Fruit Fly of Economic Importance* p. 67 (Stellenbosch, South Africa, May 6-10, 2002)
 9. Gomulski LM, Torti C, Bonizzoni M, Capy P, Gasperi G & Malacrida AR. The *rosa* subfamily of *mariner* elements: a strange case of horizontal transfer involving *Ceratitis rosa* and other tephritid flies from the Americas. *6th International Symposium on Fruit Fly of Economic Importance* p. 54 (Stellenbosch, South Africa, 6-10 May 2002)
 10. Bonizzoni M, Katsoyannos BI, Marguerie R, Guglielmino CR, Zheng L, Gasperi G, Malacrida AR & Chapman T. Microsatellite analysis reveals remating by *Ceratitis capitata* females from the Chios Island. *6th International Symposium on Fruit Fly of Economic Importance* p. 39 (Stellenbosch, South Africa, May 6-10, 2002)
 11. Bonizzoni M, Zheng L, Guglielmino RC, Haymer DS, Gasperi G, Gomulski LM & Malacrida AR. Genetic aspects of medfly bioinfestations into California as inferred from microsatellite markers. *6th International Symposium on Fruit Fly of Economic Importance* p. 40 (Stellenbosch, South Africa, May 6-10, 2002)
 12. Bonizzoni M, Yuval B, Chapman T, Katsoyannos BI, Murelli V, Malacrida AR & Gasperi G. Female remating and sperm use in *Ceratitis capitata*. *4th International Workshop on Transgenesis and Genomics of Invertebrate Organisms* p. 96 (Asilomar, CA, USA; 11-15 May, 2003)
 13. Gomulski LM, Torti C, Murelli V, Bonizzoni M, Gasperi G & Malacrida AR. Medfly endogenous transposable elements: diversity and possible applications. *4th International Workshop on Transgenesis and Genomics of Invertebrate Organisms* p. 35 (Asilomar, CA, USA; 11-15 May, 2003)
 14. Bonizzoni M, Gasperi G, Gomulski LM, Malacrida AR, Guglielmino R & Smallridge C. Medfly in Australia - a genetic perspective. *5th Meeting of the Working Group on Fruit Flies of the Western Hemisphere* p. 105 (Ft. Lauderdale, Florida, USA; May 16-21, 2004)
 15. Bonizzoni M, Capy P, Gomulski LM, Malacrida AR & Gasperi G. Wide-spread of *piggyBac* transposon in fourteen Tephritid species. *2004 Keystone Symposia on Genetic Manipulation of Insects* p. 65 (Taos, New Mexico, USA; February 3-8, 2004)
 16. Balirane FN, Bonizzoni M, Guglielmino R, Osir EO, Lux SA, Mulaa FJ, Gomulski LM, Zheng L, Quilici S, Gasperi G, Malacrida AR. Population genetics of the potentially invasive African fruit fly species, *Ceratitis rosa* and *Ceratitis fasciventris* (Diptera: Tephritidae). *XXII International Congress of Entomology PS2S1712* (Brisbane, Australia, August 15-21, 2004)
 17. Malacrida AR, Bonizzoni M, Gomulski LM, Guglielmino CR & Gasperi G. Fruitfly expansions: a lesson from the medfly. *Eighth Annual Exotic Fruit Fly Symposium* (Riverside, California, 7-9 March 2005).
 18. Bonizzoni M, Gomulski LM, Bertin S, Scolari F, Matessi C & Gasperi G. Unfaithful medfly females: impact on SIT. *International Conference on Area-*

- Wide Control of Insect Pests: Integrating the Sterile Insect and Related Nuclear and Other Techniques* (Vienna, Austria, 9-13 May 2005)
19. Malacrida AR, Bonizzoni M, Gomulski LM, Guglielmino CR & Gasperi G. Perspectives on fruitfly expansion: a lesson from a global invader, *Ceratitis capitata*. *International Conference on Area-Wide Control of Insect Pests: Integrating the Sterile Insect and Related Nuclear and Other Techniques* (Vienna, Austria, 9-13 May 2005)
 20. Bonizzoni M, Capy P, Gomulski LM, Malacrida AR & Gasperi G. Widespread distribution of the *piggyBac* transposon in various *Bactrocera* species. *International Conference on Area-Wide Control of Insect Pests: Integrating the Sterile Insect and Related Nuclear and Other Techniques* (Vienna, Austria, 9-13 May 2005)
 21. Bertin S, Scolari F, Bonizzoni M, Matessi C, Guglielmino CR, Gomulski LM, Malacrida AR & Gasperi G. Polyandry and sperm use in the invasive species *Ceratitis capitata*. *VIIIth European Congress of Entomology* (Izmir, Turkey, 17-22 September 2006).
 22. Gomulski LM, Bertin S, Bonizzoni M, Scolari F, Dimopoulos G, Xi Z, Soares MB, Bonaldo MF, Malacrida AR & Gasperi G. Functional genomics of *Ceratitis capitata* (Medfly) as a tool for improving pest control. *VIIIth European Congress of Entomology* (Izmir, Turkey, 17-22 September 2006).
 23. Aketarawong N, Bonizzoni M, Malacrida AR, Thanaphum S & Gasperi G. Microsatellite polymorphism in the Oriental fruitfly. *VIIIth European Congress of Entomology* (Izmir, Turkey, 17-22 September 2006)
 24. Gomulski LM, Bertin S, Bonizzoni M, Scolari F, Dimopoulos G, Xi Z, Soares MB, Bonaldo MF, Malacrida AR & Gasperi G. Gene discovery and functional genomics in Tephritids: a tool for improving pest control. *7th International Symposium on Fruit Flies of Economic Importance* (Salvador, Bahia, Brazil, 10-15 September 2006).
 25. Bertin S, Bonizzoni M, Scolari F, Matessi C, Marchini D, Gomulski LM, Yuval B, Gasperi G & Malacrida AR. Sperm use in Tephritids: the case of *Ceratitis capitata*. *7th International Symposium on Fruit Flies of Economic Importance* (Salvador, Bahia, Brazil, 10-15 September 2006).
 26. Aketarawong N, Bonizzoni M, Guglielmino CR, Malacrida AR, Gasperi G & Thanaphum S. SSR DNA marker: an analytical tool for colonization genetic studies in the Oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis sensu stricto*. *18th Annual Meeting of the Thai Society for Biotechnology*, (Bangkok, Thailand, 2-3 November 2006).
 27. Bonizzoni M, Afrane Y, Yan G. Quick and simple diagnostic method for the identification of *Anopheles gambiae sensu strictu* and *Anopheles arabiensis* mosquitoes based on the Loop-Mediated Isothermal PCR (LAMP). *58th Meeting of the American Society of Tropical Medicine and Hygiene* (Washington DC, USA, 18-22 November 2009)
 28. Bonizzoni M, Dunn AW, Marinotti O, Campbell CL & James AA. The *Aedes aegypti* transcriptome by RNA-seq: a tool for vector disease control? *59th Meeting of the American Society of Tropical Medicine and Hygiene* (Atlanta, USA, 3-7 November 2010)
 29. Bonizzoni M, Dunn AW, Marinotti O, Campbell CL & James AA. Whole-genome transcriptional profile changes in response to blood meal in the principal dengue fever vector, *Aedes aegypti*. *58th Annual Meeting of the Entomological Society of America* (San Diego, USA, 12-15 December 2010)

30. Bonizzoni M, Dunn AW, Campbell CL, Olson KE, Marinotti O & James AA. Transcriptome variations among strains of the vector mosquito, *Aedes aegypti*. *5th Annual Arthropod Genomics Symposium* (Kansas City, 9-12 June 2011)
31. Bonizzoni M, Dunn WA, Campbell CL, Olson, K E, Marinotti O & James AA. Strain-specific variation in transcript accumulation following a blood-meal in the dengue vector mosquito, *Aedes aegypti*. *7th Annual Meeting of the Pacific South West Regional Center of Excellence* (Honolulu, USA, July 31st-August 2nd, 2011)
32. Bonizzoni M, Dunn AW, Campbell CL, Olson KE, Marinotti O & James AA. Expression profile of dengue infected *Aedes aegypti* mosquitoes: strain comparison by RNA-seq. *6th International Symposium on Molecular Insect Science* (Amsterdam, 2-5 October 2011)
33. Bonizzoni M, Dunn AW, Marinotti O, Campbell CL & James AA. Comparative transcriptomics of three *Aedes aegypti* strains. *60th Meeting of the American Society of Tropical Medicine and Hygiene* (Philadelphia, USA, 4-8 December 2011)
34. Bonizzoni M, Li J, Githeko A & Yan G. Transcriptomics of pyrethroid resistance in wild *Anopheles gambiae* mosquitoes. *60th Meeting of the American Society of Tropical Medicine and Hygiene* (Philadelphia, USA, 4-8 December 2011)
35. Bonizzoni M, Dunn AW, Marinotti O, Campbell CL, Olson KE & James AA. Tissue-specific expression profiles of the dengue-infected mosquito vector, *Aedes aegypti*: a time-course analyses by RNA-seq. *RCE (Regional Center of Excellence) National Meeting* (Amelia Island, Florida, 26-28 March 2012)
36. Bonizzoni M, Xu J, Chen X & Yan G. Resistance to pyrethroids in the invasive species *Aedes albopictus*. *Primo Congresso Nazionale Congiunto Società Italiana di Ecologia, Unione Zoologica Italiana e Società Italiana di Biogeografia* (Milano, August 30-Sept. 2, 2016)

ORGANIZZAZIONE CONVEGNI SCIENTIFICI

- | | |
|------|--|
| 2017 | 3rd International Workshop on <i>Aedes albopictus</i> , the Asian tiger mosquito (Pavia, 10-12 Aprile 2017) |
| 2016 | Symposium "Role of microbiota in vectors", XXV International Congress of Entomology (Orlando, Florida, 25-30 Settembre 2016) |
| 2013 | 1st International Workshop on <i>Aedes albopictus</i> , the Asian tiger mosquito (Pavia, 21-22 Marzo 2013) |

PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE SCIENTIFICHE

- | | |
|----------|---|
| Dal 2012 | Associate Editor per BMC Genetics |
| Dal 2015 | Guest Editor per Plos Neglected Tropical Diseases |
| 2017 | Editore del volume "Vectors and medical and veterinary entomology, Volume 22" che comparirà nella rivista Current Opinion in Insect Sciences in Agosto 2017 |

ATTIVITA' PROFESSIONALI e DI SERVIZIO

- 2017 membro del comitato scientifico del progetto “InRoad”, Università’ di Pavia
 2016 to Membro della Commissione Risorse del Dip. di Biologia e Biotecnologie,
 present Università’ di Pavia
 2015 Revisore *ad hoc* per “Netherlands Organization for Scientific Research,
 VICI Scheme”
 2014 Membro del panel NIH-NIAD per la revision di grants R13, U01 e U19
 Dal 2005 Revisore scientifico per le riviste PNAS, Genetica, Diversity and
 Distributions, Journal of Insect Science, Journal of Applied Entomology,
 Journal of Medical Entomology, Molecular Ecology, Bulletin of
 Entomological Research, Infection Genetics and Evolution, Journal of Insect
 Physiology, BMC Genomics, PLoS Neglected Tropical Diseases, PLoS
 One, Parasite and Vectors ed Heredity

ATTIVITA’ DIDATTICA

Partecipazione al collegio dei docent di dottorati di ricerca

- Dal 2015 membro del collegio dei docenti del Dottorato in Genetica, Biologia
 Molecolare e Cellulare dell'Università' degli Studi di Pavia

Incarichi di insegnamento

- 2014 Guest Lectures in Vector Biology, Corso in Human Parasitology,
 University of California at Irvine, USA
 2014-2015 Zoologia Applicata (6 CFU) Laurea triennale in Scienze Biologiche,
 Università’ di Pavia
 Dal 2015 Zoologia (Modulo, 6 CFU Corso B) Laurea triennale in Scienze
 Biologiche e Molecular Entomology (6 CFU) Laurea Magistrale in
 “Molecular Biology and Genetics”, Università’ di Pavia

Attività’ di supporto a corsi universitari

- 2004-2005 Tutore al progetto “*Evoluzione Biologica*” per il corso di *Zoologia
 Generale*
 2002-2003 Tutote al progetto “*I principali fenomeni biologici degli organismi animali:
 riproduzione e sviluppo*” per il corso di *Zoologia Generale*
 2002-2003 tutore al progetto “*I principali fenomeni biologici degli organismi animali:
 riproduzione e sviluppo*” per il corso di *Zoologia Generale*
 2001-2002 Tutore al progetto “*Metodi di studio della variabilità’ degli organismi
 animali in funzione del loro ordinamento tassonomico*” per il corso di
Zoologia Generale.
 2001-2002 in veste di cultore della materia Zoologia (gruppo scientifico-disciplinare
 BIO/05) ha partecipato allo svolgimento delle esercitazioni pratiche degli
 insegnamenti di *Zoologia Generale* e di *Entomologia Applicata* per
 studenti dei Corsi di Laurea della “Classe di Scienze e Tecnologie per
 l’Ambiente e la Natura”

Attività’ di Mentoring

- Elisa Pischedda, attivita' post laurea in bioinformatica, dal 2017
- Michele Marconici, studente del Dottorato in Genetica, Biologia Molecolare e Cellulare, Universita' degli Studi di Pavia, dal 2016
- Federica Valerio, Umberto Palatini, Giuseppe Iovino, Alessandra Tancredi, attivita' di tesi per della laurea magistrale in Molecular Biology and Genetics, Universita' di Pavia, dal 2016
- Rebeca Carballar, postdoc Universita' di Pavia, 2016-2017
- Joshua Hartsel, postdoc, Universita' della California di Irvine, 2012-2013
- Francesca Scolari, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Scienze Naturali, Universita' di Pavia, 2004-2005
- Ines Lara Bellazzi, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Biologia, Universita' di Pavia, 2004-2005
- Frederick N. Baliraine, student di dottorato, Nairobi, Kenya, 2002-2004
- Stefania Moltoni, attivita' di tesi per la laurea magistrale in Biologia, Universita' di Pavia, 2002-2003

Pavia 23 Settembre 2017

In fede,

A handwritten signature in blue ink, appearing to read "Francesca Scolari". The signature is written in a cursive style with a large initial 'F'.