

# Curriculum Vitae et Studiorum di Vincenzo Bonnici

## Dati personali

---

Telefono +39 0521 906909  
Email vincenzo.bonnici@unipr.it  
URL <https://personale.unipr.it/it/ugovdocenti/person/230820>  
ORCID [orcid.org/0000-0002-1637-7545](https://orcid.org/0000-0002-1637-7545)  
Affiliazione Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche e Informatiche, Università degli Studi di Parma.  
Parco Area delle Scienze, 53/A, 43124, Parma, Italy

Abilitazione Scientifica Nazionale per Professore Associato, settore 01/B1, valida dal 29/04/2021 al 29/04/2032

## Posizione attuale

---

dal 2021 Ricercatore a tempo determinato, ai sensi dell'art. 24 comma 3 lettera b) della Legge 240/2010 (senior), con regime di impegno a tempo pieno per il Settore Concorsuale 01/B1 Informatica, Settore Scientifico disciplinare INF/01 Informatica. Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.

dal 2021 Docente di corsi di "Algoritmi per l'intelligenza artificiale", 6 CFU, e "Laboratorio di Intelligenza Artificiale", 6CFU, CdLM in Scienze Informatiche e del corso "Algoritmi e strutture dati", 9CFU (di cui 3), CdL in Informatica, Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.

dal 2020 Membro del Collegio di Dottorato in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

## Formazione

---

2017 Stage formativo presso Fondazione per la Ricerca e la Cura dei Linfomi nel Ticino, Istituto Oncologico della Svizzera Italiana, 6500 Bellinzona (CH).

2012 – 2015 Dottorato di Ricerca in Informatica, afferente alla Scuola di Dottorato in Scienze Ingegneria Medicina, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona. Titolo della tesi: "Informational and Relational Analysis of Biological Data". Advisor il Prof. V. Manca. Co-Advisor la Dr. R. Giugno.

2013 – 2014 Visiting Researcher Scholar presso Institute for Genomics and Bioinformatics (IGB), University of California, Irvine. Advisor il Prof. P. Baldi.

2008 – 2011 Laurea in Informatica Specialistica presso il Dipartimento di Matematica ed Informatica dell'Università degli Studi di Catania. Voto 110/110. Titolo della tesi: "MultiGraphGrep e RI: due algoritmi per la ricerca efficiente in database di grafi e tra due grafi". Advisor la Dr. R. Giugno.

2004 – 2008 Laurea di primo livello in Informatica presso il Dipartimento di Matematica ed Informatica dell'Università degli Studi di Catania. Voto 110/110. Titolo della tesi: "Tecniche di refactoring ad aspetti applicate al codice C del GLOBUS Toolkit". Advisor il Prof. Ing. E. Tramontana.

## Attività di ricerca

---

Ambiti di ricerca	Bioinformatica, Biologia computazionale, Algoritmi e strutture dati, Teoria dei grafi, Calcolo parallelo.
Obiettivi personali	L'obiettivo della mia ricerca è lo studio dei sistemi biologici attraverso strumenti computazionali. La struttura del "codice sorgente" cellulare, codificato in stringhe di DNA, ed il modo in cui esso reagisce agli stimoli esterni, attraverso complesse reti intra ed extra cellulari, offrono analogie con il mondo artificiale che sono per me fonte di ispirazione per lo sviluppo di nuove metodologie informatiche.
Breve descrizione	<p>Ho iniziato la mia attività di ricerca durante la laurea magistrale occupandomi del problema della ricerca di sottostrutture all'interno di grafi biomedicali. Durante il corso degli anni ho approfondito tale tematica che ho anche esteso alla creazione, integrazione ed analisi di reti biologiche. Tali studi hanno prodotto delle pubblicazioni scientifiche in riviste come Bioinformatics, BMC ed IEEE\ACM TCBB e riconoscimenti in ambiti internazionali, come la premiazione ad un contest ICPR. Gli algoritmi di ricerca di sottografi, sia come strutture esatte che approssimate, sono ritenuti fino ad oggi tra i più efficienti nell'ambito della letteratura specialistica del settore. [R23,R20,R18,R12,R10,R7,R3,R2,R1,A23,A17,A15,A14,A13,A12,A10,A3,A2,A1]</p> <p>Durante il mio periodo di dottorato ho allargato i miei interessi scientifici alla genomica computazionale occupandomi di metodi innovativi per l'analisi di sequenze genomiche basate sulla teoria dell'informazione e su metodologie di tipo alignment-free e/o reference-free. Nell'ambito di una linea di ricerca di genomica informazionale sviluppata a Verona, il mio contributo, che ha incluso anche lo sviluppo di algoritmi e di una piattaforma computazionale per l'analisi entropica di genomi, ha prodotto una pubblicazione scientifica su Nature Scientific Reports. Tale lavoro mi ha anche portato ad approfondire le mie conoscenze nel campo della filogenetica e filogenomica. Di recente, i miei interessi scientifici in questo ambito si sono estesi alla pangenomica e alla ricerca di omologia tra sequenze biologiche. [R25,R23,R22,R19,R17,R16,R11,R9,R8,C3,A28,A26,A25,A22,A20,A18,A12,A7]</p> <p>A seguito del dottorato, ho esteso i miei interessi riguardanti le reti biologiche occupandomi di creazione, integrazione ed analisi delle stesse all'interno di un contesto informatico quale i "Big Data" e le nuove tecnologie NoSQL per la gestione e l'analisi efficiente di grandi quantità di dati. In tale ambito, i miei interessi includono aspetti relazionali di RNA non codificante e farmaci. Ho anche iniziato ad occuparmi di dell'analisi di dati NGS, sia genomici che trascrittomici, per la rilevazione di varianti strutturali volta alla diagnosi biomedica nel contesto della medicina di precisione. [R27,R24,R15,R13,R6,R5,R4,C2,C1,A27,A24,A19,A16,A11,A9,A8,A6,A5,A4]</p> <p>Una tematica trasversale ai miei interessi scientifici sopra riportati è il calcolo parallelo, che affronto su diverse tipologie di architetture, dalle SMP alle GP-GPU. [R14,R10,R2,A15,A14,A10]</p> <p>Nel corso degli anni, le mie attività hanno anche incluso la mia partecipazione come correlatore in tesi di laurea, sia triennali che magistrali, e la gestione di progetti correlati a corsi accademici in ambito informatico e bioinformatico. Attualmente sono docente del corso di Algoritmi per L'intelligenza Artificiale 6 CFU del CdLM in Scienze Informatiche e del corso "Algoritmi e strutture dati", 9CFU, CdL in Informatica.</p>

## Incarichi di ricerca

---

- 2019 - 2021 Ricercatore a tempo determinato, ai sensi dell'art. 24 comma 3 lettera a) della Legge 240/2010 (junior), con regime di impegno a tempo pieno per il Settore Concorsuale 01/B1 Informatica, Settore Scientifico disciplinare INF/01 Informatica. Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.
- 2018 - 2019 Assegnista di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona, settore scientifico-disciplinare INF/01, per l'attuazione del programma di ricerca "Design e implementazione di metodi per l'analisi di sistemi complessi".
- 2017 - 2018 Assegnista di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona, settore scientifico-disciplinare INF/01, per l'attuazione del programma di ricerca "Analisi computazionale di patologie genomiche".
- 2016 - 2017 Assegnista di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona, settore scientifico-disciplinare INF/01, all'interno del programma regionale di ricerca FSE. Progetto 1695-2-2121-2015 dal titolo "InfoGenAgriFood: Piattaforma bioinformatica integrata nella genomica della produzione agroalimentare".
- 2016 Assegnista di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona, settore scientifico-disciplinare INF/01, all'interno del programma di ricerca "Studio e progettazione dei sistemi di mapping e di analisi dei dati delle CDN (Content Delivery Network)".
- 2015 Assegnista di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona, settore scientifico-disciplinare INF/01, all'interno del programma di ricerca "Infogenomica: analisi computazionale di genomi e reti biologiche".

## Progetti di ricerca

---

Si riporta la lista dei progetti a cui il candidato ha partecipato con mansioni attinenti alla ricerca e allo sviluppo.

- 2023 Componente. HORIZON-IA project. Titolo "MISHELL: Microbial innovations to extend food shelf life and reduce food loss and waste". HORIZON-CL6-2023-FARM2FORK-01. Valutato positivamente.
- 2022 Componente- PRIN: PROGETTI DI RICERCA DI RILEVANTE INTERESSE NAZIONALE – Bando 2022 PNRR. Titolo: "CARING (Ct-scan Automated Reasoning INterpretation Guidance) for xAI (explainable Artificial Intelligence)". Prot. P2022XYCWM. Valutato positivamente.
- 2023 Componente. SUS-MIRRI.IT - Strengthening the MIRRI Italian Research Infrastructure for Sustainable Bioscience and Bioeconomy. Progetto finanziato nell'ambito del e dall'Unione europea – NextGenerationE. Area ESFRI "Health and Food", finanziato da European Commission NextGenerationEU Code N° IR0000005.
- 2023 GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) INdAM (Istituto Nazionale di Alta Matematica "Francesco Severi"). "ARICSxAI: Automated Reasoning Interpretation of Ct-Scans and xAI". CUP\_E53C22001930001
- 2022 GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) INdAM (Istituto Nazionale di Alta Matematica "Francesco Severi"). "InSANE: Investigating Sparse Algorithms in the post von Neumann Era".
- 2022 Principal Investigator. Bando di Ateneo 2021 per la Ricerca, Università di Parma. Titolo: "BIOCHAIN-AI: a platform for securely sharing and analysing microbiological data."

- 2020 Proponente. Progetto GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) INdAM (Istituto Nazionale di Alta Matematica "Francesco Severi"), dal titolo "Automated Reasoning about Time in Medical and Business Applications".
- 2018 Principal Investigator. Finanziamento GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) Giovani Ricercatori 2018/2019: "Sistemi eterogenei per misure di connettività inter- e intra-cromosomica". Istituto Nazionale di Alta Matematica Francesco Severi.
- 2018 Proponente. Progetto FSE (Fondo Sociale Europeo) della Regione del Veneto dal titolo "INFO-BACT-MAR: Sviluppo di una piattaforma computazionale per la tracciabilità di microrganismi nei processi agro-alimentari utilizzando marcatori brevettati HPME". Finanziato con un contributo di 70.000 euro.
- 2017 Proponente. Progetto di tipo JOINT PROJECTS 2016 n. JPVR16FNCL da titolo "PREDYCOS: Una piattaforma reattiva per un sistema complesso che sia personalizzato e dinamico". SSD di riferimento: INF/01. Proponenti: Università di Verona e Neodata group s.r.l.
- 2017 Responsabilità scientifica. Progetto in collaborazione con l'Azienda Ospedaliera Universitaria Meyer di Firenze, dal titolo "Developing a computational platform for analysis of genomes subjected to chromothripsis phenomena".
- 2017 Progetto sottoposto al GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico), dal titolo "High performing computational models for biomedical information extraction and integration".
- 2016 Progetto sottoposto al GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico), dal titolo "Integrating national and international spontaneous adverse drug reaction knowledge bases for pattern discovery in pharmacovigilance,".
- 2015 Progetto sottoposto al GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico), dal titolo "Analisi di reti biologiche per identificare fattori critici del cancro alla tiroide".

## Premi e riconoscimenti

---

- 2018 Vincitore borsa di viaggio per WEPA2018. 2nd International Workshop on Enumeration Problems and Applications. 5-8 Novembre 2018, Pisa (Italia). Offerta dal National Institute of Informatics del Giappone.
- 2016 Vincitore del premio "best poster award" conferito da IEEE Technical Committee on Computational Life Science Society alla scuola di ricerca J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari, Italy.
- 2014 Vincitore del 1° contest internazionale di "Graph Matching Algorithms for Pattern Search in Biological Datasets". Vincitore nell'ambito "Time Usage" con l'algoritmo "RI". ICPR (International Conference on Pattern Recognition), Stockholm (Svezia).
- 2014 Vincitore del 1° contest internazionale di "Graph Matching Algorithms for Pattern Search in Biological Datasets". Vincitore nell'ambito "Memory Usage" con l'algoritmo "RI-DS". ICPR (International Conference on Pattern Recognition), Stockholm (Svezia).
- 2012 Vincitore borsa di studio Cooperint per la mobilità internazionale offerta dall'Università degli Studi di Verona, nell'area scientifica "Engineering & Technology: Computer Science and Information Systems". Destinazione University of California, Irvine, USA.

- 2012 Vincitore borsa di viaggio offerta da COST, European Cooperation in Science and Technology, per attendere al corso "Next generation sequencing data analysis with Chipster". CSC-IT center for Science LTD. Espoo (Finland).

## **Collaborazioni scientifiche**

Lista delle collaborazioni scientifiche esterne all'attuale posizione lavorativa (Università di Verona).

Prof. Rosalba Giugno, Univeristà di Verona, Italia	Teoria dei grafi, analisi dei dati e loro applicazioni in bioinformatica.
Prof. Alfredo Ferro, Università di Catania, Italia	Teoria dei grafi, data mining e loro applicazioni in bioinformatica.
Prof. Dennis Shasha, New York University, USA	Teoria dei grafi. Algoritmi e strutture dati. Calcolo paralleo.
Prof. Soren Brunak, University of Copenhagen, Danimarca	MicroRNA e reti eterogenee per la rappresentazione di sistemi biologici.
Gruppo di Bioinfomatica, ITB, CNR Bari, Itali.	Non-coding RNA, loro classificazione e interazione a livello fisico e di sistema.
Prof.ssa Tarja Malm, University of Eastern Finland, Finlandia	Analisi differenziale ed arricchimento funzionale di non-coding RNA legati a patologie neurologiche.
Bioinformatics Core Unit, Institute of Oncology Research, Svizzera	Teoria dei grafi applicata allo studio di sistemi biologici. Sviluppo di metodologie parallele per l'analisi dei grafi. Caratterizzazione di non-coding RNA legati a malattie tumorali.
Prof. Levi Waldron, CUNY Institute, USA	Sviluppo di metodologie per l'analisi di dati biomedici sperimentali. Sviluppo ed applicazione di algoritmi di clustering su dati biologici.
Dr. Marco Beccuti, Università Degli Studi di Torino, Italia	Algoritmi e strutture dati per l'analisi di grafi.

## **Relatore a congressi e convegni di carattere scientifico**

2023	LOD 2023. 9th International Conference on machine Learning, Optimization & Data science. Sept 22-26, Lake District England, UK.
2023	IDEAS 2023. The 27 <sup>th</sup> international database engineered applications symposium. Heraklion, Creta, Grecia. 5-7 Maggio, 2023.
2023	UCNC 2023: 20th International Conference on Unconventional Computation and Natural Computation. Marzo 13 - 17, 2023. University of North Florida, Jacksonville, Florida, USA.
2021	LOD 2021: The 7th International Online & Onsite Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science. 4-8 Ottobre 2021. Grasmere, Lake District, England – (GB).
2021	ISIT 2021 - IEEE International Symposium on Information Theory 12-20 Luglio 2021, online.
2021	BITS – Meeting annuale della Bioinformatics Italian Society. 1-2 Luglio 2021, online.
2021	IARIA – BIOTECHNO 2021 - The Thirteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies. Maggio 30-Giugno 03, 2021 - Valencia, Spagna, e online.

- 2020 WEPA 2020 - Fourth International Workshop on Enumeration Problems and Applications. Online.
- 2019 Il Fondo Sociale Europeo nella ricerca scientifica: nuovo bando, premiazioni dei progetti 2018 e buone pratiche. 6 Novembre 2019, Università di Padova, Padova, Italia.
- 2019 16<sup>th</sup> IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology. 9-11 Luglio 2019, Certosa di Pontignano, Siena, Italia.
- 2019 PDP2019. 27th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed and Network-based Processing. 13-15 Febbraio 2019, Pavia, Italia.
- 2018 Challenges and Opportunities in Large Scale Network Analysis in Systems Biology (COLNASB'18). IEEE BIBM co-located workshop. 3 Dicembre 2018, Madrid, Spagna.
- 2018 WEPA2018. 2nd International Workshop on Enumeration Problems and Applications. 5-8 Novembre 2018, Pisa (Italia)
- 2018 Laboratory Workshop del CINI (Centro Interuniversitario Nazionale per l'Informatica) InfoLife. Politecnico di Milano. 25 Settembre 2018, Milano, Italia.
- 2018 15th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics. Caparica, Portogallo. 6-8 Settembre 2018.
- 2018 1st Informal Workshop on DataMod Approaches to Systems Analysis (WDA 2018). 1-2 Marzo 2018. Pisa, Italy.
- 2017 Laboratory Workshop del CINI (Centro Interuniversitario Nazionale per l'Informatica) InfoLife. Abstract dal titolo "Multi Omics Integration for Personalized Health". The European Center for Living Technology, Univeristà Ca' Foscari di Venezia. 21-23 Settembre 2017, Venezia, Italia.
- 2017 Giornata di presentazione del Fondo sociale europeo 2016-2017 dedicato a "La ricerca a sostegno della trasformazione aziendale". Università degli Studi di Verona. 24 Gennaio 2017, Verona, Italia.
- 2017 Reproducibility, standards and SOP in bioinformatics. Combined CHARME – EMBnet and NETTAB 2017 Workshop. 16-18 Ottobre 2017, Roma, Italia.
- 2016 Focus tematico per le Ricerche Innovative Job&Orienta – Agroalimentare e Turismo. Verona Fiere. 28-30 Novembre 2016, Verona, Italia.
- 2014 22nd International Conference on Pattern Recognition (ICPR2014) - Contest on Graph Matching Algorithms for Pattern Search in Biological Databases. 24-28 Agosto 2014, Stoccolma, Norvegia.
- 2010 5th IAPR International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatic. Lecture Notes in Bioinformatics. 22-24 Settembre 2010, Nijmegen, Olanda.

### **Invited talks**

- 2019 Cross-cutting computational approaches for the multi-omics scene. Università della Svizzera Italiana, Lugano, 22 Settembre 2019.

### **Membro in organizzazioni**

ACM: Association for Computing Machinery  
GRIN: GRuppo di INformatica  
IEEE Computer Society Technical Committee on Computational Life Sciences (TCCLS)  
IEEE Computer Society  
BITS (Bioinformatics Italian Society)  
GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) – IndAM  
InfoLife Laboratory – CINI (Consorzio Interuniversitario Nazionale per l'Informatica)  
Digital Health National Laboratory – CINI (Consorzio Interuniversitario Nazionale per l'Informatica)  
Laboratorio InfOmics, Università degli Studi di Verona  
AHEAD LAB. Computer Science Lab @ UniPR. Università degli Studi di Parma.

### **Organizzazione convegni di carattere scientifico**

---

- |           |  |
|-----------|--|
| 2023/2024 | Technical Program Committee. DBKDA 2024. The Sixteenth International Conference on Advances in Databases, Knowledge, and Data Applications. Marzo 10-14 2024 – Atene, Grecia.  |
| 2023/2024 | Technical Program Committee. BIOTECHNO 2024. The Sixteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies. Marzo 10-14 2024 – Atene, Grecia.   |
| 2023      | Program Committee. The 21st IEEE International Conference on Pervasive Intelligence and Computing (PiCom 2023). 14-17 Nov, 2023 - Hybrid Conference - Abu Dhabi, UAE.  |
| 2023      | Organization committee e Chair: MODIMO – Workshop “Multi-Omics Data Integration for Modelling Biological Systems (second edition)”, in concomitanza con CIKM2023, 21-25- Ottobre 2023, University of Birmingham and Eastside Rooms, UK                         |
| 2023      | Scientific Committee. YOUNG BITS, RSG-Italy & CINI Young-InfoLife Symposium, in junction with the Annual meeting of the Italian Bioinformatics Society (BITS). 22-23 Giugno 2023, Bari, Italia.  |
| 2023      | Program Committee. ECAI 2023. 26th European Conference on Artificial Intelligence. 30.09 - 5.10, 2023, Kraków, Poland.   |
| 2023      | Program Committee. IEEE SERVICES 2023. IEEE World Congress on Services. Chicago, Illinois, USA. Luglio 2-8, 2023.  |
| 2023      | Program Committee. Workshop on challenges and opportunities in Network Medicine and Multi-Omics bioinformatics. 2023 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM). 5-8 Dic, 2023. Istanbul, Turchia.                                 |
| 2023      | Session Chair. IDEAS 2023. The 27 <sup>th</sup> international database engineered applications symposium. Heraklion, Creta, Grecia. 5-7 Maggio, 2023.  |
| 2023      | Program committee: CIBB 2023, 18th conference on computational intelligent methods for bioinformatics and biostatistics. Settembre 6-8 2023, Padova, Italia.   |
| 2023      | Program Committee: IEEE ICDH 2023. IEEE International Conference on Digital Health. Chicago, Illinois, USA. Luglio 2-8, 2023.  |
| 2023      | Special session chair e organizer. An Italian snapshot on present and future informatics research in bioinformatics. CIBB 2023: 18TH conference on computational intelligent methods for bioinformatics and biostatistics. Settembre 6-8 2023, Padova, Italia. |

- 2023 Special session organizer. Modelling and simulation methods for computational biology and systems medicine. CIBB 2023: 18TH conference on computational intelligent methods for bioinformatics and biostatistics. Settembre 6-8 2023, Padova, Italia.
- 2023 Program Committee: 9th International Conference on machine Learning, Optimization & Data science - LOD 2023. Sept 22-26, Lake District England, UK.
- 2022 Conference Chair. 18<sup>th</sup> Annual meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS). 27-29 Giugno 2022, Verona, Italia.
- 2022 Program Committee: 8th International Conference on machine Learning, Optimization & Data science - LOD 2022. Castelnuovo Berardenga (Siena), Italia, Settembre 19-22, 2022.
- 2022 Technical Program Committee: The Fourteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies (BIOTECHNO 2022) Maggio 22-26, 2022, Venezia, Italia.
- 2021 Organization committee – Special session “Modeling and simulation methods for computational biology and systems medicine” at CIBB 2021 (the 17<sup>th</sup> international conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics). 15-17 Novembre 2021, online.
- 2021 Organization committee e Chair: MODIMO – Workshop “Multi-Omics Data Integration for Modelling Biological Systems”, in concomitanza con CIKM2021, 1-5 Novembre 2021, online.
- 2021 Organization committee e Chair: AIRDEGEN – Workshop “Linking air pollution and neurodegenerative disorders: data, methods, and biological validation”, in concomitanza con BIBM 2021, 9 - 12 Dicembre 2021 - Houston, TX, USA.
- 2021 Technical Program Committee: The Thirteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies (BIOTECHNO 2021) May 30-June 03, 2021, Valencia, Spain
- 2021 Program Committee: The 7th International Online & Onsite Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science. June 29-July 2, 2021. Grasmere, Lake District, England, UK
- 2019-2020 Organizing committee e Chair: Meeting Annuale della Società Italiana di Bioinformatica (BITS). 2020, Verona, Italia.
- 2019 Organizing committee e Chair: Ph.D. school in Imaging genetics. 2-6 Dicembre 2019, Verona, Italia.
- 2019 Organizing committee: International proteomics & metabolomics conference and advanced school. 1-2 Luglio 2019, Verona, Italia.
- 2018 Program committee: WORKSHOP on Challenges and Opportunities in Large Scale Network Analysis in Systems Biology (COLNASB'18). IEEE BIBM co-located workshop. 3 Dicembre 2018, Madrid, Spagna.

## Attività editoriale

2022 - Membro del comitato editoriale della rivista “PLOS One”, ISSN 1932-6203, PLOS



- 2021 - Membro del comitato editoriale della rivista "Healthcare Analytics", ISSN 2772-4425, ELSEVIER.
- 2022 Guest Editor per la special issue "Deep Learning and Computer Vision for Object Recognition", Applied Sciences (ISSN: 2076-3417) ,MDPI.
- 2022 - Topic Editor per Frontiers in Bioinformatics, Integrative Bioinformatics
- 2022 - Topic Editor per Frontiers in Genetics, Computational Genomics
- 2022 - Associate Editor per la rivista Frontiers in Medical Engineering, sezione Computational Medicine
- 2022 Associate Editor per BMC Supplements, Springer Nature
- 2020-2022 Membro del comitato editoriale della rivista "Computational Biology and Bioinformatics (CBB)", ISSN print 2330-8256, ISSN online 2330-8281, Science Publishing Group.
- 2021-2022 Lead guest editor per la special issue "Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology" per la rivista Applied Sciences (ISSN 2076-3417) di MDPI.
- 2022 Review Editor per la rivista Frontiers in Medical Engineering, sezione Computational Medicine
- 2020- Reviewer Editor per la rivista Frontiers in Bioinformatics, sezione Network Bioinformatics
- 2019- Reviewer Editor per la rivista Frontiers in Genetics, sezione Computational Genomics
- 2019-2020 Lead Guest Editor per la special issue "Information-Theoretical Methods in Biology Systems" per la rivista Entropy (ISSN 1099-4300) di MDPI.
- 2018 - 2019 Lead Guest Editor per la special issue "Energy-Aware Smart Systems in Healthcare", per la rivista Energies (ISSN 1996-1073) di MDPI.
- 2018 - 2019 Lead Guest Editor per la special issue "Smart Systems for Healthcare", per la rivista Future Internet (ISSN 1999-5903) di MDPI.
- 2017-2019 Reviewer Editor per la rivista Frontiers in Applied Mathematics and Statistics, sezione Optimization.

### **Attività come revisore scientifico**

Riviste	
	Access, IEEE
	Algorithmica, Springer
	Artificial Intelligence in Medicine, Elsevier
	Bioinformatics, Oxford Academic
	BMC Bioinformatics, Springer Nature
	Briefings in Bioinformatics, Oxford University Press
	Cancers, MDPI
	Clinical Pharmacology and Therapeutics, Wiley-Blackwell
	Computational and Structural Biotechnology Journal, Elsevier
	DATABASE, Oxford University Press
	Data Mining and Knowledge Discovery, Springer
	Discrete Applied Mathematics, Elsevier
	Evolutionary Bioinformatics, SAGE
	Expert Systems With Applications, Elsevier

Frontiers in Artificial Intelligence, section Machine Learning and Artificial Intelligence  
 Frontiers in Applied Mathematics and Statistics, section Optimization  
 Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, section Bioinformatics and Computational Biology  
 Frontiers in Cell and Developmental Biology  
 Frontiers in Genetics, section Bioinformatics and Computational Biology  
 Frontiers in Plant Science, section Bioinformatics and Computational Biology  
 Future Internet, MDPI  
 Genomics, Elsevier  
 Information Systems, Elsevier  
 International Journal of Data Science and Analytics, Springer  
 Journal of Biomedical and Health Informatics, IEEE/EMB  
 Journal of Computational Science, Elsevier  
 Journal of Theoretical Biology, Elsevier  
 Knowledge and Information Systems, Springer  
 Life Sciences, Elsevier  
 Pattern Recognition, Elsevier  
 PLOS ONE, Public Library of Science  
 Soft Computing, Springer  
 Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, IEEE/ACM  
 Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine

Conferenze ECAI-2023 26th European Conference on Artificial Intelligence ECAI 2023  
 30.09 - 4.10, 2023, Kraków, Poland.

LOD2022. The 8th International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science. Settembre 18 – 22, 2022 – Certosa di Pontignano, Siena , Italia.

CIBB2021 · International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics. 15-17 Novembre 2021. Online.

ESA (European Symposium on Algorithms) 2021. Settembre 6-8, 2021, Lisbona, Portogallo.

LOD2020. The Sixth International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science – July 19-23, 2020 – Certosa di Pontignano, Siena – Tuscany, Italy

## Organi collegiali

2022 -	Membro della Commissione Paritetica Docenti Studenti del Corso di Laurea Triennale in Informatica, Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.
2021 - 2022	Membro del Consiglio del Corso di Studio Unificato del Corso di Laurea in Matematica, Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.
2021 -	Membro del Consiglio di Dipartimento, Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.
2021 -	Membro del Consiglio del Corso di Studio Unificato della Laurea in Informatica e della Laurea Magistrale in Scienze Informatiche, Dipartimento di Scienze Matematiche, Fisiche ed Informatiche, Università degli Studi di Parma.
2020 -	Membro del Collegio di Dottorato in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.
2020 - 2021	Membro del Consiglio di Dipartimento – Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2015 - 2021 Membro del Collegio didattico del Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

## **Attività didattica**

---

2023 Professore del corso di Dottorato "A practical interdisciplinary PhD course on exploratory data analysis", Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2023 Professore del corso di Dottorato "Informational Genomics: information content of genomes and its divergence from randomness", Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2022 - Professore del corso di Laboratorio di intelligenza artificiale, 6CFU, CdLM in Scienze Informatiche, Dipartimento di scienze matematiche, fisiche e informatiche, Università degli Studi di Parma.

2021 - Professore del corso di Algoritmi per l'intelligenza artificiale, 6CFU, CdLM in Scienze Informatiche, Dipartimento di scienze matematiche, fisiche e informatiche, Università degli Studi di Parma.

2021 - Professore del corso di Algoritmi e strutture dati, 9CFU, CdL in Informatica, Dipartimento di scienze matematiche, fisiche e informatiche, Università degli Studi di Parma.

2021 Professore del corso di Dottorato "A practical interdisciplinary PhD course on exploratory data analysis", Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2021 Professore del corso di Dottorato "Informational Genomics: information content of genomes and its divergence from randomness", Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2020 - 2021 Professore del corso di Modelli Biologici Discreti, 6 CFU, CdL in Bioinformatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2020 Professore del corso di Dottorato "Informational Genomics: information content of genomes and its divergence from randomness", Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2019 – 2020 Professore del corso di Modelli Biologici Discreti, 6 CFU, CdL in Bioinformatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2018 – 2019 Professore a contratto, corso di Modelli Biologici Discreti, 6 CFU, CdL in Bioinformatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2018 - 2019 Vincitore rinunciatario: professore a contratto, corso di Linguaggio Programmazione C, 2 CFU, CdL in Matematica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2017- 2018 Professore a contratto, corso di Laboratorio di Programmazione I, 4 CFU, CdL in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2016 - 2017 Professore a contratto, corso di Laboratorio di Programmazione I, 4 CFU, CdL in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2015 - 2016 Professore a contratto, corso di Laboratorio di Programmazione I, 4 CFU, CdL in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

2014 - 2015 Professore a contratto, corso di Laboratorio di Programmazione I, 4 CFU, CdL in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi Verona.

### **Attività di assistenza alla didattica**

---

2019 Hands-on: multi-omics data integration by systems biology (Cytoscape). Advanced school "Bioinformatics tools for mass spectrometry-based omic data: from pathways reconstruction to multi-omic data integration". 2 Luglio 2019, Verona, Italia.

2019 - 2020 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Programming laboratory for bioinformatics, CdL in Medical Bioinformatics, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2019 - 2020 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Natural Computing, CdL in in Bioinformatics and Medical Biotechnologies, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2018 - 2019 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Programming laboratory for bioinformatics, CdL in Medical Bioinformatics, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2018 - 2019 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Natural Computing, CdL in in Bioinformatics and Medical Biotechnologies, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2018 Ciclo di lezioni per "Introduzione alla bioinformatica e informatica biomedicale". CdL in Ingegneria Informatica, Facoltà di Ingegneria e Architettura, Università degli Studi di Enna Kore.

2017 - 2018 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Programming laboratory for bioinformatics, CdL in Medical Bioinformatics, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2017 - 2018 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Natural Computing, CdL in in Bioinformatics and Medical Biotechnologies, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2016 - 2017 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Programming laboratory for bioinformatics, CdL in in Bioinformatics and Medical Biotechnologies, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

2015 - 2016 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Modelli di calcolo naturale, CdL in Bioinformatica e Biotecnologie mediche, Dipartimento di Biotecnologie, Università degli Studi di Verona.

2014 - 2015 Ciclo di lezioni e gestione progetti, corso di Modelli di calcolo naturale, CdL in Bioinformatica e Biotecnologie mediche, Dipartimento di Biotecnologie, Università degli Studi di Verona.

2013 - 2014 Tutor di laboratorio. Algoritmi per la Bioinformatica, CdL in Bioinformatica e Biotecnologie mediche, Dipartimento di Biotecnologie, Università degli Studi di Verona.

2013 - 2014 Tutor di laboratorio. Laboratori di Programmazione I, CdL in Bioinformatica e Biotecnologie mediche, Dipartimento di Biotecnologie, Università degli Studi di Verona.

2012 – 2013	Tutor di laboratorio. Corso di Programmazione con laboratorio, CdL in Matematica Applicata, Dipartimento di Informatica, Università di Verona.
2012 – 2013	Tutor di laboratorio. Corso di Algoritmi, CdL in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università di Verona.
Dal 2010	Correlatore di tesi triennali, magistrali e specialistiche in Bioinformatica, Teoria dei grafi, Calcolo parallelo.

## Terza missione

---

Vengono indicate le attività che riguardano la terza missione della Università, ovvero e l'insieme delle attività con le quali le università entrano in interazione diretta con la società, affiancando le missioni tradizionali di didattica e di ricerca.

2023	Organizzatore dell'evento divulgativo "Sfida l'algoritmo" all'interno della "Notte europea delle ricercatrici e dei ricercatori". 29 Settembre 2023, Parma.
2023	Relatore. Computer Science Day. Università degli Studi di Parma. 9 Maggio 2023.
2022	Organizzatore dell'evento divulgativo "Sfida l'algoritmo" all'interno della "Notte europea delle ricercatrici e dei ricercatori". 30 Settembre 2023, Parma.
2022	Intervento dal titolo "Caratterizzazione di sequenze casuali" alla giornata mondiale del Pi greco day tenuta all'Università di Parma. 11 Marzo 2022, Parma.
2022	Presentazione del Corso di Laurea Triennale in Informatica della Università degli Studi di Parma, durante la giornata Open Days presso ISIS San Secondo (Parma). 17 Novembre 2022.
2021	Relatore all'evento "How to choose a PhD" organizzato da ISCB-Italia. 10 novembre 2021. Online.
2021	Giurato per il progetto Premio Scuola Digitale (MIR) della Provincia di Verona. 15 Aprile 2021, Verona.
2020	Intervento dal titolo "Bioinformatica: il coding della vita" alla giornata di premiazione del Premio Scuola Digitale (MIUR) della Provincia di Verona. 20 Febbraio 2020, Verona.
2020	Giurato per il progetto Premio Scuola Digitale (MIUR) della Provincia di Verona. 20 Febbraio 2020, Verona.
2020	Presentazione dei Corsi di Laurea in Bioinformatica e Medical Bioinformatics all'evento formativo Open Day offerto dall'Università degli Studi di Verona. 21 Gennaio 2020, Verona.

## Pubblicazioni scientifiche

---

Riviste	[R27] Avesani, S., Viesi, E., Alessandri, L., Motterle, G., Bonnici, V., Beccuti, M., Calogero, R. and Giugno, R. Stardust: improving spatial transcriptomics data analysis through space aware modularity optimization based clustering. GigaScience, Volume 11, 2022, giac075, <a href="https://doi.org/10.1093/gigascience/giac075">https://doi.org/10.1093/gigascience/giac075</a>
	[R26] Bonnici V, Cicceri G, Distefano S, Galletta L, Polignano M, Scaffidi C. Covid19/IT the digital side of Covid19: A picture from Italy with clustering and taxonomy. PloS one. 2022 Jun 9;17(6):e0269687.

- [R25] Bonnici, V. Giugno, R.  
PANPROVA: PANgenomic PROkaryotic eVolution of full Assemblies.  
Bioinformatics. 2022. 10.1093/bioinformatics/btac158
- [R24] Aparo, A., Sala P., Bonnici V., Giugno R.  
TEDAR: Temporal dynamic signal detection of adverse reactions  
Artificial Intelligence in Medicine Volume 122, Dicembre 2021, 102212.  
doi.org/10.1016/j.artmed.2021.102212
- [R23] Tognon, M., Bonnici, V., Garrison, E., Giugno, R., Pinello, L.  
GRAFIMO: variant and haplotype aware motif scanning on pangenome graphs.  
PLOS computational biology. 2021
- [R22] Bonnici, V., Franco, G., Manca, V.  
Spectral concepts in genome informational analysis.  
Theoretical Computer Science. 2021, <https://doi.org/10.1016/j.tcs.2021.06.039>
- [R21] Bonnici, V., Cicceri, G., Distefano, S., Galletta, L., Polignano, M. and Scaffidi, C..  
IT-Covid19-IT: la risposta della comunità informatica italiana alla pandemia. Mondo  
Digitale, p.2, 2021
- [R20] Licheri, N., Bonnici, V., Beccuti, M. and Giugno, R.  
GRAPES-DD: exploiting decision diagrams for index-driven search in biological graph  
databases.  
BMC bioinformatics, 22(1), pp.1-24, 2021
- [R19] Bonnici V., Maresi M., Giugno R.  
Challenges in gene-oriented approaches for pangenome content discovery.  
Briefings in Bioinformatics, 1-11, 09-2020. doi: 10.1093/bib/bbaa198
- [R18] Aparo A., Bonnici V., Micale G., Ferro E., Shasha D., Pulvirenti A., Giugno R.  
Fast Subgraph Matching Strategies based on Pattern-only Heuristics  
Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences, 11(1), 21-32, 2019. doi:  
10.1007/s12539-019-00323-0.
- [R17] Bonnici, V., Manca, V.  
An informational test for random finite strings.  
Entropy, 20(12), 934 (2019). doi:10.3390/e20120934
- [R16] Bonnici V., Giugno R., Manca V.  
PanDelos: a dictionary-based method for pan-genome content discovery.  
BMC Bioinformatics 19 (15), 48-59. (2019). doi:10.1186/s12859-018-2417-6
- [R15] Bonnici, V., De Caro, G., Constantino, G., Liuni, S., D'Elia, D., Bombieri, N.,  
Licciulli, F., Giugno, R.  
Arena-Idb: a platform to build human non-coding RNA interaction networks  
BMC bioinformatics 19.10 (2018): 231. doi: 10.1186/s12859-018-2298-8
- [R14] Bonnici, V., Busato, F., Aldegheri, S., Akhmedov, M., Cascione, L., Carmena,  
A.A., Bertoni, F., Bombieri, N., Kwee, I., Giugno, R.  
cuRnet: an R package for graph traversing on GPU  
BMC bioinformatics 19.10 (2018): 221. doi: 10.1186/s12859-018-2310-3
- [R13] F. Russo, S. Di Bella, F. Vannini, G. Berti, F. Scoyni, H. Cook, A. Santos, G.  
Nigita, V. Bonnici, A. Laganà, F. Geraci, A. Pulvirenti, R. Giugno, F. De Masi, K.  
Belling, L. Jensen, S. Brunak, M. Pellegrini, A. Ferro.  
miRandola 2017: a curated knowledge base of non-invasive biomarkers.  
Nucleic acids research 46, no. D1 (2017): D354-D359. doi: 10.1093/nar/gkx854.
- [R12] V. Bonnici, R. Giugno.  
On the variable ordering in subgraph isomorphism algorithms.

IEEE/ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics. 01/2017.  
doi:10.1109/TCBB.2016.2515595.

[R11] V. Bonnici, V. Manca.  
Informational laws of genome structures.  
Scientific Reports (6), 06/2016. doi:10.1038/srep28840

[R10] V. Bonnici, F. Busato, G. Micale, N. Bombieri, A. Pulvirenti, R. Giugno.  
APPAGATO: an Approximate Parallel and stochastic GrAph querying Tool for  
biological networks.  
Bioinformatics, 04/2016. doi:10.1093/bioinformatics/btw223

[R9] V. Bonnici, V. Manca.  
Recurrence distance distributions in computational genomics.  
American Journal of Bioinformatics and Computational Biology (3), 10/2015.  
doi:10.7726/ajbcb.2015.1002;

[R8] V. Bonnici, V. Manca.  
Infogenomics tools: A computational suite for informational analysis of genomes.  
Journal of Bioinformatics and Proteomics Review (1), 06/2015. doi: 10.15436/2381-  
0793.15.002.

[R7] F. Rinnone, G. Micale, V. Bonnici, G.D. Bader, D. Shasha, A. Ferro, A. Pulvirenti,  
R. Giugno.  
NetMatchStar: an enhanced Cytoscape network querying app.  
F1000Research (4), 11/2015. doi:10.12688/f1000research.6656.2

[R6] S. Alaimo, V. Bonnici, D. Cangemi, A. Ferro, R. Giugno, A. Pulvirenti.  
DTWeb: a web-based application for Drug-Target interaction prediction through  
domaintuned network-based inference .  
BMC System Biology (9), 06/2015. doi:10.1186/1752-0509-9-S3-S4

[R5] V. Bonnici, F. Russo, N. Bombieri, A. Pulvirenti and R. Giugno  
Comprehensive reconstruction and visualization of non-coding regulatory networks in  
human.  
Frontiers in Bioengineering and Biotechnology. - Bioinformatics and Computational  
Biology, 12/2014. doi:10.3389/fbioe.2014.00069

[R4] F. Russo, S. Di Bella, V. Bonnici, A. Laganà, G. Rainaldi, M. Pellegrini, A.  
Pulvirenti, R. Giugno, A. Ferro.  
A knowledge base for the discovery of function, diagnostic potential and drug effects  
on cellular and extracellular miRNAs.  
BMC Genomics (15), 05/2014. doi:10.1186/1471-2164-15-S3-S4  
Impact factor: 3.73; Cite score: 4.08; Quartili: Q1; Citazioni Scopus|GoogleScholar:  
17|23

[R3] V. Bonnici, R. Giugno, A. Pulvirenti, D. Shasha, A. Ferro.  
A subgraph isomorphism algorithm and its application to biochemical data.  
BMC Bioinformatics (14). 04/2013. doi:10.1186/1471-2105-14-S7-S13

[R2] R. Giugno, V. Bonnici, N. Bombieri, A. Pulvirenti, A. Ferro, D. Shasha.  
GRAPES: A Software for Parallel Searching on Biological Graphs Targeting Multi-Core  
Architectures.  
PLoS ONE (8), 10/2013. doi:10.1371/journal.pone.0076911

[R1] V. Bonnici, A. Ferro, R. Giugno, A. Pulvirenti, D. Shasha.  
Enhancing Graph Database Indexing By Suffix Tree Structure.  
Lecture Notes in Computer Science. Volume 6282 LNBI, 2010, Pages 195-203.  
doi.org/10.1007/978-3-642-16001-1\_17

Capitoli di  
libro

[C3] V. Bonnici, A. Cracco, G. Franco  
A k-mer Based Sequence Similarity for Pangenomic Analyses.  
In: Machine Learning, Optimization, and Data Science, 7th International Conference, LOD 2021, Grasmere, UK, October 4–8, 2021, Revised Selected Papers, Part II. DOI: 10.1007/978-3-030-95470-3\_3

[C2] A. Mensi, V. Bonnici, S. Caligola, R. Giugno.  
Construction and Analysis of miRNA Regulatory Networks.  
In: Laganà A. (eds) MicroRNA Target Identification. Methods in Molecular Biology, vol 1970. Humana Press, New York, NY. Print ISBN 978-1-4939-9206-5. Online ISBN 978-1-4939-9207-2. Doi doi.org/10.1007/978-1-4939-9207-2\_9.

[C1] F. Scoyni, V. Bonnici, A. Pulvirenti, R. Giugno.  
Genetic alteration of miRNA affecting cancer pathways.  
In: Cancer and Noncoding RNAs, Translational Epigenetics, Elsevier, 2018.  
ISBN 978-0-12-811022-5. doi: 10.1016/B978-0-12-811022-5.00015-2.

Articoli e  
abstract in  
conferenze

[A29] V. Bonnici, V. Arceri, A. Diana, F. Bertini, E. Neviani, A. Levante, V. Berinini, E. Neviani, A. Dal Palù  
BIOCHAIN: towards a platform for securely sharing microbiological data  
In Proceedings of the 27th International Database Engineered Applications Symposium (IDEAS '23). Association for Computing Machinery, New York, NY, USA, 59–63. <https://doi.org/10.1145/3589462.3589501>

[A28] S. Astorino, V. Bonnici and G. Franco, "An Investigation to Test Spectral Segments as Bacterial Biomarkers". UCNC 2023: 20th International Conference on Unconventional Computation and Natural Computation. March 13 - 17, 2023. University of North Florida, Jacksonville, Florida, USA.

[A27] Avesani S, Viesi e, Alessandri L, Motterle G, Bonnici V, Beccuti M, Calogero R, Giugno R.  
A new space-based method for downstream analysis of spatial transcriptomics data. 18<sup>th</sup> annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 June 2022, Verona, Italy.

[A26] Bonnici V, Mangoni M, Franco G and Giugno R.  
A systematic evaluation of computational tools for gene-oriented pangenome detection in fragmented genomes.  
18<sup>th</sup> annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 June 2022, Verona, Italy.

[A25] Astorino A, Bonnici V, Franco G.  
Spectral segments as bacterial biomarkers.  
18<sup>th</sup> annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 June 2022, Verona, Italy.

[A24] Bonnici V, Arceri V, Bertini F, Iotti E, Dal Palù A.  
BIOCHAIN-AI: a platform for securely sharing and analysing microbiological data.  
18<sup>th</sup> annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 June 2022, Verona, Italy.

[A23] Licheri, N., Amparore, E., Bonnici, V., Giugno, R., & Beccuti, M.  
An entropy heuristic to optimize decision diagrams for index-driven search in biological graph databases.  
Proceedings of the CIKM 2021 Workshops co-located with 30th ACM International Conference on Information and Knowledge Management (CIKM 2021). Gold Coast, Queensland, Australia, November 1-5, 2021.

[A22] M. Tognon, V. Bonnici, E. Garrison, R. Giugno and L. Pinello.  
Variant and haplotype aware motif scanning on genome variation graphs.  
RECOMB 2021. 25th international conference on research in computational molecular biology. Aug 29 – sep 1- 2021. online.



- [A21] Bonnici V., Motterle G., Franco G., Giugno R.  
A methodology for capturing pangenomic content among incomplete genomes.  
Annual meeting of the Bioinformatics Italian Society,  
1-2 Luglio 2021, online.
- [A20] Tognon M., Bonnici V., Garrison E., Giugno R., Pinello L.  
GRAFIMO: variant and haplotype aware motif scanning on pangenome graphs.  
Annual meeting of the Bioinformatics Italian Society,  
1-2 Luglio 2021, online.
- [A19] Motterle G., Alessandri L., Viesi E., Bonnici V., Cordero F., Beccuti M., Calogero R. and Rosalba G.  
Stardust: spatial tranScripTomics data analysis through space awARe modularity optimization baseD clUSTering.  
Annual meeting of the Bioinformatics Italian Society,  
1-2 Luglio 2021, online.
- [A18] Bonnici V.  
A maximum value for the the Kullback-Leibler divergence.  
IEEE International Symposium on Information Theory  
12-20 July 2021, online.
- [A17] Licheri N., Bonnici V., Beccuti M., Giugno R.  
Decision diagrams-based indexing for searching in biomedical graphs.  
WEPA 2020 - Fourth International Workshop on Enumeration Problems and Applications. Online.
- [A16] Bonnici V., Caligola S, Fiorini G., Giudice L., Giugno R.  
LERNet: characterization of lncRNAs via context-aware network expansion and enrichment analysis.  
16th IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology 9-11 Luglio 2019. Certosa di Pontignano, Siena, Italia. Doi: 10.1109/CIBCB.2019.8791487
- [A15] Bombieri N., Bonnici V., Giugno R.  
Parallel Searching on Biological Networks.  
Euromicro International Conference on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing PDP2019. Pavia Febbraio 13-15, 2019, pp. 1-12.
- [A14] Bonnici V., Giugno R., Bombieri N.  
An Efficient Implementation of a Subgraph Isomorphism Algorithm for GPUs.  
2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), Madrid, Spagna, Dicembre 3-6, 2018, pp. 2674-2681.  
doi:10.1109/BIBM.2018.8621444
- [A13] A. Aparo, V. Bonnici, G. Micale, A. Ferro, D. Shasha, A. Pulvirenti, R. Giugno.  
Simple Pattern-only Heuristics Lead To Fast Subgraph Matching Strategies on Very Large Networks.  
PACBB'18: 12th International Conference on Practical Applications of Computational Biology & Bioinformatics. Toledo (Spain). 20-22 Giugno, 2018. doi: 10.1007/978-3-319-98702-6\_16
- [A12] Bonnici V., Caligola S., Aparo A., Giugno R.  
Centrality Speeds the Subgraph Isomorphism Search Up in Target Aware Contexts.  
In Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics. CIBB 2018. 5-8 Settembre 2018, Caparica, Portogallo. Lecture Notes in Computer Science, vol 11925. Springer, Cham. Dpi: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-34585-3\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-030-34585-3_3).
- [A11] F. Scoyni, T.B. Hansen, R. Giugno, V. Bonnici, G. Fiorini, A. Simonelli, L. Cheng, A. Hill, H. de Vries, K. Kanninen, J. Kjems, T. Malm.  
Deregulated expression of Cirs-7 circular RNA in transgenic Alzheimer disease mouse model.

The non-coding Genome, EMBO\EMBL Conference, EMBL. Settembre 13 – 16, 2017, Heidelberg, Germany.

[A10] V. Bonnici, F. Busati, M. Akhmedov, S. Caligola, L. Cascione, R. Montemanni, F. Fummi, F. Bertoni, N. Bombieri, I. Kwee, R. Giugno.

cuRnet: an R package for the single-source shortest paths analysis on GPUs.

Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2017. Luglio 5-7, 2017, Cagliari, Italia.

[A9] V. Bonnici, G. De Caro, S. Luini, D. D'Elia, N. Bombieri, R. Giugno, F. Liciuli. Human non-coding RNA networks construction and interpretation.

Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2017. Luglio 5-7, 2017, Cagliari, Italia.

[A8] V. Bonnici, G. De Caro, S. Luini, D. D'Elia, N. Bombieri, R. Giugno, F. Liciuli. Database of human non-coding RNA interactions.

Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2016. Giugno 15-17, 2016, Salerno, Italia.

[A7] V. Bonnici, G. Franco, N. Bombieri, R. Giugno.

A scoring methodology for an integrated network of non-coding RNAs and genetic diseases.

Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2015. Giugno 3-5, 2015, Milano, Italia.

[A6] F. Russo, S. Di Bella, V. Bonnici, A. Laganà, R. D'Aurizio, M. Pellegrini, A. Pulvirenti, R. Giugno, A. Ferro.

Biological network annotation tool with cellular and extracellular miRNA data.

10th Annual Network Biology Symposium & Cytoscape Workshop, Institut Pasteur, Ottobre 10, 2013, Parigi, Francia.

[A5] S. Di Bella, F. Russo, V. Bonnici, A. Pulvirenti, R. Giugno, A. Ferro.

Cellular and extracellular microRNAs: a systematic comparison of expression profiles and the role of drugs in circulating miRNA levels.

Bioinformatics Italian Society (BITS) Annual Meeting 2013. Maggio 21-23, 2013, Trieste, Italy.

[A4] Pulvirenti A, Giugno R, Di Bella S, Nigita G, Macca V, Giummarra A, Garofalo D, Caruso G, Bonnici V, Ferro A.

An integrated system for mining relations among microRNAs, drugs and phenotypes. EMBNET NEWS, vol. 18, ISSN: 2226-6089. 2012.

[A3] Bonnici V, Giugno R, Pulvirenti A, Shasha D, Ferro A.

Core algorithms to search in biological structured data .

EMBNET NEWS, vol. 18, ISSN: 2226-6089. 2012.

[A2] V. Bonnici, A. Ferro, R. Giugno, A. Pulvirenti, D. Shasha.

RelaxGrep: approximate graph searching by query relaxation.

Proceeding on 5th IAPR International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatic. Lecture Notes in Bioinformatics, Springer. 22-24 Settembre 2010, Nijmegen, Olanda. 2010.

[A1] V. Bonnici, A. Ferro, R. Giugno, A. Pulvirenti, D. Shasha.

Enhancing Graph Database Indexing By Suffix Tree Structure.

Proceeding on 5th IAPR International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatic Lecture Notes in Bioinformatics, Springer. 22-24 Settembre 2010, Nijmegen, Olanda. 2010.

## **Prodotti informatici a supporto della ricerca**

---

Software e piattaforme informatiche e bioinformatiche rilasciate ed attualmente in mantenimento. Viene riportata la data ufficiale di rilascio.

- Dal 2022 PANPROVA: PANgenomic PROkaryotic eVolution of full Assemblies.  
Una metodologia per simulare l'evoluzione di popolazioni di batteri che rispecchiano delle caratteristiche pangenomiche.  
<https://github.com/InfOmics/PANPROVA>
- Dal 2021 PanDelos-fragments  
Software per la ricerca del contenuto pangenomico in collezioni di genomi batterici completi e non.  
<https://github.com/InfOmics/PanDelos-fragments>
- Dal 2021 PanDelos-Ord  
Software parallelo per la ricerca del contenuto pangenomico in collezioni di geni.  
<https://github.com/vbonnici/PanDelos>
- Dal 2019 LERNet  
Pacchetto R per la caratterizzazione di lncRNA tramite analisi del network estratto dal loro contesto genomico e di sistema.  
<https://github.com/InfOmics/LErNet>
- Dal 2019 GRASS  
Un algoritmo parallelo per la ricerca di sottografi. Implementazione in C++/CUDA per architetture GP-GPU.  
<https://github.com/InfOmics/GRASS>
- Dal 2018 PanDelos  
Software per la ricerca del contenuto pangenomico in collezioni di geni.  
<https://github.com/InfOmics/PanDelos>
- Dal 2018 Arena-Idb  
Integrazione e visualizzazione di reti biologiche incentrate sui non-coding RNA in Homo sapiens.  
<http://arenaidb.ba.itb.cnr.it>
- Dal 2018 cuRnet  
una piattaforma per architetture GP-GPU per l'analisi dei grafi accessibile da R.  
<https://bitbucket.org/curnet/>
- Dal 2015 InfoGenomicsTools  
Una suite di strumenti per l'analisi informazionale di sequenze genomiche sviluppata in Java. La suite comprende un framework di base con algoritmi e strutture dati efficienti per l'analisi di sequenze genomiche, una interfaccia da linea di comando ed una interfaccia grafica.  
<https://bitbucket.org/infogenomics/igtools>
- Dal 2015 NetMatchStar  
Un plug-in Cytoscape 3.0 per la ricerca di sottostrutture in grafi biologici ed il calcolo della loro significanza statistica. Sviluppato in Java.  
<http://alpha.dmi.unict.it/netmatchstar/netmatchstar.html>  
<http://apps.cytoscape.org/apps/netmatchstar>
- Dal 2015 APPAGATO  
Un tool GP-GPU (General-Purpose computing on Graphics Processing Units) per la ricerca approssimata e stocastica in reti biologiche, sviluppato in C++ e CUDA (Compute Unified Device Architecture) di NVIDIA.  
<http://profs.scienze.univr.it/~bombieri/APPAGATO/>
- Dal 2014 ncRNA-DB e ncINetView

Integrazione e visualizzazione di reti di regolazione incentrate sui non-coding RNA (ncRNA) in Homo sapiens. Il pacchetto comprende un database di interazioni di ncRNA più API (Application Programming Interface), tool da linea di comando e un plug-in Cytoscape 3.0 (ncINetView) per accedervi. La piattaforma è basata sul DBMS (DataBase management Systems) NoSQL OrientDB, I vari tool sono sviluppati in Java.

<http://ncrnadb.scienze.univr.it/ncrnadb/>

- Dal 2013      GRAPES  
Un sistema parallelo SMP (Symmetric MultiProcessing) per la ricerca efficiente in database di grafi e grafi di grandi dimensioni. Il tool è sviluppato in C++ e POSIX Threads.  
<https://github.com/InfOmics/GRAPES>
- Dal 2013      Integrazione di RI e RI-DS nel framework di analisi di grafi SNAP (Stanford Network Analysis Platform) della Università di Stanford, California (USA).  
[https://github.com/snap-stanford/snap/tree/master/contrib/unict\\_univr-risnap](https://github.com/snap-stanford/snap/tree/master/contrib/unict_univr-risnap)
- Dal 2013      RI e RI-DS  
Algoritmi efficienti per la ricerca di sottostrutture all'interno di grafi.  
<https://github.com/InfOmics/RI>  
<https://github.com/InfOmics/RI-DS>
- Dal 2010      GraphGrepSX.  
Indicizzazione e ricerca all'interno di database di grafi.  
<https://github.com/InfOmics/GraphGrepSX>  
<https://github.com/InfOmics/GraphGrepSXIE>

## Certificazioni e corsi

---

- Certificazioni      Certificato Coursera, licenza 3GNSZ2SZHE.  
"Introduction to Genomic Technologies".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza XUC26F9JVR.  
"Genomic Data Science with Galaxy".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza 99DMDSX7GW.  
"Python for Genomic Data Science".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza 7VPYH25FVZ.  
"Command Line Tools for Genomic Data Science".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza Y2ZVWV6P3Q.  
"Algorithms for DNA Sequencing".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza A8HBDUXY7P.  
"Bioconductor for Genomic Data Science".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.
- Certificato Coursera, licenza F32S87FD9S.  
"Statistics for Genomic Data Science".  
Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.

Summer school	<p>Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. "Computational Genomics and Personalized Medicine". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2014.</p> <p>Summer school in Computational Social Science. "Modelling Spatio-Temporal Reasoning in Complex Social Systems". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2014.</p> <p>Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. "Computational Network Biology". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.</p> <p>Summer school in Computational Social Science. "Big data". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.</p> <p>Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. "Computational Network Biology". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.</p> <p>Summer school in Computational Complex Systems. "Dynamic Network and Social Behaviour". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2012.</p> <p>Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. "Pharmacogenomics". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2012.</p> <p>Summer school in Computational Complex Systems. "Data mining and modelling of complex techno-socio-economic systems". J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2012.</p>
Altri corsi	<p>Corso: Research Project Writing "Absolute Beginners". Università degli Studi di Verona, 11-25 Giugno 2019.</p> <p>Convegno: "Dall'esoma per tutti al genoma di tutti". 19 Aprile 2017. Università degli studi di Verona.</p> <p>Giornata formativa: "La gestione dei diritti: il diritto d'autore nel mondo analogico, digitale e in quello Open Access". 1 Febbraio 2013. Scuola di dottorato in Scienze Umane e Filosofia, Università degli Studi di Verona.</p> <p>Corso di dottorato: "Mixed-effects models: Fondamenti teorici e applicazioni in R". Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina, Università degli Studi di Verona. 2013.</p> <p>Corso di dottorato: "A formal framework for processes inspired by the functioning of living cells". Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina, Università degli Studi di Verona. 2012.</p> <p>Corso di dottorato: "Algorithmic Graph Theory" Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina, Università degli Studi di Verona. 2012.</p> <p>Corso di formazione: "Next generation sequencing data analysis with Chipster". CSC – IT center for science LTD. Espoo (Finland). 2012.</p>

## **Esperienza lavorativa**

---

- 2013 – 2014 Translation reviewer per il progetto “Italian MSDN Translation Wiki”.  
Datore di lavoro: Dynamic Contract Solutions, 6A Partnership Court, Park Street, DUNDALK, Co. Louth Ireland. Cliente: Microsoft.
- 2012 Translation reviewer per il progetto “Italian MSDN Translation Wiki”.  
Datore di lavoro: Dynamic Contract Solutions, 6A Partnership Court, Park Street, DUNDALK, Co. Louth Ireland. Cliente: Microsoft.
- 2010 – 2012 Consulenza esterna per la progettazione e lo sviluppo di software in ambiente distribuito presso Network Consulting Engineering s.r.l. Via Etna n. 52, 95028 Valverde (CT).  
Gestione, codifica e decodifica di flussi audio/video.  
Creazione e studio di usabilità di interfacce utente in ambiente Eclipse RCP.  
Analisi e data mining di dati eterogenei.  
Progettazione e sviluppo dello strato di persistenza dei dati.  
Gestione della sicurezza e implementazione del sistema dei permessi.
- 2010 Progettazione e sviluppo di una applicazione in Java per il document storage ed il search engineering basata sul progetto Apache Lucene.  
Realizzazione interfaccia utente in Java e moduli per l'interfacciamento web con Joomla 1.5 ed 1.6.  
Committente: Network Consulting Engineering s.r.l. Via Etna n. 52, 95028 Valverde (CT).

## Competenze tecniche

Linguaggi conosciuti	C (ottimo), C++ (ottimo), Bash scripting (ottimo), Java SE (ottimo), R (ottimo), Python (ottimo), Matlab (ottimo), Latex (ottimo), XML (ottimo), XSLT (ottimo), JavaScript (ottimo), XHTML (ottimo), HTML (ottimo), CSS (buono), PHP (ottimo), JSP (buono), PERL (buono), TCL (buono), Modula2 (buono), CUDA (buono), OpenCL (buono).
Ambienti di sviluppo	Eclipse, Visual Studio, NetBeans, QT-creator.
Sistemi operativi	Windows, Linux, Unix, BSD, MAC OSX.
Basi di dati	MySQL, IBM DB2, Oracle, PostgreSQL, OrientDB, Neo4J.
Framework e strumenti di sviluppo	UML, Latex, CVS, Ant, Maven, Eclipse SDK, OSGi, Apache Web Server, Java EE, Apache Tomcat, JBoss, Intel CUDA, OpenCL, OpenCV, Apache Hibernate, Apache Lucene, Apache Solr, Apache Tika, SWING, SWT, JFace, Joomla, JQuery, TinkerPop.
Strumenti creativi	Pacchetto Microsoft Office, Adobe CS, Gimp, Inkscape.
Framework ed applicativi bioinformatici	FASTX-Toolkit, SAM-tools, Picard-tools, BEDtools, Bioconductor, bioPython, bioPerl, BALL (Biochemical Algorithms Library), BWA, Bowtie2, NovoAlign, SOAP, Masai, TopHat, Control-FreeC, TakeABreak, BreakDancer, OncoScan, ShatterProf, BLAST, HMMER, GATB, GATK, SeqAn, Galaxy, Cytoscape.

Il sottoscritto autorizza il trattamento dei dati personali contenuti nel mio curriculum in base all'art. 13 del D. Lgs. 196/2003 e dell'art. 13 GDPR (Regolamento UE 2016/679) ai fini della ricerca e selezione del personale e successive modifiche.

**Autorizzo il trattamento dei dati personali contenuti nel mio curriculum vitae in base art. 13 del D. Lgs. 196/2003 e dell'art. 13 GDPR (Regolamento UE 2016/679) ai fini della ricerca e selezione del personale e successive modifiche.**

Il sottoscritto dichiara che ogni informazione contenuta nel presente curriculum corrisponde al vero ai sensi degli artt. 46 e 47 del D.P.R. 445/2000.

In fede

Parma, 21 Novembre 2023