

Curriculum Vitae et Studiorum
di
Vincenzo Bonnici

Dati personali

Telefono	+39 045 802 7048
Email	vincenzo.bonnici@univr.it
URL	www.di.univr.it/~bonnici
ORCID	orcid.org/0000-0002-1637-7545

Abilitazione Scientifica Nazionale per Professore Associato, settore 01/B1, valida dal 29/04/2021 al 29/04/2030

Posizione attuale

dal 2019	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.
2020	Docente del corso di Modelli Biologici Discreti, 6 CFU, CdL in Bioinformatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi 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. [R18,R12,R10,R7,R3,R2,R1,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. [R19,R17,R16,R11,R9,R8,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 dell'analisi di dati NGS, sia genomici che trascrittomici, per la rilevazione di varianti strutturali volta alla diagnosi biomedicale nel contesto della medicina di precisione. [R15,R13,R6,R5,R4,C2,C1,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 Modelli Biologici Discreti di 6 CFU del CdL in Bioinformatica. Dal 2014 al 2018 sono stato professore a contratto del corso di Laboratorio di Programmazione I del C.d.L. in Informatica. Dal 2015 sono membro del Collegio di didattica del Dipartimento di Informatica, e dal 2020 sono membro del Collegio di Dottorato in</p>

Incarichi di ricerca

-
- | | |
|-------------|--|
| 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 die progetti a cui il candidato a partecipato con mansioni attinenti alla ricerca e allo sviluppo.

- | | |
|------|---|
| 2020 | 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 | Responsabilità scientifica. 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 | 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 | 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 | 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. 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 parallelo.
- Prof. Soren Brunak, University of Copenhagen, Danimarca MicroRNA e reti eterogenee per la rappresentazione di sistemi biologici.
- Gruppo di Bioinformatica, 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 sperimentalni. 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

- 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 16th 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

GRIN: GRuppo di INformatica
Junior Member – IEEE Computer Society Technical Committee on Computational Life Sciences (TCCLS)
BITS (Bioinformatics Italian Society)
GNCS (Gruppo Nazionale per il Calcolo Scientifico) – IndAM
InfoLife Laboratory – CINI (Consorzio Interuniversitario Nazionale per l'Informatica)
Laboratorio InfOmics, Università degli Studi di Verona.

Organizzazione convegni di carattere scientifico

- 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.
- 2018-2019 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

- 2021- Membro del comitato editoriale della rivista “Healthcare Analytics”, ISSN 2772-4425, ELSEVIER.
- 2020-2022 Membro del comitato editoriale della rivista “Computational Biology and Bioinformatics (CBB)”, ISSN print 2330-8256, ISSN online 2330-8281, Science Publishing Group.
- 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 Bioinformatics, Oxford Academic BMC Bioinformatics, Springer Nature Briefings in Bioinformatics, Oxford University Press Computational and Structural Biotechnology Journal, Elsevier DATABASE, Oxford University Press Data Mining and Knowledge Discovery, Springer Discrete Applied Mathematics, Elsevier Evolutionary Bioinformatics, SAGE 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 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 Computational Science, Elsevier Journal of Theoretical Biology, Elsevier Knowledge and Information Systems, Springer Pattern Recognition, Elsevier PLOS ONE, Public Library of Science Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, IEEE/ACM Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine
Conferenze	The Sixth International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science – July 19-23, 2020 – Certosa di Pontignano, Siena – Tuscany, Italy An Interdisciplinary Conference: Machine Learning, Optimization, Big Data & Artificial Intelligence without Borders.

Organi collegiali

Dal 2020	Membro del Collegio di Dottorato in Informatica, Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.
Dal 2015	Membro del Collegio didattico del Dipartimento di Informatica, Università degli Studi di Verona.

Attività didattica

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 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 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 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 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.

2021	Giurato per il progetto Premio Scuola Digitale (MIR) della Provincia di Verona. 15 Aprile 2020, 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 Non vengono visualizzate le metriche bibliografiche e numero di citazioni relativamente alle riviste scientifiche di recente fondazione e/o non indicizzate in uno specifico sistema di indicizzazione.

- [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.,
Lacciulli, 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. Scogni, 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 domain-tuned 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; Quartile: 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

[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. Scogni, 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

[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 Febbrario 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.
InComputational 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.

[A11] F. Scovini, 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 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 di 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

	<p>Una suite di strumenti per l'analisi informazionale id 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</p>
Dal 2015	<p>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</p>
Dal 2015	<p>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/</p>
Dal 2014	<p>ncRNA-DB e ncNetView 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 (ncNetView) 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/</p>
Dal 2013	<p>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</p>
Dal 2013	<p>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</p>
Dal 2013	<p>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</p>
Dal 2010	<p>GraphGrepSX. Indicizzazione e ricerca all'interno di database di grafi. https://github.com/InfOmics/GraphGrepSX https://github.com/InfOmics/GraphGrepSXIE</p>

Certificazioni e corsi

Certificazioni	<p>Certificato Coursera, licenza 3GNSZ2SZHE. “Introduction to Genomic Technologies”. Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.</p> <p>Certificato Coursera, licenza XUC26F9JVR. “Genomic Data Science with Galaxy”. Fornito da Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University. 2015.</p> <p>Certificato Coursera, licenza 99DMDSX7GW. “Python for Genomic Data Science”.</p>
----------------	--

	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 Y2ZVVW6P3Q. “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	Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. “Computational Genomics and Personalized Medicine”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2014.
	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.
	Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. “Computational Network Biology”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.
	Summer school in Computational Social Science. “Big data”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.
	Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. “Computational Network Biology”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2013.
	Summer school in Computational Complex Systems. “Dynamic Network and Social Behaviour”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2012.
	Summer school in Bioinformatics and Computational Biology. “Pharmacogenomics”. J.T. Schwartz International School for Scientific Research. Lipari (Italy), 2012.
	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.
Altri corsi	Corso: Research Project Writing “Absolute Beginners”. Università degli Studi di Verona, 11-25 Giugno 2019.
	Convegno: “Dall'esoma per tutti al genoma di tutti”. 19 Aprile 2017. Università degli studi di Verona.
	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.
	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.

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.

Corso di dottorato: "Algorithmic Graph Theory"

Scuola di Dottorato di Scienze Ingegneria Medicina, Università degli Studi di Verona.
2012.

Corso di formazione: "Next generation sequencing data analysis with Chipster".
CSC – IT center for science LTD. Espoo (Finland). 2012.

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 Etnea 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 Etnea 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.

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

Verona, 5 Maggio 2021