

CURRICULUM DELL'ATTIVITA' SCIENTIFICA E DIDATTICA

Rosalba Giugno

Dipartimento di Informatica

Viale le Grazie 15, 37134, Verona

+393287061092

rosalba.giugno@univr.it

<https://infomics.github.io/InfOmics/>

<https://orcid.org/0000-0001-9843-7638>

date: 18 Marzo 2026

Breve introduzione

Rosalba Giugno (RG) è Professore Ordinario in Informatica presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Verona.

Si è laureata in Scienze dell'Informazione presso l'Università di Catania nel 1998 con votazione 110/110 e lode, presentando una tesi svolta presso la Cornell University (Prof. Ronitt Rubinfeld) sul controllo e correzione di programmi secondo la teoria probabilistica di Manuel Blum. Ha ottenuto il Ph.D. in Informatica presso l'Università di Catania nel 2003. Per la stesura della tesi di dottorato ha trascorso tre anni di ricerca all'estero presso l'Università del Maryland lavorando con il Prof. VS Subrahmanian su un modello di basi di dati temporali e probabilistici e presso la New York University con il Prof. Dennis Shasha su un modello di basi di dati a grafo. Dal 2003 al 2016 è stata postdoc e ricercatrice presso l'Università di Catania. Nel 2016 diventa Professore Associato in informatica presso l'Università di Verona.

Dal 2016 è referente del Corso di Laurea Magistrale in Medical Bioinformatics presso l'Università di Verona. Ha fondato e dirige il laboratorio di Bioinformatica InfOmics (<https://infomics.github.io/InfOmics/>).

E' stata relatrice di 38 studenti della Laurea Magistrale in Medical Bioinformatics e tutor di 10 studenti di Dottorato in Informatica. Ha diretto dal 2016 al 2022 il laboratorio nazionale CINI di Bioinformatica InfoLife.

Ha una solida e attiva rete di collaborazioni nazionali e internazionali (con colleghi/e delle Università di Verona e Catania, Harvard Medical School, New York University, e Eastern Finland University) per attività di ricerca legate allo

sviluppo di nuove metodologie per l'analisi di dati genomici e trascrittomici da sequenziamento bulk, a singola cellula e spaziale, nello sviluppo di nuove metodologie basate sull'intelligenza artificiale per la stratificazione dei pazienti, la classificazione delle malattie, la predizione del targeting dei farmaci e il loro riutilizzo, la modellazione dei sistemi biologici, e l'analisi di reti biologiche tramite algoritmi esatti e approssimati di graph matching.

E' autrice di più di 150 pubblicazioni, di cui più di 100 in riviste scientifiche quali Nature Genetics, Bioinformatics, Nucleic Acids Research, Database, Information Systems, IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Proceeding of the ACM Symposium on Principles of Database Systems (PODS), e IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics. Nel 2014 ha ricevuto dall'International Association of Pattern Recognition un riconoscimento per la progettazione dell' algoritmo più efficiente per la ricerca in grafi. I software sviluppati hanno un considerevole impatto tecnologico, dimostrato dall'interesse di aziende come Astrazeneca per l'acquisto delle licenze.

Considerando le attività svolte dal 2016, è stata invited speaker in diversi eventi e presso centri di ricerca internazionali tra cui l'Institute of Oncology Research di Bellinzona. Ha ottenuto oltre 10 finanziamenti per progetti di ricerca da bandi competitivi nazionali e internazionali, tra cui 2 progetti Europei nell'ambito della medicina personalizzata, lo studio delle malattie neurodegenerative e l'influenza ambientale nella salute degli individui. E' editor dell'area Bioinformatica di diverse riviste tra cui Information Systems (Elsevier), ed è attiva nell'organizzazione e nella partecipazione a scuole di dottorato e conferenze internazionali come IEEE International Conference on Data Mining.

Posizioni accademiche

- **Ricercatore in Informatica (SSD: INF/01)**
Dipartimento di Informatica, Università di Catania.

2006-2016
- **Professore associato in Informatica (SSD: INF/01)**
Dipartimento di Informatica, Università di Verona.

dal 2016
- **Professore ordinario in Informatica (SSD: INF/01)**
Dipartimento di Informatica, Università di Verona.

dal 2023

Istruzione e formazione

- **Laurea in Scienze dell'Informazione**
Università di Catania
Voto: 110/110 e lode, Tesi Argomento: Correzione e controllo dei programmi

1998

secondo la teoria di M. Blum. Teoria e applicazioni. Tutor: Prof. Alfredo Ferro (Università di Catania) e Prof. Ronitt Rubinfeld (Cornell University).

- **Ph.D. in Informatica** **2003**

Università di Catania

Lavoro di dottorato ottenuto in collaborazione con i gruppi di basi di dati e data mining della New York University e della Maryland University. Tesi: Ricerca di algoritmi e strutture dati per basi di dati combinatori, temporali e probabilistici. Tutor: Prof. Alfredo Ferro (Università di Catania), Prof. Dennis Shasha (New York University) e Prof. VS Subrahmanian (Maryland University).

- **Post Doc in Informatica** **2003-2006**

Università di Catania

Tema di ricerca: Basi di dati probabilistici, indicizzazione di grandi basi di dati ad oggetti con particolare riguardo alle basi di dati di grafi e alle loro applicazioni in bioinformatica.

Indici di valutazione della ricerca

- Google Scholar
 - Citazioni: 6673
 - Indice H: 41
- Scopus
 - Citazioni: 4151
 - Indice H: 35
 - Indice H esclusi auto-citazioni: 29

Interessi di Ricerca

- **Ruoli di dirigenza e di formazione**
 - Referente della Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2016).
 - Referente per la Commissione Pratiche Studenti per la Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2016).
 - Presidente della Commissione Assicurazione Qualità per la Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2017).

- Membro del consiglio direttivo del Laboratorio Nazionale Italiano di Bioinformatica, INFOLIFE, del consorzio CINI (dal 2022).
- Membro del consiglio direttivo della società Italiana di Bioinformatica (dal 2021).
- Direttore del Laboratorio Nazionale di Bioinformatica, INFOLIFE, del consorzio CINI, coordinamento di 35 gruppi di ricercatori in Bioinformatica (carica triennale rinnovabile una sola volta) (dal 2016 al 2022).
- **Revisore esperto per la Commissione Europea nei programmi**
 - H2020 FET OPEN RIA (dal 2017).
 - EIC Pathfinder - European Innovation Council (dal 2017).
- **Revisore Scientifico di riviste internazionali**
 - Nature Scientific Reports, Bioinformatics, BMC Bioinformatics, Briefing in Bioinformatics, Nucleic Acids Research, Frontiers, Natural Computing, GENE, Data Mining and Knowledge Discovery, IEEE-ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics, Information Systems, Journal of Discrete Algorithms, ACM Transactions on Database Systems, IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, Journal of Data Semantics, Uncertainty Fuzziness and KnowledgeBased Systems.
- **Partecipazione al collegio dei docenti nell'ambito di dottorati di ricerca accreditati dal Ministero**
 - Dottorato in Informatica, Università di Verona (dal 2017).
 - Dottorato in Medicina Molecolare, Università di Catania (dal 2012 al 2016).
 - Dottorato in Biotecnologie, Università di Catania (dal 2010 al 2012).
 - Dottorato in Patologia ed Ematologia Clinica, Sperimentale e Computazionale, Università di Catania (dal 2009 al 2010).
- **Presidente o membro di commissioni di valutazione**
 - Più di 15 commissioni di Dottorato in Informatica.
 - Più di 10 commissioni esaminatrici per il reclutamento di ricercatori RTDa e RTDb, SSD INF/01-Informatica.
 - Presidente del comitato esaminatore del concorso pubblico per l'impiego di 1 unità di personale tecnico ricercatore, VI livello professionale, presso il Consiglio Nazionale delle Ricerche.
- **Direzione di scuole internazionali di dottorato**

- IEEE Signal Processing PhD Winter School in Imaging Genetics, November 26-29, Verona (2019).
- J. T. Schwartz International (PhD) School for Scientific Research on Computational Life Science, and J. T. Schwartz International (PhD) School for Scientific Research on Social Science, Lipari (dal 2009).
- **Partner di corsi di Dottorato internazionali**
 - Partner del Multidisciplinary Neuro-Innovation PhD programme, University of Eastern Finland, Marie Skłodowska-Curie Cofund (dal 2021).

Esperienze professionali

- **Ruoli di dirigenza e di formazione**
 - Referente della Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2016).
 - Referente per la Commissione Pratiche Studenti per la Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2016).
 - Presidente della Commissione Assicurazione Qualità per la Laurea Magistrale Internazionale in Medical Bioinformatics (classe di laurea in Informatica, LM-18), Università di Verona (dal 2017).
 - Membro del consiglio direttivo del Laboratorio Nazionale Italiano di Bioinformatica, INFOLIFE, del consorzio CINI (dal 2022).
 - Membro del consiglio direttivo della società Italiana di Bioinformatica (dal 2021).
 - Direttore del Laboratorio Nazionale di Bioinformatica, INFOLIFE, del consorzio CINI, coordinamento di 35 gruppi di ricercatori in Bioinformatica (carica triennale rinnovabile una sola volta) (dal 2016 al 2022).
- **Revisore esperto per la Commissione Europea nei programmi**
 - H2020 FET OPEN RIA (dal 2017).
 - EIC Pathfinder - European Innovation Council (dal 2017).
- **Revisore Scientifico di riviste internazionali**
 - Nature Scientific Reports, Bioinformatics, BMC Bioinformatics, Briefing in Bioinformatics, Nucleic Acids Research, Frontiers, Natural Computing, GENE, Data Mining and Knowledge Discovery, IEEE-ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics, Information Systems, Journal of Discrete Algorithms, ACM Transactions on Database Systems, IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on

Knowledge and Data Engineering, Journal of Data Semantics, Uncertainty Fuzziness and KnowledgeBased Systems.

- **Partecipazione al collegio dei docenti nell'ambito di dottorati di ricerca accreditati dal Ministero**
 - Dottorato in Informatica, Università di Verona (dal 2017).
 - Dottorato in Medicina Molecolare, Università di Catania (dal 2012 al 2016).
 - Dottorato in Biotecnologie, Università di Catania (dal 2010 al 2012).
 - Dottorato in Patologia ed Ematologia Clinica, Sperimentale e Computazionale, Università di Catania (dal 2009 al 2010).
- **Presidente o membro di commissioni di valutazione**
 - Più di 15 commissioni di Dottorato in Informatica.
 - Più di 10 commissioni esaminatrici per il reclutamento di ricercatori RTDa e RTDb, SSD INF/01-Informatica.
 - Presidente del comitato esaminatore del concorso pubblico per l'impiego di 1 unità di personale tecnico ricercatore, VI livello professionale, presso il Consiglio Nazionale delle Ricerche.
- **Direzione di scuole internazionali di dottorato**
 - IEEE Signal Processing PhD Winter School in Imaging Genetics, November 26-29, Verona (2019).
 - J. T. Schwartz International (PhD) School for Scientific Research on Computational Life Science, and J. T. Schwartz International (PhD) School for Scientific Research on Social Science, Lipari (dal 2009).
- **Partner di corsi di Dottorato internazionali**
 - Partner del Multidisciplinary Neuro-Innovation PhD programme, University of Eastern Finland, Marie Skłodowska-Curie Cofund (dal 2021).

Direzione o partecipazione a comitati editoriali di riviste

- Area Editor di Information Systems, Elsevier Journal, ISSN: 0306-4379, Area Editor per Bioinformatics Methodologies, Systems and Algorithms, IF: 2.309, Q1, Scimago Subject area: Computer Science, Hardware and Architecture, Information Systems, Software. H-index: 88. Information Systems è composto da Editors-in-Chief, Area Editor e Editorial Advisory Board. Distribuzione della diversità di genere degli editori è 7% Donne, 87% Uomini (dal 2019).

- Associate Editor per Network in Bioinformatics, Frontiers in Bioinformatics, Editor-in-Chief Patrick Aloy Institute for Research in Biomedicine, Barcelona; numero di Associate editor: 34, tra cui Sorin Draghici, Wayne State University, Detroit, United States, e Natasa Przulj, Catalan Institution for Research and Advanced Studies (ICREA) Barcelona (dal 2019).
- Associate Editor per Computational Genomics, Frontiers in Genetics IF=4,599, ISSN: 16648021, Q1/Q2, H-index 93 in Scimago (dal 2016).
- Guest Editor per BMC Bioinformatics, Q1, IF= 3.169, Scimago Subject area: Computer Science, H-index:218. Romano P., Céol A., Dräger A. et al. The 2017 Network Tools and Applications in Biology (NETTAB) workshop: aims, topics and outcomes (2019).
- Guest Editor per BMC Bioinformatics, Q1, IF= 3.169, Scimago Subject area: Computer Science. H-index:218. Gissi, C., Romano, P., Ferro, A. et al. Bioinformatics in Italy: BITS2012, the ninth annual meeting of the Italian Society of Bioinformatics (2013).
- Guest Editor per Information Systems, A. Ferro, R Giugno, A Pulvirenti, Special section on Advances in Similarity Search (SISAP) (2013).
- Guest Editor per Briefings in Bioinformatics, Q1, IF= 11.622, Scimago Subject area: Computer Science, Information Systems, H-index: 113. P. Romano, R. Giugno, A. Pulvirenti, Tools and collaborative environments for bioinformatics research (2011).
- Topic Editor in Frontiers in Genetics, Computational Genomics, Ghosal, S., Das, S., Giugno, R., eds. Computational approaches for biomarker detection and precision therapeutics in cancers (2022).
- Topic Editor in Frontiers in Genetics, Computational genomics, new trends on omics analysis for precision medicine (2022).
- Topic Editor in Genetics per lo special issue 10 Years of Frontiers in Genetics: past discoveries, current challenges and future perspectives (2020).
- Topic Editor in Frontier in Genetics, Computational Genomics, Giugno, R., Manca, V., eds. New trends on genome and transcriptome characterizations (2018).

Organizzazione, direzione e coordinamento di gruppi di ricerca nazionali e internazionali, ovvero partecipazione agli stessi

- Creazione e direzione di un gruppo di ricerca presso l'Università di Verona (dal 2017)

- Gruppo di ricerca Information-Omics (InfOmics).

Esso attualmente è composto da quattro dottorandi che hanno completato il ciclo di studi, un ricercatore RTDa che è diventato dal 2022 RTDb presso l'Università di Parma, tre dottorandi al primo anno, una dottoranda al secondo anno, due dottorandi al terzo anno, un post-doc e una assegnista di ricerca.

La ricerca del gruppo mira a sviluppare metodi e algoritmi innovativi per estrarre e analizzare grafi e reti biologiche, integrare dati eterogenei, analizzare dati omici, ricostruire pangenomi, analizzare genomi considerando le varianti di ogni singolo individuo, classificare i pazienti, classificare e predire l'azione di farmaci. I metodi sviluppati si basano sui principi propri dell'informatica, sulla teoria dell'apprendimento automatico e degli algoritmi, sulla scienza dei dati, sulla matematica e teoria dei grafi. La ricerca è condotta con una fitta rete di collaboratori nazionali e internazionali.

- **Partecipazione ad un gruppo di ricerca presso la Harvard Medical School, Boston (dal 2018)**

- Gruppo di ricerca del Prof. Luca Pinello.

Il Prof. Pinello è un informatico e biologo computazionale che studia il ruolo della struttura/dinamica della cromatina e delle regioni non codificanti e il loro ruolo nella regolazione genica. L'obiettivo a lungo termine della suo gruppo di ricerca è sviluppare approcci computazionali innovativi e utilizzare saggi sperimentali all'avanguardia, come l'editing di singole cellule e genomi, per analizzare sistematicamente le fonti di variazione genetica ed epigenetica che influenzano la regolazione genica nello sviluppo e nelle malattie.

La partecipazione di RG alle attività di ricerca del gruppo di ricerca del prof. Pinello è basata sullo sviluppo di metodi innovativi per (i) l'identificazione variant-aware degli off-target per l'editing del genoma con tecnologia CRISPR, e (ii) l'identificazione delle variazioni di affinità dei fattori di trascrizione considerando le varianti di ogni singolo individuo in una popolazione, rappresentando tale complessità di informazione con strutture avanzate e innovative come i genome graph.

La collaborazione ha portato diverse pubblicazioni in riviste internazionali e comunicazioni in convegni. Inoltre gli algoritmi sviluppati sono accessibili dai siti github di entrambi i laboratori di ricerca

<https://infomics.github.io/InfOmics/>

<https://github.com/pinellolab/>

<http://crisprme.di.univr.it/>.

La collaborazione ha permesso la visita presso il Pinello Lab di 5 studenti della magistrale di Medical Bioinformatics (classe di Laurea in Informatica) dell'Università di Verona, e due dottorandi. Il prof. Pinello è stato due volte visiting research presso l'Università di Verona e ha tenuto delle lezioni nel

corso di laurea in Medical Bioinformatics. Su queste tematiche, insieme al gruppo del prof. Pinello, RG partecipa al gruppo di ricerca del prof. Daniel Bauer, Harvard Medical School, Boston (<http://bauerlab.org/>) e del prof. Erick Garrison, University of Tennessee Health Science Center, Memphis, Tennessee.

- **Partecipazione ad un gruppo di ricerca presso la New York University, Courant Institute of Mathematical Sciences, Department of Computer Science, (dal 2001)**

- Gruppo di ricerca del Prof. Dennis Shasha.

Il prof. Shasha è un informatico e biologo computazionale. La ricerca del suo gruppo mira a sviluppare metodologie innovative per il riconoscimento di modelli e query in alberi e grafi, la scoperta di modelli in serie temporali, l'ottimizzazione di database e sistemi wireless.

RG ha partecipato al gruppo di ricerca del prof. Shasha fin dall'inizio della sua attività di ricerca dove ha affrontato il problema della ricerca in basi di dati di grafi e in grandi reti per la rappresentazione e l'analisi di molecole, proteine e reti di interazione proteica.

Il primo contributo significativo in questo campo risale al 2002, quando ha proposto un sistema efficiente per la ricerca in banche dati di grafi (ACM PODS, 2002). Il contributo è stato riconosciuto a livello internazionale come punto di riferimento per la ricerca sui grafi e per l'uso di algoritmi di ricerca nel campo della bioinformatica.

Negli anni RG ha continuato la ricerca in questo campo proponendo sistemi basati sull'albero dei suffissi come struttura dati per l'indicizzazione, algoritmi di mining a basso supporto per ridurre il numero di strutture indicizzate, algoritmi efficienti per la ricerca esatta e approssimata, algoritmi paralleli per la ricerca in ambito biologico, algoritmi efficienti per l'allineamento delle reti e metodi empirici e analitici per la ricerca di motivi. Ha sviluppato un algoritmo per la ricerca in un singolo grafo che è risultato il più veloce e preciso tra gli algoritmi in letteratura (Concorso ICPR2014 sugli algoritmi su grafi per la ricerca di modelli in banche dati biologiche). L'algoritmo, in collaborazione con Jure Leskovec dell'Università di Stanford, USA, è stato aggiunto alla libreria SNAP.

Partecipano alle attività di ricerca anche il gruppo del Prof. Alfredo Ferro, dell'Università di Catania e il gruppo di biologia computazionale del Prof. Gary Bader, dell'Università di Toronto. Il prof. Gary Bader è tra i referenti dello sviluppo di software ben noti come Cytoscape, Pathway Commons e GeneMANIA. La collaborazione ha portato diverse pubblicazioni in riviste internazionali e comunicazioni in convegni, scambi di visting research, fellowship di ricerca, e visiting research di 3 studenti della laurea magistrale in Medical Bioinformatics dell'Università di Verona. Gli algoritmi sviluppati sono accessibili dalle pagine web dei gruppi o dai repository pubblici come

Cytoscape, <http://www.baderlab.org/>
<https://infomics.github.io/InfOmics/>
<https://cs.nyu.edu/~shasha/>.

- **Partecipazione a due gruppi di ricerca presso la University of Eastern Finland (dal 2017)**
 - Gruppi di ricerca in neuroscienze della Prof.ssa Tarja Malm e della Prof.ssa Katja Kanninen.
Attraverso la partecipazione di RG ai loro gruppi di ricerca si è interessati a trovare biomarcatori per la diagnosi precoce di malattie neurodegenerative in particolare di Alzheimer. RG analizza e sviluppa sistemi per l'analisi di dati multimodale bulk e single cell. Inoltre, indaga gli effetti dell'inquinamento atmosferico nello sviluppo dell'Alzheimer e sviluppa modelli per rappresentare i meccanismi biologici che regolano tali effetti. La collaborazione ha portato diverse pubblicazioni in riviste internazionali e comunicazioni in convegni, scambi di visting research, due dottorandi in co-tutela, progetti nazionali e internazionali.
- **Partecipazione ad un gruppo di ricerca presso l'Università di Catania (dal 1998)**
 - Gruppo di ricerca del Prof. Alfredo Ferro.
RG collabora con il gruppo del Prof. Ferro su tematiche riguardanti lo sviluppo di algoritmi per l'analisi computazionale dei meccanismi di regolazione genica post-trascrizionale con particolare enfasi sugli ncRNA (previsione di eventi di editing e target, integrazione di relazioni e funzioni). Negli anni, ha implementato metodi per la costruzione, la previsione e l'analisi di reti di interazioni tra ncRNA, miRNA circolanti, mRNA, malattie e farmaci. Ha sviluppato efficienti algoritmi sequenziali e paralleli per la ricerca di siti off-target di endonucleasi guidate da RNA Cas. Ha sottolineato il ruolo fondamentale degli algoritmi per l'analisi di reti per comprendere meccanismi regolatori più complessi e poco studiati come la previsione di off-target di farmaci e combinazioni di farmaci o la previsione degli effetti dell'RNA editing, che agendo a livello post-trascrizionale possono influenzare l'espressione e la funzione di proteine e miRNA. Ha sviluppato la progettazione di miRNA sintetici in grado di colpire più geni con più siti di interazione. La collaborazione ha portato diverse pubblicazioni in riviste internazionali e comunicazioni in convegni, progetti nazionali e internazionali e l'avvio di una domanda per un brevetto internazionale.
- **Partecipazione ad un gruppo di ricerca presso l'University of Maryland (dal 2000 al 2005)**
 - Gruppo di ricerca del Prof. VS Subrahmanian.
La progettazione di algoritmi probabilistici per la ricerca su grafi e lo svilup-

po di basi di dati probabilistici è stata condotta durante la partecipazione di RG al gruppo di ricerca dei Prof. VS Subrahmanian e in collaborazione con il Prof. Thomas Lukasiewicz, Università di Oxford. La collaborazione ha portato diverse pubblicazioni in riviste internazionali e comunicazioni in convegni e scambi di visting research.

Organizzazione e partecipazione come relatore a eventi e conferenze internazionali

- **General/Program Co-Chair e relatore in conferenze internazionali**
 - ACM International Workshop on MODIMO: Multi-Omics Data Integration for Modelling Biological Systems CIKM '23: Proceedings of the 32nd ACM International Conference on Information and Knowledge Management, Birmingham, October 2023 Pages 5259–5262 <https://doi.org/10.1145/3583780.361530>
 - ACM International Workshop on MODIMO: Multi-Omics Data Integration for Modelling Biological Systems, in The 30th ACM International Conference on Information and Knowledge Management, Virtual Event, Queensland, Australia, November 1 - 5, 2021 (CIKM 2021, ISBN 978-1-4503-8446-9).
 - IEEE Special Session on Is Imaging genetics the frontier for precision medicine? in The 16th IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, Venice, Italy, April 8-11, 2019 (ISBI 2019, ISBN 978-1-5386-3641-1).
 - IEEE Workshop on AIRDEGEN-Linking air pollution and neurodegenerative disorders: data, methods, and biological validation, in The IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2019, San Diego, CA, USA, November 18-21, 2019 (ISBN 978-1-7281-1867-3).
 - ACM International Workshop on Data and Text Mining in Biomedical Informatics, in The 27th ACM Conference on Information and Knowledge Management October 22 –26, 2018, Lingotto, Turin, Italy, (CIKM 2018, ISBN 978-1-4503-6014-2).
 - IEEE Tutorial Session on Mining genetic, transcriptomic and imaging data in Parkinson's disease in The 9th IEEE International Conference on Healthcare Informatics, Victoria, BC, Canada, August 9-12, 2021 (ICHI 2021, ISBN 978-1-6654-0132-6).
 - Special Session on Modeling and simulation methods for computational biology and systems medicine, in The International conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, CIBB 2021 and CIBB 2019; and on Biocuration and integration of Biomedical Databases in The 13th Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, September 1-3, 2016, Stirling, UK, (CIBB 2016).

- The International Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 2-4 May, 2012, Catania, Italy, BITS 2012 and The International Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Verona, Italy, 27-29 June, 2022, (BITS2022).
- PhD School on Computational Life Sciences, Lipari (Italy), dal 2006.
- **Organizzazione e partecipazione come relatore in eventi internazionali**
 - H2020 Project TUBE- 2nd Workshop and Executive Board Meeting joint with ADAIR Executive Board Meeting, Ca' Foscari University of Venice Dorsoduro 3246, 30123 Venice, Italy, 15-17 November, 2022.
 - The 26th International Workshop on Combinatorial Algorithms, 5-7 October, 2015, Verona, Italy, (IWOCA 2015).
 - Fun with Algorithms, July 1-3, 2014, Lipari, Italy, (FUN2014).
- **Relatore in conferenze e centri di ricerca internazionali**
 - The 33rd Alzheimer Europe conference, October 16-18, 2023, Helsinki, Finland, Invited talk: Patients classification: computational methods and challenges.
 - Institute of Oncology Research, Bellinzona, 2023, Invited talk: Advanced algorithms for solving biological problems.
 - Spatial Biology Europe, Oxford Global, June 07-08, 2022, Berlin, Germany Invited talk: Clustering Spatial Transcriptomics Data.
 - Spatial Biology Europe, Oxford Global, November 09-10, 2022, London, UK Invited talk: Clustering Spatial Transcriptomics Data.
 - BIOTECHNO 2022 The 14th International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies, Venice, Italy, May 22-26, 2022.
 - Nucleic acid immunity: from cellular mechanisms to new technologies, Frontiers in Molecular Biology, 11-13 June, Bologna, Italy, SIBBM 2019 Invited talk: Network approaches to multi-omics analysis of complex diseases.
 - NGS 2018 Next Generation Sequencing Conference, International Society for Computational Biology (ISCB), the Centre for Genomic Regulation (CRG), April 9 – 11, Barcellona, Spain, 2018 (2 Talk).
 - J. T. Schwartz International School for Scientific Research on BioInformatics and Computational Biology 2009, 2012, 2017
 - The International Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Udine, May 21-23, 2013.
 - NETTAB 2007 A Semantic Web for bioinformatics: goals, tools, systems, applications. Network Tools and Applications in Biology Workshop. Pisa, Italy June 12-15, 2007.

- Memorial Sloan-Kettering Cancer Center New York, 2008, Invited talk: Search in Indexing in Graphs and Biological Networks.
 - Gloria Coluzzi Lab, New York University, 2007, Invited talk: NetMatch for Querying Biological Network.
 - Bud Mishra Lab, New York University, 2007, Invited talk: GraphGrep and NetMatch, Querying Biological Networks and Molecular Databases.
 - Wyeth Research Lab, Catania, 2007, Invited talk: Querying and Indexing Biological Networks and Molecular Databases.
 - Bud Mishra Lab, New York University, 2006, Invited talk: Issues on Searching Structured Data.
 - Wyeth Research Lab, Boston, 2006, Invited talk: Indexing Molecular Databases.
 - CIBCB04 IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology La Jolla, CA, USA, October 7 -8, 2004.
 - ICPR 2002, IEEE International Conference on Pattern Recognition, Quebec, Canada, August 11-15, 2002.
- **Program committee member di conferenze internazionali**
 - IEEE International Conference on Data Mining, ICDM 2022, 2023.
 - International Workshop on Computational Network Biology: Modeling, Analysis, and Control, CNB-MAC 2022, organized in conjunction with the ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, ACM-BCB 2022.
 - ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, ACM-BCB 2023.
 - International Conference on Computational Biology and Bioinformatics, ICCBB 2021, 2022.
 - International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies, BIOTECHNO 2021, 2022.
 - International Conference on Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics, PACBB 2020-2023.
 - International Conference on Complex Networks and Their Applications, CNA 2019-2023.
 - International Workshop on Computational Network Biology: Modeling, Analysis, and Control, CNB-MAC 2019.
 - Graph-based Representations In Pattern Recognition, IAPR GbRPR 2017, 2023.

- ACM International Conference on Genetic and Evolutionary Computation Conference, GECCO 2015.
- International Joint Conference on Knowledge Discovery, Knowledge Engineering and Knowledge Management, KDIR 2014-2019.
- International Conference on Similarity Search and Applications, SISAP 2013, 2015, 2018.
- International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, CIBB 2013, 2016-2023.
- International Conference on Pattern Recognition, ICPR 2010, 2018.
- International Workshop on Graph Data Management: Techniques and Applications, GDM 2010-2014.
- IAPR conference on Pattern Recognition in Bioinformatics, PRR 2010-2014.
- International Workshop on Data Mining in Bioinformatics, BIODDD 2010-2011.
- Conference on Database and Expert Systems Applications, DEXA 2010-2011.
- International Workshop on Graph Database, IWGD 2010.
- International Workshop Methods, tools and platforms for Personalized Medicine in the Big Data Era, NETTAB 2009, 2013, 2017.
- European Conference on Evolutionary Computation, Machine Learning and Data Mining in Computational Biology, EVOBIO 2005-2018.
- IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, CIBCB 2004, 2019, 2022.
- International Workshop on Algorithmic Aspects of Wireless Sensor Networks, AlgoSensors 2004.

Premi e riconoscimenti nazionali e internazionali per attività di ricerca

- Best paper Award: Luca Giudice, Claudia Mengoni, Rosalba Giugno, Simpati: Network-based System for Patients' Classification Reveals Disease Specific Pathways Driven by Cohesive Communities. The Fourteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies, BIOTECHNO, Venice, Italy (2022).
- Award Memory Usage Contest su Graph Matching Algorithms for Pattern Search in Biological Databases, e Award Time Usage Contest su Graph Matching Algorithms for Pattern Search in Biological Databases, Vincenzo Bonnici, Rosalba Giugno, International Association of Pattern Recognition, ICPR, 24-28 August, Stockholm, Sweden (2014).

- Best Paper Award: Misael Mongiovì, Raffaele Di Natale, Rosalba Giugno, Alfredo Pulvirenti, Alfredo Ferro and Roded Sharan. A Set-cover-based Approach for Inexact Graph Matching. 8th Annual International Conference on Computational Systems Bioinformatics, CSB2009, 10-12 August, Stanford University, USA (2009).

Brevetti e risultati ottenuti nel trasferimento tecnologico

- Invention Disclosure MGH 2021-554 con il Mass General Brigham, Boston, USA per il software CRISPRME pubblicato in Nature Genetics (2022).
- Brevetto di invenzione con Università degli studi di Verona: Sistema, metodo e software di acquisizione e stima della postura e del movimento del corpo umano. Bombieri, S. Aldegheri, R. Giugno. n.102022000006038 (13 Marzo 2024).
- Consigliere scientifico della start-up Healthcare Technology Lab (HTLAB) (<https://www.htlab.it/chi-siamo/>) (dal 2019).
- Socio fondatore dell'ente no-profit per la promozione scientifica J.T. Schwartz International School For Scientific Research c/o Dipartimento di Matematica e Informatica Viale A. Doria, 6 - I 95125 Catania, ITALY, Codice Fiscale 93035610877 (dal 2009).

Didattica

1. Insegnamenti

Didattica svolta presso l'Università di Verona dal 2016 al 2023

- Laurea Magistrale in Medical Bioinformatics (insegnamento in inglese). Accanto all'anno accademico viene indicata con la sigla VS la Valutazione dell'insegnamento da parte degli Studenti.
 - MultiOmics Single cell Analysis (6 CFU) AA 2022-2023 (VS: N/A).
 - Programming for bioinformatics (12 CFU) AA 2021-2022 (VS: 3,56/4.00), 2022-2023 (VS:N/A).
 - Programming laboratory for bioinformatics (12 CFU) AA 2017-2018 (VS:2,93/4.00), 2018-2019 (VS:2,91/4.00), 2019-2020 (VS:2,77 / 4.00), 2020 - 2021 (VS:3,33/4.00).
 - Programming laboratory for bioinformatics (12 CFU) AA 2016-2017 (VS:2,96/4.00).

Dalle valutazioni studenti dell'insegnamento Programming laboratory for bioinformatics negli anni accademici dal 2016-2017 al 2019-2020 era

emerso un pesante carico didattico e progettuale per circa 50% degli studenti in classe su argomenti mai trattati nei corsi di laurea triennale (compreso Bioinformatica) quali l'installazione di una serie di programmi con dipendenze, la programmazione per l'analisi di dati di sequenziamento dal bulk al single cell. In commissione CPDS-AQ Medical Bioinformatics non sono state riportate criticità sul corso e la docenza a parte il pesante carico didattico percepito da una parte degli studenti dovuto alla scarsa conoscenza di background. Per venire incontro alle esigenze degli studenti, dall' AA 2021-2022 il carico didattico è stato alleggerito con l'introduzione dell' insegnamento di MultiOmics Single cell Analysis erogato al secondo anno.

- Laurea in Bioinformatica
 - Riconoscimento e recupero dell'informazione per bioinformatica (1 CFU) AA 2016-2017 (VS: 3,57/4.00).
- Dottorato in Informatica
 - Algorithms for Single cell data analysis (12 ore) AA 2021-2022 (VS: N/A).

*Didattica svolta presso l'**Università di Catania** dal 2003 al 2016 .*

- Laurea in Informatica
 - Analisi e gestione dei dati (9 CFU) AA 2013-2014.
 - Bioinformatica, Analisi di reti biologiche (3 CFU) AA 2013-2014, 2010-2011, 2009-2010.
 - Basi di Dati (9 CFU) AA 2011-2012, 2010-2011, 2009-2010, 2008-2009.
 - Programmazione 2 (9 CFU) AA 2007-2008, 2006-2007, 2005-2006.
 - Data Analysis and Management (6 CFU) AA 2007-2008.
 - Algoritmi per la Bioinformatica (3 CFU) AA 2007-2008.
 - Basi di Dati I (6 CFU) AA 2007-2008, 2006-2007, 2005-2006.
 - Basi di Dati II (6 CFU) AA 2006-2007.
 - Laboratorio di Informatica (3 CFU) AA 2004-2005.
- Corsi di Specializzazione mediche
 - L'informatica per capire la genetica delle malattie (4 CFU); Corso di Specializzazione Biochimica AA 2013-2014.
 - BioInformatica (4 CFU), Corso di Specializzazione in Nefrologia AA 2013-2014.
- Laurea in Scienze politiche
 - Informatica I (6 CFU) AA 2007-2008, 2006-2007, 2005-2006, 2004-2005, 2003-2004.

- Informatica II (6 CFU) AA 2007-2008, 2006-2007, 2005-2006, 2004-2005, 2003-2004.
- ECDL AA 2007-2008, 2006-2007, 2005-2006, 2004-2005, 2003-2004.
- Laurea in Scienze e tecniche psicologiche
 - Laboratorio di Rappresentazione della Conoscenza e Data Mining (3 CFU) AA 2005-2006, 2004-2005, 2003-2004.
- Laurea in Scienze dei beni culturali e amministrativi
 - Informatica Avanzata (3 CFU) AA 2004-2005.
 - Informatica II (3 CFU) AA 2003-2005.
- Master in Catastrofe in ambito agrario
 - Informatica di Base AA 2004-2005, 2003-2004.
- Master in E-Business
 - Introduzione ai Database Relazionali AA 2003-2004, 2002-2003.
 - Data Mining AA 2003-2004, 2002-2003.
- Master in Biologia computazionale
 - Algoritmi e Tecniche Informatiche per la Gestione di Database Biologici AA 2002-2003.

2. Supervisione di studenti e ricercatori

*Attività svolta presso l'**Università di Verona** dal 2016 al 2023*

- Tutor di 4 post-doc.
- Tutor di 10 dottorandi in Informatica (6 in corso).
- Tutor di 38 tesisti della laurea magistrale in Medical Bioinformatics.
- Tutor accademico di 15 stage e tutor industriale di 19 stage.

*Attività svolta presso l'**Università di Catania** dal 2003 al 2016*

- Tutor di 4 dottorandi in Informatica.
- Tutor di 60 tesisti della laurea magistrale in Informatica.

*Attività svolta presso la **New York University** dal 2000 al 2002*

- Co-tutor di 2 studenti di Master in Computer Science.

3. Partecipazione a commissioni istituite per gli esami di profitto

*Attività svolta presso l'**Università di Verona** dal 2016 al 2023*

- Presidente di 2 commissioni di Laurea Magistrale in Medical Bioinformatics.

- Membro di almeno 10 commissioni di Laurea Magistrale in Medical Bioinformatics.
- Programming laboratory for Bioinformatics e Programming for Bioinformatics (corsi fondamentali): 242 esami.
- MultiOmics Single cell Analysis (anno AA di attivazione 2022-2023, corso a scelta): 10 esami.

Attività svolta presso l'Università di Catania dal 2003 al 2016

- Limitandosi ai soli insegnamenti fondamentali della laurea in Informatica (12 insegnamenti, quali basi di dati e programmazione), stimando in difetto 150 iscritti annuali, sono stati sostenuti più di 1800 esami.

Incarichi di insegnamento o di ricerca presso qualificati atenei e istituti di ricerca esteri

- Fellowship di Ricerca presso la New York University, NY, USA, J1 Visa, per lo sviluppo di un algoritmo efficiente per la ricerca sui grafi, con il prof. Dennis Shasha del gruppo di ricerca Database and Computational Biology e il prof. Davi Geiger del gruppo di ricerca Graphics, Vision and User Interfaces, i cui risultati sono stati presentati a conferenze internazionali tra cui ACM PODS 2002 e IEEE ICPR 2002 (da Luglio 2001 ad Agosto 2002).
- Fellowship di Ricerca presso l'Università del Maryland, USA, J1 VISA, con il Prof. VS Subrahmanian per lo sviluppo di un modello di database temporali e probabilistici, i cui risultati sono stati pubblicati in IEEE Trans. Knowl. Data Eng. 2003 (da Gennaio 2001 a Giugno 2001).
- Fellowship di Ricerca presso la Cornell University, USA, con la Prof. Ronitt Rubinfeld per lo sviluppo della tesi di Laurea in Scienze dell'informazione, Università di Catania, sul controllo e correzione di programmi secondo la teoria probabilistica di Manuel Blum (1 mese nel 1996 e 1997).

Progetti

Progetti finanziati dal 2016 al 2023

- **Periodo:** 2025-2029
Fondo: Horizon Europe (HORIZON) HORIZON-HLTH-2024-DISEASE-03-14-two-stage, HORIZON Research and Innovation Actions
Titolo: Defining Clinical and Molecular Phenotypes of Multi-Drug Resistance in difficult to treat Rheumatoid Arthritis (MDR-RA) (www.mdr-ra.eu/) 101155807
Ruolo: WP leader e Coordinatore scientifico dell'analisi Bioinformatica e della gestione federata dei dati.

- Periodo:** 2024-2026
Fondo: BANDO DI ATENEIO PER LA RICERCA DELL'UNIVERSITA' di PARMA
Titolo: AVATHEART: AdVance personalized medicAl Technology in hypoplastic left HEART syndrome: patient-derived 3D cardiac organoids-on-chip to unravel mechanisms of impaired contractility
Ruolo: Coordinatore scientifico del progetto dell'analisi Bioinformatica.
- Periodo:** 2023-2026
Fondo: MISE
Titolo: Piattaforma integrata e personalizzata per la valutazione del cancro alla prostata
Ruolo: Responsabile e co-coordinatore scientifico del progetto .
- Periodo:** 2023-2025
Fondo: Joint Research con l'entità privata Neodata Group s.p.a.
Titolo: Smart Airport.
Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.
- Periodo:** 2022-2025
Fondo: PNRR Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza.
Titolo: MNESYS A multiscale integrated approach to the study of the nervous system in health and disease.
Ruolo: Responsabile dello sviluppo di modelli per l'integrazione delle omiche, la stratificazione di pazienti, la predizione di target per i farmaci per la medicina personalizzata.
- Periodo:** 2022-2025
Fondo: PNRR, Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza.
Titolo: NBFC National Biodiversity Future Center, CN5 Biodiversity.
Ruolo: Responsabile dello sviluppo di modelli per la rappresentazione di molecole e la predizione di target per migliorare il benessere degli individui.
- Periodo:** 2022-2025
Fondo: PNRR, Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza.
Titolo: HEAL ITALIA - Health Extended Alliance for Innovative Therapies, Advanced Labresearch, and Integrated Approaches of Precision Medicine.
Ruolo: Responsabile dello sviluppo di modelli per l'integrazione delle omiche, la stratificazione di pazienti, la predizione di target per i farmaci per la medicina personalizzata.

- Periodo:** 2020-2023
Fondo: EU JPCO-Fund call for Personalised Medicine (adair-jpnd.eu) JPND2019-466-037.
Titolo: ADAIR: From air pollution to brain pollution – novel biomarkers to unravel the link of air pollution and Alzheimer’s disease.
Ruolo: WP leader. Responsabile e coordinatore scientifico del WP riguardante lo sviluppo di nuove metodologie per la stratificazione dei pazienti a rischio di sviluppare Alzheimer in base ai livelli di inquinamento.
- Periodo:** 2019-2023
Fondo: H2020 - Framework Programme for Research and Innovation (2014-2020) (tube-project.eu) 814978.
Titolo: TUBE – Transport-Derived Ultrafines and the Brain Effects.
Ruolo: Responsabile e coordinatore scientifico dell’Unità Italiana. Responsabile e coordinatore scientifico dello sviluppo delle metodologie per l’analisi dei dati omici e clinici, l’integrazione di essi, lo sviluppo di modelli di rischio.
- Periodo:** 2020-2023
Fondo: ENTI.RIC - Finanziamento da enti vari per la ricerca, CariVerona.
Titolo: EDIPO: una soluzione computazionale per portare la genetica di neuroimaging nella ricerca traslazionale.
Ruolo: WP leader. Responsabile e coordinatore scientifico dell’analisi di dati omici e dello sviluppo di nuove metodologie per identificare elementi genomici, da integrare con i dati da immagini diagnostiche, che sono legati ad una data condizione fenotipica.
- Periodo:** 2022-2024
Fondo: Ente non profit con lo stato di ONLUS BRFV (Brain Research Foundation Verona).
Titolo: Un’infrastruttura IoT per monitorare i disturbi neuropsichiatrici e comportamentali nei pazienti con malattia di Parkinson.
Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.
- Periodo:** 2020-2021
Fondo: Joint Research con l’entità privata Digital Restaurant Srl.
Titolo: Una piattaforma per lo sviluppo di applicazioni di intelligenza artificiale basata su analisi intelligente di video per attività commerciali di ristorazione con servizio al tavolo.
Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.
- Periodo:** 2018-2019

Fondo: European Social Fund - Regional Operational Program 2014/2020 con l'entità privata Microbion s.r.l.

Titolo: INFO-BACT-MAR: sviluppo di una piattaforma computazionale per la tracciabilità di microrganismi nei processi agroalimentari utilizzando marcatori HPME brevettati.

Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.

- **Periodo:** 2019-2021

Fondo: Joint Project con l'entità privata Neurovisual Science Technology.

Titolo: Un Decision Support System ad alte prestazioni per la diagnosi di malattie Oculari.

Ruolo: coPI, Responsabile e co-coordinatore scientifico del progetto.

- **Periodo:** 2017-2019

Fondo: Joint Project con l'entità privata NeoData Group s.p.a.

Titolo: PREDYCOS: Una piattaforma reattiva per un sistema complesso che sia personalizzato e dinamico.

Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.

- **Periodo:** 2017-2018

Fondo: Finanziamenti d'Ateneo per la Ricerca Scientifica con l'ospedale Meyer di Firenze.

Titolo: Sviluppo di una piattaforma di calcolo per l'analisi di genomi alterati da fenomeni di cromotripsia.

Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.

- **Periodo:** 2016-2018

Fondo: European Social Fund - Regional Operational Program 2014/2020.

Titolo: InfoGenAgriFood: Piattaforma bioinformatica integrata nella genomica della produzione agroalimentare.

Ruolo: PI, Responsabile e coordinatore scientifico del progetto.

Progetti finanziati dal 1999 al 2016, con ruolo di dottoranda e ricercatore presso l'Università di Catania.

- PRIN Metodologie probabilistiche e fuzzy per ragionamenti incerti in banche dati e basi di conoscenza a supporto dei processi decisionali (Coordinamento e ricerca, 24 mesi dal 1999).
- INTERLINK INT01AB7BE. Progetto di internazionalizzazione, Convenzione di Catania-New York tra l'Università per il Dottorato in Informatica con la

New York University e la Columbia University (Coordinamento, 36 mesi dal 2001).

- FIRB ITALIA-ISRAEL n. RBIN04BYZ7-003 Algoritmi per il modello di scoperta e recupero in strutture discrete con applicazioni in Bioinformatica (Coordinamento e ricerca, 36 mesi dal 2003).
- PRIN. Area 09 Unità di Catania, ingegneria industriale e dell'informazione, tecniche di randomizzazione e indicizzazione per il clustering e query approssimative efficienti su grandi basi di dati con applicazioni in biologia (Coordinamento e ricerca, 24 mesi dal 2003).
- POR Sicilia 3.14. Realizzazione di un sistema di localizzazione satellitare su mezzi mobili per l'ottimizzazione della funzione logistica distributiva, decreto n. 1752 del 18.11.2004, Project Law 297 (GURI 17/11/2004) (Coordinamento e ricerca, 12 mesi dal 2004).
- POR Sicilia 3.14. Tecniche di pulizia dei dati e data mining tramite clustering e relative applicazioni a Business Intelligence (Coordinamento e ricerca, 24 mesi dal 2004).
- Programmi per incentivazione dell'internazionalizzazione. Processo delle collaborazioni interuniversitarie internazionali del sistema universitario (D.M. 5 agosto 2004 n. 262 - Art. 23). Dal Benchwork al Bedside: analisi molecolare e bioinformatica di fenotipi patologici, programmazione 2004-2006 Prot. II04C9775H (Coordinamento e ricerca, 36 mesi dal 2004).
- POR 3.14 (GURS n. 15 del 8/8/2005). Suite di programmi di ricerca e sviluppo per analisi biologiche, denominata: BIOWARE (Ricerca, 18 mesi dal 2005).
- Progetto di formazione QUALIA (2005-2006) Formazione di ricercatori e tecnici di ricerca. Responsabile ACSE SPA Carate-Catania (Coordinamento, 6 mesi dal 2005).
- PON Sviluppo Imprenditoriale locale P.I.A. BALANCE SCORECARD Size 2, Integrated Package of Facilities (Coordinamento e ricerca, 24 mesi dal 2006).
- Accordo di ricerca tra la Società INFRACOM e l'Università di Catania (Progetto PON, 2008-2010) Poker: Datawarehouse orientato ai modelli, Linguaggi di markup, Scoperta automatizzata delle conoscenze e Sistemi di raccomandazione costruttiva come tecnologie abilitanti per la commercializzazione personalizzata di prodotti immateriali (Coordinamento e ricerca, 24 mesi dal 2008).
- PON DM20919 con entità privata Wyeth. Tecniche di data mining per l'analisi dei profili di espressione genica e l'arricchimento funzionale (Ricerca, 36 mesi dal 2009).

- PO. FESR 2007-2013 - Sicilia - Linea di intervento 4.1.1.2. BLOWINE Approccio multidisciplinare per migliorare la qualità della produzione vinicola (DDG n. 5761/3 del 13/12/2011) (Ricerca, 18 mesi dal 2011).
- PON01 SIGMA Sistema di sensori integrato nel cloud per la gestione multirischio avanzata (decreto direttivo n. 678 / Rec. Del 15 ottobre 2012) (Coordinamento e ricerca, 36 mesi dal 2012).
- PON04A2A - PRISMA Ricerca Flat cloud interoperabile per SMART-government (DD n. 32 84 / Ric del 02/03/2012, DD n. 255 / Ric del 30/05/2012, DD n. 370 / Ric del 06/26 / 2012) (Coordinamento e ricerca, 32 mesi dal 2012).
- PON0101078 Identificazione di biomarcatori e sviluppo di metodi diagnostici e terapeutici nel campo dell'oncologia e della biologia vascolare (Ricerca, 12 mesi dal 2013).
- Gruppo Nazionale di Ricerca Scientifica Computazionale (GNCS). Analisi di reti biologiche per l'identificazione di fattori critici del carcinoma tiroideo (Coordinamento e ricerca, 12 mesi dal 2014).
- FIR 2014, Analisi di scienze fisiche e ingegneria e decodifica dell'apoptosi neuronale - Algoritmi e metodi BioCAD per la neuroinformatica (Ricerca, 24 mesi dal 2015).
- Gruppo Nazionale di Ricerca Scientifica Computazionale (GNCS). Integrazione di basi di conoscenza di reazioni avverse spontanee nazionali e internazionali per la scoperta di modelli nella farmacovigilanza (Ricerca, 12 mesi dal 2016).

Pubblicazioni

• Riviste

1. Aparo, Antonino; Avesani, Simone; Parmigiani, Luca; Napoli, Sara; Bertoni, Francesco; Bonnici, Vincenzo; Cascione, Luciano; Giugno, Rosalba; EasyCircR: Detection and reconstruction of circular RNAs post-transcriptional regulatory interaction networks *Computers in Biology and Medicine* 188 109846 2025 Pergamon
2. Raza, Wasif; Pudas, Sara; Kanninen, Katja M; Flanagan, Erin; Degerman, Sofie; Adolfsson, Rolf; Giugno, Rosalba; Topinka, Jan; Zeng, Xiao-wen; Oudin, Anna; Associations between air pollution and relative leukocyte telomere length among northern Swedish adults based on findings from the Betula study *Scientific Reports* 15 1 32660 2025 Nature Publishing Group UK London

3. Micale, Giovanni; Di Maria, Antonio; Grasso, Roberto; Bonnici, Vincenzo; Ferro, Alfredo; Shasha, Dennis; Giugno, Rosalba; Pulvirenti, Alfredo; MultiGraphMatch: a subgraph matching algorithm for multi-graphs *ACM Transactions on Knowledge Discovery from Data* 19 5 1-36 2025 ACM New York, NY
4. Viesi, Eva; Perricone, Ugo; Aloy, Patrick; Giugno, Rosalba; APBIO: bioactive profiling of air pollutants through inferred bioactivity signatures and prediction of novel target interactions *Journal of Cheminformatics* 17 1 13 2025 Springer International Publishing Cham
5. Fraccaroli, Leonardo; Busato, Federico; Giugno, Rosalba; Bombieri, Nicola; An efficient solution for GPUs to the ST-connectivity problem on dynamic graphs *Pattern Recognition Letters* 191 110-116 2025 North-Holland
6. Viesi, Eva; Perricone, Ugo; Aloy, Patrick; Giugno, Rosalba; Correction: APBIO: bioactive profiling of air pollutants through inferred bioactivity signatures and prediction of novel target interactions *Journal of Cheminformatics* 17 1 43 2025 Springer International Publishing Cham
7. Tognon, Manuel; Kumbara, Alisa; Betti, Andrea; Ruggeri, Lorenzo; Giugno, Rosalba; Benchmarking transcription factor binding site prediction models: a comparative analysis on synthetic and biological data *Briefings in Bioinformatics* 26 4 bbaf363 2025 Oxford University Press
8. Di Camillo, Barbara; Giugno, Rosalba; From translational bioinformatics computational methodologies to personalized medicine *Journal of Biomedical Informatics* 151 104619 2024 Academic Press
9. Aparo, Antonino; Bonnici, Vincenzo; Avesani, Simone; Cascione, Luciano; Giugno, Rosalba; Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; DiGAS: Differential gene allele spectrum as a descriptor in genetic studies *Computers in Biology and Medicine* 179 108924 2024 Pergamon
10. Cruciani, Federica; Aparo, Antonino; Brusini, Lorenza; Combi, Carlo; Storti, Silvia F; Giugno, Rosalba; Menegaz, Gloria; Galazzo, Ilaria Boscolo; Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; Identifying the joint signature of brain atrophy and gene variant scores in Alzheimer's Disease *Journal of Biomedical Informatics* 149 104569 2024 Academic Press
11. Martorana, Emanuele; Grasso, Roberto; Micale, Giovanni; Alaimo, Salvatore; Shasha, Dennis; Giugno, Rosalba; Pulvirenti, Alfredo; Motif finding algorithms: a Performance Comparison From Computational Logic to Computational Biology: Essays Dedicated to Alfredo Ferro to Celebrate His Scientific Career 250-267 2024 Springer Nature Switzerland Cham

12. Gambino, Simona; Quaglia, Francesca Maria; Galasso, Marilisa; Cavallini, Chiara; Chignola, Roberto; Lovato, Ornella; Giacobazzi, Luca; Caligola, Simone; Adamo, Annalisa; Putta, Santosh; B-cell receptor signaling activity identifies patients with mantle cell lymphoma at higher risk of progression *Scientific Reports* 14 1 6595 2024 Nature Publishing Group UK London
13. De Sanctis, Francesco; Dusi, Silvia; Caligola, Simone; Anselmi, Cristina; Petrova, Varvara; Rossi, Barbara; Angelini, Gabriele; Erdeljan, Michael; Wöll, Stefan; Schlitter, Anna Melissa; Expression of the membrane tetraspanin claudin 18 on cancer cells promotes T lymphocyte infiltration and anti-tumor immunity in pancreatic cancer *Immunity* 57 6 1378-1393. e14 2024 Elsevier
14. Caligola, Simone; Giacobazzi, Luca; Canè, Stefania; Vella, Antonio; Adamo, Annalisa; Ugel, Stefano; Giugno, Rosalba; Bronte, Vincenzo; GateMe-Class: Gate Mining and Classification of cytometry data *Bioinformatics* 40 5 btac322 2024 Oxford University Press
15. Oudin, Anna; Raza, Wasif; Flanagan, Erin; Segersson, David; Jalava, Pasi; Kanninen, Katja M; Rönkkö, Topi; Giugno, Rosalba; Sandström, Thomas; Muala, Ala; Exposure to source-specific air pollution in residential areas and its association with dementia incidence: a cohort study in Northern Sweden *Scientific Reports* 14 1 15521 2024 Nature Publishing Group UK London
16. Mussalo, Laura; Lampinen, Riikka; Avesani, Simone; Závodná, Táňa; Krejčík, Zdeněk; Kalapudas, Juho; Penttilä, Elina; Löppönen, Heikki; Koivisto, Anne M; Malm, Tarja; Traffic-related ultrafine particles impair mitochondrial functions in human olfactory mucosa cells–Implications for Alzheimer’s disease *Redox biology* 75 103272 2024 Elsevier
17. Bonnici, Vincenzo; Grasso, Roberto; Micale, Giovanni; Maria, Antonio di; Shasha, Dennis; Pulvirenti, Alfredo; Giugno, Rosalba; ArcMatch: high-performance subgraph matching for labeled graphs by exploiting edge domains *Data Mining and Knowledge Discovery* 38 6 3868-3921 2024 Springer US New York
18. Saveleva, Liudmila; Cervena, Tereza; Mengoni, Claudia; Sima, Michal; Krejčík, Zdenek; Vrbova, Kristyna; Sikorova, Jitka; Mussalo, Laura; de Crom, Tosca OE; Šímová, Zuzana; Transcriptomic and epigenomic profiling reveals altered responses to diesel emissions in Alzheimer’s disease both in vitro and in population [U+2010]based data *Alzheimer’s and Dementia* 20 12 8825-8843 2024
19. Gambino, S; Quaglia, FM; Galasso, M; Cavallini, C; Chignola, R; Lovato, O; Aparo, A; Ferrarini, I; Giugno, R; Krampera, M; PROGNOSTIC

20. Cho, William C; Pérez-Tur, Jordi; Giugno, Rosalba; Pirooznia, Mehdi; Boris-Lawrie, Kathleen; Greenbaum, Dov; Rastegar, Mojgan; Henrique, Rui; Xu, Peng; Rocha, Joao Batista Teixeira da; 10 years of Frontiers in genetics: past discoveries, current challenges and future perspectives *Frontiers in Genetics* 14 1192071 2023 Frontiers Media SA
21. Viesi, Eva; Sardina, Davide Stefano; Perricone, Ugo; Giugno, Rosalba; APDB: a database on air pollutant characterization and similarity prediction *Database* 2023 baad046 2023 Oxford University Press UK
22. Mussalo, Laura; Avesani, Simone; Shahbaz, Muhammad Ali; Závodná, Táňa; Saveleva, Liudmila; Järvinen, Anssi; Lampinen, Riikka; Belaya, Irina; Krejčík, Zdeněk; Ivanova, Mariia; Emissions from modern engines induce distinct effects in human olfactory mucosa cells, depending on fuel and aftertreatment *Science of the Total Environment* 905 167038 2023 Elsevier
23. Bonnici, Vincenzo; Mengoni, Claudia; Mangoni, Manuel; Franco, Giuditta; Giugno, Rosalba; PanDelos-frags: A methodology for discovering pangenomic content of incomplete microbial assemblies *Journal of Biomedical Informatics* 148 104552 2023 Academic Press
24. Ohtonen, S; Jantti, H; Giudice, L; Vaananen, MA; Zavodna, T; Avesani, S; Krejcik, Z; Giugno, R; Aakko-Saksa, P; Kanninen, KM; Impact of diesel-exhaust derived air pollution on transcriptome and functionality of human iPSC-derived microglia *GLIA* 71 E892-E892 2023 WILEY 111 RIVER ST, HOBOKEN 07030-5774, NJ USA
25. Mussalo, L; Avesani, S; Shahbaz, MA; Zavodna, T; Saveleva, L; Järvinen, A; Lampinen, R; Belaya, I; Krejcik, Z; Ivanova, M; P14— Inhalation and respiratory toxicology *Toxicology Letters* 384 S75-S307 2023 Mussalo, L; Avesani, S; Shahbaz, MA; Zavodna, T; Saveleva, L; Järvinen, A; Lampinen, R; Belaya, I; Krejcik, Z; Ivanova, M; P14-01: Emissions from modern engines induce distinct effects in human olfactory mucosa cells, depending on fuel and aftertreatment *Toxicology Letters* 384 S170-S171 2023 Elsevier
26. Tognon, M., Giugno*, R., Pinello*, L., A survey on algorithms to characterize transcription factor binding sites, *Briefings in Bioinformatics*, 2023, bbad156, <https://doi.org/10.1093/bib/bbad156>
27. Heer, M., Giudice, L., Mengoni, C., Giugno*, R., Rico*, D. Esearch3D: Propagating gene expression in chromatin networks to illuminate active

enhancers. *Nucleic Acids Research* gkad229, 2023 <https://doi.org/10.1093/nar/gkad229>

28. Korvenlaita, N., Gómez-Budia, M., Scoyni, F., Pistono, C., Giudice, L., Eamen, S., Loppi, S., de Sande, A.H., Huremagic, B., Bouvy-Liivrand, M., Heinäniemi, M., Kaikkonen, M.U., Cheng, L., Hill, A.F., Kanninen, K.M., Jenster, G.W., van Royen, M.E., Ramiro, L., Montaner, J., Batkova, T., Mikulik, R., Giugno, R., Jolkkonen, J., Korhonen, P., Malm, T. Dynamic release of neuronal extracellular vesicles containing miR-21a-5p is induced by hypoxia. *Journal of Extracellular Vesicles*, 12 (1), art. no. 12297, 2023, DOI: 10.1002/jev2.12297
29. Cancellieri, S., Zeng, J., Lin, L.Y., Tognon, M., Nguyen, M.A., Lin, J., Bombieri, N., Maitland, S.A., Ciuculescu, M.-F., Katta, V., Tsai, S.Q., Armand, M., Wolfe, S.A., Giugno*, R., Bauer*, D.E., Pinello*, L. Human genetic diversity alters off-target outcomes of therapeutic gene editing. *Nature Genetics*, 55 (1), pp. 34-43, 2023 DOI: 10.1038/s41588-022-01257-y
30. Di Camillo, B., Giugno, R. From translational bioinformatics computational methodologies to personalized medicine. *Journal of Biomedical Informatics* 133, art. no. 104170, 2022 DOI: 10.1016/j.jbi.2022.104170
31. Jäntti, H., Sitnikova, V., Ishchenko, Y., Shakirzyanova, A., Giudice, L., Ugidos, I.F., Gómez-Budia, M., Korvenlaita, N., Ohtonen, S., Belaya, I., Fazaludeen, F., Mikhailov, N., Gotkiewicz, M., Ketola, K., Lehtonen, Š., Koistinaho, J., Kanninen, K.M., Hernández, D., Pébay, A., Giugno, R., Korhonen, P., Giniatullin, R., Malm, T. Microglial amyloid beta clearance is driven by PIEZO1 channels. *Journal of Neuroinflammation*, 19 (1), art. no. 147, 2022 DOI: 10.1186/s12974-022-02486-y
32. Simbolo, M., Centonze, G., Giudice, L., Grillo, F., Maisonneuve, P., Gkoutakos, A., Ciaparrone, C., Cattaneo, L., Sabella, G., Giugno, R., Bossi, P., Spaggiari, P., Del Gobbo, A., Ferrero, S., Mastracci, L., Fabbri, A., Filugelli, M., Garzone, G., Prinzi, N., Pusceddu, S., Testi, A., Monti, V., Rolli, L., Mangogna, A., Bercich, L., Benvenuti, M.R., Bria, E., Pilotto, S., Berruti, A., Pastorino, U., Capella, C., Infante, M., Milella, M., Scarpa, A., Milione, M. Combined Large Cell Neuroendocrine Carcinomas of the Lung: Integrative Molecular Analysis Identifies Subtypes with Potential Therapeutic Implications. *Cancers*, 14 (19), art. no. 4653, 2022 DOI: 10.3390/cancers14194653
33. Diaz-Uriarte, R., de Lope, E.G., Giugno, R., Fröhlich, H., Nazarov, P.V., Nepomuceno-Chamorro, I.A., Rauschenberger, A., Glaab, E. Ten quick tips for biomarker discovery and validation analyses using machine learning *PLoS Computational Biology*, 18 (8), art. no. e1010357, 2022 DOI: 10.1371/journal.pcbi.1010357

34. Bonnici, V., Giugno, R. PANPROVA: Pangenomic prokaryotic evolution of full assemblies. *Bioinformatics*, 38 (9), pp. 2631-2632, 2022 DOI: 10.1093/ bioinformatics/btac158
35. Lampinen, R., Górová, V., Avesani, S., Liddell, J.R., Penttilä, E., Závodná, T., Krejčík, Z., Lehtola, J.-M., Saari, T., Kalapudas, J., Hannonen, S., Löppönen, H., Topinka, J., Koivisto, A.M., White, A.R., Giugno, R., Kanninen, K.M. Biometal Dyshomeostasis in Olfactory Mucosa of Alzheimer's Disease Patients *International Journal of Molecular Sciences*, 23 (8), art. no. 4123, 2022 DOI: 10.3390/ijms23084123
36. Lampinen, R., Fazaludeen, M.F., Avesani, S., Örd, T., Penttilä, E., Lehtola, J.-M., Saari, T., Hannonen, S., Saveleva, L., Kaartinen, E., Fernández Acosta, F., Cruz-Haces, M., Löppönen, H., Mackay-Sim, A., Kaikkonen, M.U., Koivisto, A.M., Malm, T., White, A.R., Giugno, R., Chew, S., Kanninen, K.M. Single-cell RNA-seq analysis of olfactory mucosal cells of Alzheimer's disease patients. *Cells*, 11 (4), art. no. 676, 2022 DOI: 10.3390/cells11040676
37. De Sanctis, F., Lamolinara, A., Boschi, F., Musiu, C., Caligola, S., Trovato, R., Fiore, A., Frusteri, C., Anselmi, C., Poffe, O., Cestari, T., Canè, S., Sartoris, S., Giugno, R., Del Rosario, G., Zappacosta, B., Del Pizzo, F., Fassan, M., Dugnani, E., Piemonti, L., Bottani, E., Decimo, I., Paiella, S., Salvia, R., Lawlor, R.T., Corbo, V., Park, Y., Tuveson, D.A., Bassi, C., Scarpa, A., Iezzi, M., Ugel, S., Bronte, V. Interrupting the nitrosative stress fuels tumor-specific cytotoxic T lymphocytes in pancreatic cancer. *Journal for ImmunoTherapy of Cancer*, 10 (1), art. no. e003549, 2022 DOI: 10.1136/jitc-2021-003549
38. Avesani, S., Viesi, E., Alessandrì, L., Motterle, G., Bonnici, V., Beccuti, M., Calogero, R., Giugno, R. Stardust: improving spatial transcriptomics data analysis through space-aware modularity optimization-based clustering. *GigaScience*, 11, art. no. giac075, 2022 DOI: 10.1093/gigascience/ giac075
39. Martikainen, M.-V., Aakko-Saksa, P., van den Broek, L., Cassee, F.R., Carare, R.O., Chew, S., Dinnyes, A., Giugno, R., Kanninen, K.M., Malm, T., Muala, A., Nedergaard, M., Oudin, A., Oyola, P., Pfeiffer, T.V., Rönkkö, T., Saarikoski, S., Sandström, T., Schins, R.P.F., Topinka, J., Yang, M., Zeng, X., Westerink, R.H.S., Jalava, P.I. TUBE project: Transport-derived ultrafines and the brain effects. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 19 (1), art. no. 311, 2022 DOI: 10.3390/ijerph19010311
40. Aparo, A., Sala, P., Bonnici, V., Giugno, R. TEDAR: Temporal dynamic signal detection of adverse reactions. *Artificial Intelligence in Medicine*, 122, art. no. 102212, 2021 DOI: 10.1016/j.artmed.2021.102212

41. Bonnici, V., Maresi, E., Giugno, R. Challenges in gene-oriented approaches for pangenome content discovery. *Briefings in Bioinformatics*, 22 (3), art. no. bbaa198, 2021 DOI: 10.1093/bib/bbaa198
42. Licheri, N., Bonnici, V., Beccuti, M., Giugno, R. GRAPES-DD: exploiting decision diagrams for index-driven search in biological graph databases. *BMC Bioinformatics*, 22 (1), art. no. 209, 2021 DOI: 10.1186/s12859-021-04129-0
43. Tognon, M., Bonnici, V., Garrison, E., Giugno*, R., Pinello*, L. GRAFIMO: Variant and haplotype aware motif scanning on pangenome graphs. *PLoS Computational Biology*, 17 (9), art. no. e1009444, 2021 DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009444
44. Bombieri, N., Scaffeo, S., Mastrandrea, A., Caligola, S., Carlucci, T., Fummi, F., Laudanna, C., Constantin, G., Giugno, R. SystemC Implementation of Stochastic Petri Nets for Simulation and Parameterization of Biological Networks. *ACM Transactions on Embedded Computing Systems*, 20 (4), art. no. 31, 2021 DOI: 10.1145/3427091
45. Munz, N., Cascione, L., Parmigiani, L., Tarantelli, C., Rinaldi, A., Cmiljanovic, N., Cmiljanovic, V., Giugno, R., Bertoni, F., Napoli, S. Exon–intron differential analysis reveals the role of competing endogenous rnas in post-transcriptional regulation of translation. *Non-coding RNA*, 7 (2), art. no. 26, 2021 DOI: 10.3390/ncrna7020026
46. Pai, S., Weber, P., Isserlin, R., Kaka, H., Hui, S., Shah, M.A., Giudice, L., Giugno, R., Nøhr, A.K., Baumbach, J., Bader, G.D. netDx: Software for building interpretable patient classifiers by multi-’omic data integration using patient similarity networks. *F1000Research*, 9, pp. 1-42, 2021 DOI: 10.12688/F1000RESEARCH.26429.1
47. Loppi, S., Korhonen, P., Bouvy-Liivrand, M., Caligola, S., Turunen, T.A., Turunen, M.P., Hernandez de Sande, A., Kołosowska, N., Scoyni, F., Rosell, A., García-Berrocso, T., Lemarchant, S., Dhungana, H., Montaner, J., Koistinaho, J., Kanninen, K.M., Kaikkonen, M.U., Giugno, R., Heinäniemi, M., Malm, T. Peripheral inflammation preceding ischemia impairs neuronal survival through mechanisms involving miR-127 in aged animals. *Aging Cell*, 20 (1), art. no. e13287, 2021 DOI: 10.1111/accel.13287
48. Giannuzzi, D., Giudice, L., Marconato, L., Ferraresso, S., Giugno, R., Bertoni, F., Aresu, L. Integrated analysis of transcriptome, methylome and copy number aberrations data of marginal zone lymphoma and follicular lymphoma in dog. *Veterinary and Comparative Oncology*, 18 (4), pp. 645-655, 2020 DOI: 10.1111/vco.12588

49. Mantovani, E., Zucchella, C., Bottiroli, S., Federico, A., Giugno, R., Sandrini, G., Chiamulera, C., Tamburin, S. Telemedicine and Virtual Reality for Cognitive Rehabilitation: A Roadmap for the COVID-19 Pandemic. *Frontiers in Neurology*, 11, art. no. 926, 2020 DOI: 10.3389/fneur.2020.00926
50. Kolosowska, N., Gotkiewicz, M., Dhungana, H., Giudice, L., Giugno, R., Box, D., Huuskonen, M.T., Korhonen, P., Scoyni, F., Kanninen, K.M., Ylä-Herttuala, S., Turunen, T.A., Turunen, M.P., Koistinaho, J., Malm, T. Intracerebral overexpression of miR-669c is protective in mouse ischemic stroke model by targeting MyD88 and inducing alternative microglial/macrophage activation. *Journal of Neuroinflammation*, 17 (1), art. no. 194, 2020 DOI: 10.1186/s12974-020-01870-w
51. Cancellieri, S., Canver, M.C., Bombieri, N., Giugno*, R., Pinello*, L. CRISPRitz: Rapid, high-throughput and variant-aware in silico off-target site identification for CRISPR genome editing. *Bioinformatics*, 36 (7), pp. 2001-2008, 2020 DOI: 10.1093/bioinformatics/btz867
52. Bister, N., Pistono, C., Huremagic, B., Jolkonen, J., Giugno, R., Malm, T. Hypoxia and extracellular vesicles: A review on methods, vesicular cargo and functions. *Journal of Extracellular Vesicles*, 10 (1), art. no. e12002, 2020, DOI: 10.1002/jev2.12002
53. Romano, P., Céol, A., Dräger, A., Fiannaca, A., Giugno, R., La Rosa, M., Milanese, L., Pfeffer, U., Rizzo, R., Shin, S.-Y., Xia, J., Urso, A. The 2017 Network Tools and Applications in Biology (NETTAB) workshop: Aims, topics and outcomes. *BMC Bioinformatics*, 20, art. no. 125, 2019 DOI: 10.1186/s12859-019-2681-0
54. Cascione, L., Giudice, L., Ferrareso, S., Marconato, L., Giannuzzi, D., Napoli, S., Bertoni, F., Giugno, R., Aresu, L. Long non-coding RNAs as molecular signatures for canine B-cell lymphoma characterization. *Non-coding RNA*, 5 (3), art. no. 47, 2019 DOI: 10.3390/ncrna5030047
55. Micale, G., Pulvirenti, A., Ferro, A., Giugno, R., Shasha D. Fast methods for finding significant motifs on labelled multi-relational networks. *Journal of Complex Networks*, cnz008, 2019 DOI: 10.1093/comnet/cnz008
56. Konttinen, H., Cabral-da-Silva, M.E.C., Ohtonen, S., Wojciechowski, S., Shakirzyanova, A., Caligola, S., Giugno, R., Ishchenko, Y., Hernández, D., Fazaludeen, M.F., Eamen, S., Budia, M.G., Fagerlund, I., Scoyni, F., Korhonen, P., Huber, N., Haapasalo, A., Hewitt, A.W., Vickers, J., Smith, G.C., Oksanen, M., Graff, C., Kanninen, K.M., Lehtonen, S., Prosser, N., Schwartz, M.P., Pébay, A., Koistinaho, J., Ooi, L., Malm, T. PSEN1 δ E9, APPswe, and APOE4 Confer Disparate Phenotypes in Human iPSC Derived Microglia. *Stem Cell Reports*, 13 (4), pp. 669-683. 2019 DOI:10.1016/j.stemcr.2019.08.004

57. Trovato, R., Fiore, A., Sartori, S., Canè, S., Giugno, R., Cascione, L., Paiella, S., Salvia, R., De Sanctis, F., Poffe, O., Anselmi, C., Hofer, F., Sartoris, S., Piro, G., Carbone, C., Corbo, V., Lawlor, R., Solito, S., Pinton, L., Mandruzzato, S., Bassi, C., Scarpa, A., Bronte, V., Ugel, S. Immunosuppression by monocytic myeloid-derived suppressor cells in patients with pancreatic ductal carcinoma is orchestrated by STAT3 *Journal for ImmunoTherapy of Cancer*, 7 (1), art. no. 255, 2019 DOI: 10.1186/s40425-019-0734-6
58. Alongi, P., Sardina, D.S., Coppola, R., Scalisi, S., Puglisi, V., Arnone, A., Raimondo, G.D., Munerati, E., Alaimo, V., Midiri, F., Russo, G., Stefano, A., Giugno, R., Piccoli, T., Midiri, M., Grimaldi, L.M.E. 18F-Florbetaben PET/CT to Assess Alzheimer's Disease: A new Analysis Method for Regional Amyloid Quantification. *Journal of Neuroimaging*, 29 (3), pp. 383-393, 2019. DOI: 10.1111/jon.12601
59. Aparo, A., Bonnici, V., Micale, G., Ferro, A., Shasha, D., Pulvirenti, A., Giugno, R. Fast Subgraph Matching Strategies Based on Pattern-Only Heuristics. *Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences*, 11 (1), pp. 21-32. 2019 DOI: 10.1007/s12539-019-00323-0
60. Adamo, A., Brandi, J., Caligola, S., Delfino, P., Bazzoni, R., Carusone, R., Cecconi, D., Giugno, R., Manfredi, M., Robotti, E., Marengo, E., Bassi, G., Kamga, P.T., Collo, G.D., Gatti, A., Mercuri, A., Arigoni, M., Olivero, M., Calogero, R.A., Krampera, M. Extracellular vesicles mediate mesenchymal stromal cell-dependent regulation of B cell PI3K-Akt signaling pathway and actin cytoskeleton. *Frontiers in Immunology*, 10 (MAR), art. no. 446, 2019 DOI: 10.3389/fimmu.2019.00446
61. Bonnici, V., Giugno, R., Manca, V. PanDelos: A dictionary-based method for pan-genome content discovery. *BMC Bioinformatics*, 19, art. no. 437, 2018 DOI: 10.1186/s12859-018-2417-6
62. 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, art. no. 350, 2018 DOI: 10.1186/s12859-018-2298-8
63. 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, art. no. 356, 2018 DOI: 10.1186/s12859-018-2310-3
64. Sardina, D.S., Micale, G., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. INBIA: A boosting methodology for proteomic network inference. *BMC Bioinformatics*, 19, art. no. 188, 2018 DOI: 10.1186/s12859-018-2183-5

65. Lettieri, N., Altamura, A., Giugno, R., Guarino, A., Malandrino, D., Pulvirenti, A., Vicidomini, F., Zaccagnino, R. Ex Machina: Analytical platforms, law and the challenges of computational legal science. *Future Internet*, 10 (5), art. no. 37, 2018 DOI: 10.3390/fi10050037
66. Micale, G., Giugno, R., Ferro, A., Mongiovì, M., Shasha, D., Pulvirenti, A. Fast analytical methods for finding significant labeled graph motifs. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 32 (2), pp. 504-531, 2018 DOI: 10.1007/s10618-017-0544-8
67. Russo, F., Di Bella, S., Vannini, F., Berti, G., Scoyni, F., Cook, H.V., Santos, A., Nigita, G., Bonnici, V., Laganà, A., Geraci, F., Pulvirenti, A., Giugno, R., De Masi, F., Belling, K., Jensen, L.J., Brunak, S., Pellegrini, M., Ferro, A. MiRandola 2017: A curated knowledge base of non-invasive biomarkers. *Nucleic Acids Research*, 46 (D1), pp. D354-D359. DOI: 10.1093/nar/gkx854
68. Sardina, D.S., Alaimo, S., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. A novel computational method for inferring competing endogenous interactions. *Briefings in Bioinformatics*, 18 (6), pp. 1071-1081, 2017 DOI: 10.1093/bib/bbw084
69. Bonnici, V., Giugno, R. On the Variable Ordering in Subgraph Isomorphism Algorithms. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 14 (1), art. no. 7374671, pp. 193-203, 2017 DOI: 10.1109/TCBB.2016.2515595
70. Bonnici, V., Busato, F., Micale, G., Bombieri, N., Pulvirenti, A., Giugno, R. APPAGATO: An APproximate PArallel and stochastic GrAph querying TOol for biological networks. *Bioinformatics*, 32 (14), pp. 2159-2166, 2016 DOI: 10.1093/bioinformatics/btw223
71. L'Episcopo, F., Drouin-Ouellet, J., Tirolo, C., Pulvirenti, A., Giugno, R., Testa, N., Caniglia, S., Serapide, M.F., Cisbani, G., Barker, R.A., Cicchetti, F., Marchetti, B. GSK-3 β -induced Tau pathology drives hippocampal neuronal cell death in Huntington's disease: Involvement of astrocyte-neuron interactions. *Cell Death and Disease*, 7 (4), art. no. e2206, 2016 DOI: 10.1038/cddis.2016.104
72. Alaimo, S., Giugno, R., Acunzo, M., Veneziano, D., Ferro, A., Pulvirenti, A. Post-transcriptional knowledge in pathway analysis increases the accuracy of phenotypes classification, *Oncotarget*, 7 (34), pp. 54572-54582, 2016 DOI: 10.18632/oncotarget.9788
73. Eduati, F., Mangravite, L., Wang, T. et al. Prediction of human population responses to toxic compounds by a collaborative competition. *Nature Biotechnology*, 33 (9), pp. 933-940, 2015 DOI: 10.1038/nbt.3299

74. Alaimo, S., Bonnici, V., Cancemi, D., Ferro, A., Giugno, R., Pulvirenti, A. DT-Web: A web-based application for drug-target interaction and drug combination prediction through domain-tuned network-based inference. *BMC Systems Biology*, 9 (3), art. no. S4, 2015 DOI: 10.1186/1752-0509-9-S3-S4
75. Pulvirenti, A., Giugno, R., Distefano, R., Pigola, G., Mongiovi, M., Giudice, G., Vendramin, V., Lombardo, A., Cattonaro, F., Ferro, A. A knowledge base for *Vitis vinifera* functional analysis. *BMC Systems Biology*, 9 (3), art. no. S5 2015 DOI: 10.1186/1752-0509-9-S3-S5
76. Scoyni, F., Giugno, R. Circular RNAs and exosomes: The new frontier of cancer diagnosis. *Forum on Immunopathological Diseases and Therapeutics*, 6 (3-4), pp. 181-186, 2015 DOI: 10.1615/ForumImmunDisTher.2016016641
77. Micale, G., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. SPECTRA: An integrated knowledge base for comparing tissue and tumor-specific PPI networks in human. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 3 (MAY), art. no. 58, 2015 DOI: 10.3389/fbioe.2015.00058
78. Nigita, G., Alaimo, S., Ferro, A., Giugno, R., Pulvirenti, A. Knowledge in the investigation of A-to-I RNA editing signals. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 3 (FEB), art. no. 18, 2015 DOI: 10.3389/fbioe.2015.00018
79. Privitera, A.P., Distefano, R., Wefer, H.A., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. OCDB: A database collecting genes, miRNAs and drugs for obsessive-compulsive disorder. *Database*, 2015, art. no. bav069, 2015 DOI: 10.1093/database/bav069
80. Laganà, A., Veneziano, D., Russo, F., Pulvirenti, A., Giugno, R., Croce, C.M., Ferro, A. Computational design of artificial RNA molecules for gene regulation. *Methods in molecular biology* (Clifton, N.J.), 1269, pp. 393-412, 2015 DOI: 10.1007/978-1-4939-2291-8_25
81. Rinnone, F., Micale, G., Bonnici, V., Bader, G.D., Shasha, D., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. Netmatchstar: An enhanced Cytoscape network querying app *F1000Research*, 4, art. no. 479, 2015 DOI: 10.12688/f1000research.6656.2
82. Micale, G., Continella, A., Ferro, A., Giugno, R., Pulvirenti, A. GASOLINE: A Cytoscape app for multiple local alignment of PPI networks *F1000Research*, 3, 2014 DOI: 10.12688/f1000research.4537.2
83. Micale, G., Pulvirenti, A., Giugno, R., Ferro, A. GASOLINE: A greedy and stochastic algorithm for optimal local multiple alignment of interaction NEtworks. *PLoS ONE*, 9 (6), art. no. e98750, 2014 DOI: 10.1371/journal.pone.0098750

84. Alaimo, S., Giugno, R., Pulvirenti, A. ncPred: ncRNA-disease association prediction through tripartite network-based inference. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2 (DEC), art. no. 71, 2014 DOI: 10.3389/fbioe.2014.00071
85. Micale, G., Pulvirenti, A., Giugno, R., Ferro, A. Proteins comparison through probabilistic optimal structure local alignment. *Frontiers in Genetics*, 5 (AUG), art. no. Article 302, 2014 DOI: 10.3389/fgene.2014.00302
86. Bonnici, V., Russo, F., Bombieri, N., Pulvirenti, A., Giugno, R. Comprehensive reconstruction and visualization of non-coding regulatory networks in human. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2 (DEC), art. no. 69, 2014 DOI: 10.3389/fbioe.2014.00069
87. Russo, F., Di Bella, S., Bonnici, V., Laganà, A., Rainaldi, G., Pellegrini, M., Pulvirenti, A., Giugno, R., Ferro, A. A knowledge base for the discovery of function, diagnostic potential and drug effects on cellular and extracellular miRNAs *BMC Genomics*, 15, art. no. S4 2014 DOI: 10.1186/1471-2164-15-S3-S4
88. Laganà, A., Acunzo, M., Romano, G., Pulvirenti, A., Veneziano, D., Cascione, L., Giugno, R., Gasparini, P., Shasha, D., Ferro, A., Croce, C.M. MiR-Synth: A computational resource for the design of multi-site multi-target synthetic miRNAs. *Nucleic Acids Research*, 42 (9), pp. 5416-5425, 2014 DOI: 10.1093/nar/gku202
89. Giugno, R., Bonnici, V., Bombieri, N., Pulvirenti, A., Ferro, A., Shasha, D. GRAPES: A Software for Parallel Searching on Biological Graphs Targeting Multi-Core Architectures. *PLoS ONE*, 8 (10), art. no. e76911, 2013 DOI: 10.1371/journal.pone.0076911
90. Alaimo, S., Pulvirenti, A., Giugno, R., Ferro, A. Drug-target interaction prediction through domain-tuned network-based inference. *Bioinformatics*, 29 (16), pp. 2004-2008, 2013 DOI: 10.1093/bioinformatics/btt307
91. Giugno, R., Pulvirenti, A., Cascione, L., Pigola, G., Ferro, A. MIDClass: Microarray Data Classification by Association Rules and Gene Expression Intervals. *PLoS ONE*, 8 (8), art. no. e69873, 2013 DOI: 10.1371/journal.pone.0069873
92. Bonnici, V., Giugno, R., Pulvirenti, A., Shasha, D., Ferro, A. A subgraph isomorphism algorithm and its application to biochemical data. *BMC Bioinformatics*, 14 (SUPPL7), art. no. S13, 2013 DOI: 10.1186/1471-2105-14-S7-S13
93. Gissi, C., Romano, P., Ferro, A., Giugno, R., Pulvirenti, A., Facchiano, A., Helmer-Citterich, M. Bioinformatics in Italy: BITS 2012, the ninth

- annual meeting of the Italian Society of Bioinformatics. *BMC Bioinformatics*, 14 (SUPPL7), art. no. S1, 2013 DOI: 10.1186/1471-2105-14-S7-S1
94. Distefano, R., Nigita, G., Macca, V., Laganà, A., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A. VIRGO: Visualization of A-to-I RNA editing sites in genomic sequences. *BMC Bioinformatics*, 14 (SUPPL7), art. no. S5, 2013 DOI: 10.1186/1471-2105-14-S7-S5
 95. Cassisi, C., Ferro, A., Giugno, R., Pigola, G., Pulvirenti, A. Enhancing density-based clustering: Parameter reduction and outlier detection. *Information Systems*, 38 (3), pp. 317-330, 2013 DOI: 10.1016/j.is.2012.09.001
 96. Cascione, L., Ferro, A., Giugno, R., Laganà, A., Pigola, G., Pulvirenti, A., Veneziano, D. Elucidating the role of microRNAs in cancer through data mining techniques. *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 774, pp. 291-315, 2013 DOI: 10.1007/978-94-7-5590-1_15
 97. Laganà, A., Paone, A., Veneziano, D., Cascione, L., Gasparini, P., Carasi, S., Russo, F., Nigita, G., MacCa, V., Giugno, R., Pulvirenti, A., Shasha, D., Ferro, A., Croce, C.M. MiR-EdiTar: A database of predicted A-to-I edited miRNA target sites. *Bioinformatics*, 28 (23), pp. 3166-3168, 2013 DOI: 10.1093/bioinformatics/bts589
 98. Russo, F., Di Bella, S., Nigita, G., Macca, V., Laganà, A., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A. miRandola: Extracellular Circulating MicroRNAs Database. *PLoS ONE*, 7 (10), art. no. e47786, 2012 DOI: 10.1371/journal.pone.0047786
 99. Romano, P., Giugno, R., Pulvirenti, A. Tools and collaborative environments for bioinformatics research *Briefings in Bioinformatics*, 12 (6), art. no. bbr055, pp. 549-561, 2011 DOI: 10.1093/bib/bbr055
 100. Cristaldi, S., Ferro, A., Giugno, R., Pigola, G., Pulvirenti, A. Obstacles constrained group mobility models in event-driven wireless networks with movable base stations. *Ad Hoc Networks*, 9 (3), pp. 400-417, 2011 DOI: 10.1016/j.adhoc.2010.07.004
 101. Pavone, P., Pettoello-Mantovano, M., Le Pira, A., Giardino, I., Pulvirenti, A., Giugno, R., Parano, E., Polizzi, A., Distefano, A., Ferro, A., Pavone, L., Ruggieri, M. Acute disseminated encephalomyelitis: A long-term prospective study and meta-analysis. *Neuropediatrics*, 41 (6), pp. 246-255, 2010 DOI: 10.1055/s-0031-1271656
 102. Laganà, A., Russo, F., Sismeiro, C., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A. Variability in the incidence of miRNAs and genes in fragile sites and the role of repeats and CpG islands in the distribution of genetic material. *PLoS ONE*, 5 (6), art. no. e11166, 2010 DOI: 10.1371/journal.pone.0011166

103. Mongiovì, M., Di Natale, R., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A., Sharan, R. SIGMA: A set-cover-based inexact graph matching algorithm. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 8 (2), pp. 199-218, 2010 DOI: 10.1142/S021972001000477X
104. Di Natale, R., Ferro, A., Giugno, R., Mongiovì, M., Pulvirenti, A., Shasha, D. SING: Subgraph search In Non-homogeneous Graphs. *BMC Bioinformatics*, 11, art. no. 96, 2010 DOI: 10.1186/1471-2105-11-96
105. Laganà, A., Forte, S., Giudice, A., Arena, M.R., Puglisi, P.L., Giugno, R., Pulvirenti, A., Shasha, D., Ferro, A. MiRò: A miRNA knowledge base. *Database*, 2009, art. no. bap008, 2009 DOI: 10.1093/database/bap008
106. Di Pietro, C., Ragusa, M., Barbagallo, D., Duro, L.R., Guglielmino, M.R., Majorana, A., Giunta, V., Rapisarda, A., Tricarichi, E., Miceli, M., Angelica, R., Grillo, A., Banelli, B., Defferari, I., Forte, S., Laganà, A., Bosco, C., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A., Grzeschik, K.H., Di Cataldo, A., Tonini, G.P., Romani, M., Purrello, M. Involvement of GTA protein NC2 β in Neuroblastoma pathogenesis suggests that it physiologically participates in the regulation of cell proliferation. *Molecular Cancer*, 7, art. no. 52, 2008 DOI: 10.1186/1476-4598-7-52
107. Ferro, A., Giugno, R., Mongiovì, M., Pulvirenti, A., Skripin, D., Shasha, D. GraphFind: Enhancing graph searching by low support data mining techniques. *BMC Bioinformatics*, 9 (SUPPL. 4), art. no. S10, 2008 DOI: 10.1186/1471-2105-9-S4-S10
108. Di Pietro, C., Ragusa, M., Duro, L., Guglielmino, M.R., Barbagallo, D., Carnemolla, A., Laganà, A., Buffa, P., Angelica, R., Rinaldi, A., Calafato, M.S., Milicia, I., Caserta, C., Giugno, R., Pulvirenti, A., Giunta, V., Rapisarda, A., Di Pietro, V., Grillo, A., Messina, A., Ferro, A., Grzeschik, K.H., Purrello, M. Genomics, evolution, and expression of TBPL2, a member of the TBP family. *DNA and Cell Biology*, 26 (6), pp. 369-385, 2008 DOI: 10.1089/dna.2006.0527
109. Ferro, A., Giugno, R., Pigola, G., Pulvirenti, A., Skripin, D., Bader, G.D., Shasha, D. NetMatch: A Cytoscape plugin for searching biological networks. *Bioinformatics*, 23 (7), pp. 910-912, 2007 DOI: 10.1093/bioinformatics/btm032
110. Ferro, A., Giugno, R., Pigola, G., Pulvirenti, A., Di Pietro, C., Purrello, M., Ragusa, M. Sequence similarity is more relevant than species specificity in probabilistic backtranslation. *BMC Bioinformatics*, 8, art. no. 58, 2007 DOI: 10.1186/1471-2105-8-58
111. Di Pietro, C., Piro, S., Tabbì, G., Ragusa, M., Di Pietro, V., Zimmitti, V., Cuda, F., Anello, M., Consoli, U., Salinaro, E.T., Caruso, M., Vancheri,

- C., Crimi, N., Sabini, M.G., Cirrone, G.A.P., Raffaele, L., Privitera, G., Pulvirenti, A., Giugno, R., Ferro, A., Cuttone, G., Lo Nigro, S., Purrello, R., Purrello, F., Purrello, M. Cellular and molecular effects of protons: Apoptosis induction and potential implications for cancer therapy. *Apoptosis*, 11 (1), pp. 57-66, 2006 DOI: 10.1007/s10495-005-3346-1
112. Purrello, M., Di Pietro, C., Ragusa, M., Pulvirenti, A., Giugno, R., Di Pietro, V., Emmanuele, G., Travali, S., Scalia, M., Shasha, D., Ferro, A. In vitro and in silico cloning of *Xenopus laevis* SOD2 cDNA and its phylogenetic analysis *DNA and Cell Biology*, 24 (2), pp. 111-116, 2005 DOI: 10.1089/dna.2005.24.111
113. Biazzo, V., Giugno, R., Lukasiewicz, T., Subrahmanian, V.S. Temporal probabilistic object base. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 15 (4), pp. 921-939, 2003 DOI: 10.1109/TKDE.2003.1209009
114. Ferro, A., Gallo, G., Giugno, R., Pulvirenti, A. Best-match retrieval for structured images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23 (7), pp. 707-718, 2001 DOI: 10.1109/34.935845

- **Conferenze (una selezione)**

1. Nnadi, Gospel Ozioma; Bonnici, Vincenzo; Avesani, Simone; Viesi, Eva; Giugno, Rosalba; Leveraging Graph Information for Spatially Informed Patient Data Analysis with GIST *IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB)* 1-8 2025 IEEE
2. Ruggeri, Lorenzo; Viesi, Eva; Betti, Andrea; Giugno, Rosalba; Unveiling Novel Gene-Drug-Disease Interactions with GDD-BERT 2025 *IEEE 13th International Conference on Healthcare Informatics (ICHI)* 39-47 2025 IEEE
3. Ziche, Filippo; Bombieri, Nicola; Busato, Federico; Giugno, Rosalba; GPU-Accelerated BFS for Dynamic Networks *European Conference on Parallel Processing* 74-87 2024 Springer Nature Switzerland Cham
4. Tebaldi, Michele; Pravadelli, Graziano; Demrozi, Florenc; Giugno, Rosalba; Turetta, Cristian; Enhancing Freezing of Gait Detection in Parkinson's Through Fine-Tuned Deep Learning Models 2024 *IEEE International Conference on Digital Health (ICDH)* 87-94 2024 IEEE
5. Fraccaroli, Leonardo; Giugno, Rosalba; Cancellieri, Samuele; Busato, Federico; Bombieri, Nicola; FAST-CON: a Multi-source Approach for Efficient S-T Connectivity on Sparse Graphs 2023 *IEEE High Performance Extreme Computing Conference (HPEC)* 1-6 2023 IEEE
6. Avesani, Simone; Bonnici, Vincenzo; Pernice, Simone; Beccuti, Marco; Giugno, Rosalba; MODIMO: Workshop on Multi-Omics Data Integra-

tion for Modelling Biological Systems *Proceedings of the 32nd ACM International Conference on Information and Knowledge Management* 5259-5262 2023

7. Gambino, Simona; Quaglia, Francesca Maria; Galasso, Marilisa; Cavallini, Chiara; Chignola, Roberto; Lovato, Ornella; Aparo, Antonino; Ferrarini, Isacco; Giugno, Rosalba; Krampera, Mauro; BCR signaling activity stratifies patents with MCL with divergent clinical outcome *Conference Proceedings of the 7th Translational Research Conference: Lymphoid Malignancies* 1-2 2023
8. Giudice, L., Mengoni, C., Giugno, R., Simpati: Network-based System for Patients' Classification Reveals Disease Specific Pathways Driven by Cohesive Communities (2022) *The Fourteenth International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies, BIOTECHNO*, Venice.
9. Beccuti, M., Bonnici, V., Giugno, R. MODIMO: Workshop on Multi-Omics Data Integration for Modelling Biological Systems (2021) *International Conference on Information and Knowledge Management, Proceedings*, pp. 4870-4871. DOI: 10.1145/3459637.3482038
10. Cerri, G., Tognon, M., Altmann, A., Giugno, R. Mining genetic, transcriptomic and imaging data in Parkinson's disease (2021) *Proceedings - 2021 IEEE 9th International Conference on Healthcare Informatics, IS-CHI 2021*, pp. 556-557. DOI: 10.1109/ICHI52183.2021.00105
11. 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 (2021) *CEUR Workshop Proceedings*, 3052.
12. Bombieri, N., Mastrandrea, A., Scaffeo, S., Caligola, S., Fummi, F., Laudanna, C., Constantin, G., Giugno, R. On the simulation and automatic parametrization of metabolic networks through electronic design automation (2020) *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 12313 LNBI, pp. 323-334. DOI: 10.1007/978-3-030-63061-4_28
13. Bonnici, V., Caligola, S., Aparo, A., Giugno, R. Centrality Speeds the Subgraph Isomorphism Search Up in Target Aware Contexts (2020) *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 11925 LNBI, pp. 19-26. DOI: 10.1007/978-3-030-34585-3_3
14. Caligola, S., Carlucci, T., Fummi, F., Laudanna, C., Constantin, G., Bombieri, N., Giugno, R. Efficient Simulation and Parametrization of Stochastic

- Petri Nets in SystemC: A Case study from Systems Biology (2019) Proceedings of the 2019 Forum on Specification and Design Languages, FDL 2019, art. no. 8876940, . DOI: 10.1109/FDL.2019.8876940
15. Caligola, S., Carlucci, T., Fummi, F., Laudanna, C., Constantin, G., Bombieri, N., Giugno, R. Automatic Parameterization of the Purine Metabolism Pathway through Discrete Event-based Simulation (2019) 2019 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, CIBCB 2019, art. no. 8791471. DOI: 10.1109/CIBCB.2019.8791471
 16. Bonnici, V., Caligola, S., Fiorini, G., Giudice, L., Giugno, R. LErNet: Characterization of lncRNAs via context-aware network expansion and enrichment analysis (2019) 2019 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, CIBCB 2019, art. no. 8791487. DOI: 10.1109/CIBCB.2019.8791487
 17. Bombieri, N., Bonnici, V., Giugno, R. Parallel Searching on Biological Networks (2019) Proceedings - 27th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed and Network-Based Processing, PDP 2019, art. no. 8671572, pp. 307-314. DOI: 10.1109/EMPDP.2019.8671572
 18. Bonnici, V., Giugno, R., Bombieri, N. An Efficient Implementation of a Subgraph Isomorphism Algorithm for GPUs. (2019) Proceedings - 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2018, art. no. 8621444, pp. 2674-2681. DOI: 10.1109/BIBM.2018.8621444
 19. Pontali, G., Cascione, L., Arribas, A.J., Rinaldi, A., Bertoni, F., Giugno, R. A Reliable Method to Remove Batch Effects Maintaining Group Differences in Lymphoma Methylation Case Study (2019) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 11466 LNBI, pp. 24-32. DOI: 10.1007/978-3-030-17935-9_3
 20. Aparo, A., Bonnici, V., Micale, G., Ferro, A., Shasha, D., Pulvirenti, A., Giugno, R. Simple pattern-only heuristics lead to fast subgraph matching strategies on very large networks (2019) Advances in Intelligent Systems and Computing, 803, pp. 131-138. DOI: 10.1007/978-3-319-98702-6_16
 21. Distefano, R., Goncharenko, N., Fummi, F., Giugno, R., Badery, G.D., Bombieri, N. SyQUAL: A platform for qualitative modelling and simulation of biological systems (2016) 2016 IEEE International High Level Design Validation and Test Workshop, HLDVT 2016, art. no. 7748270, pp. 155-161. DOI: 10.1109/HLDVT.2016.7748270

22. Coati, D., Distefano, R., Bombieri, N., Fummi, F., Mirenda, M., Laudanna, C., Giugno, R. A SystemC-based platform for assertion-based verification and mutation analysis in systems biology (2016) LATS 2016 - 17th IEEE Latin-American Test Symposium, art. no. 7483363, pp. 159-164. DOI: 10.1109/LATW.2016.7483363
23. Distefano, R., Fummi, F., Laudanna, C., Bombieri, N., Giugno, R. A systemc platform for signal transduction modelling and simulation in systems biology (2015) Proceedings of the ACM Great Lakes Symposium on VLSI, GLSVLSI, 20-22-May-2015, pp. 233-236. DOI: 10.1145/2742060.2742115
24. Bombieri, N., Distefano, R., Scardoni, G., Fummi, F., Laudanna, C., Giugno, R. Dynamic modeling and simulation of leukocyte integrin activation through an electronic design automation framework (2014) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 8859, pp. 143-154. DOI: 10.1007/978-3-319-12982-2_11
25. Aliotta, M., Cannata, A., Cassisi, C., Giugno, R., Montalto, P., Pulvirenti, A. DBStrata: A system for density-based clustering and outlier detection based on stratification (2011) Proceedings - 4th International Conference on Similarity Search and Applications, SISAP 2011, pp. 107-108. DOI: 10.1145/1995412.1995432
26. Rivas, D.F., Corchuelo, D.S., Figueroa, C., Corrales, J.C., Giugno, R. Business process model retrieval based on graph indexing method (2011) Lecture Notes in Business Information Processing, 66 LNBIP, pp. 238-250. DOI: 10.1007/978-3-642-20511-8_24
27. Ferro, A., Giugno, R., Puglisi, P.L., Pulvirenti, A. MySQL data mining: Extending MySQL to support data mining primitives (demo) (2010) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 6278 LNAI (PART 3), pp. 438-444. DOI: 10.1007/978-3-642-15393-8_49
28. Bonnici, V., Ferro, A., Giugno, R., Pulvirenti, A., Shasha, D. Enhancing graph database indexing by suffix tree structure (2010) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 6282 LNBI, pp. 195-203. DOI: 10.1007/978-3-642-16001-1_17
29. Ferro, A., Giugno, R., Puglisi, P.L., Pulvirenti, A. An efficient duplicate record detection using q-grams array inverted index (2010) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 6263 LNCS, pp. 309-323. DOI: 10.1007/978-3-642-15105-7_25

30. Ferro, A., Giugno, R., Mongiovi, M., Pulvirenti, A. Distributed randomized algorithms for low-support data mining (2009) IPDPS 2009 - Proceedings of the 2009 IEEE International Parallel and Distributed Processing Symposium, art. no. 5161156. DOI: 10.1109/IPDPS.2009.5161156
31. Ferro, A., Giugno, R., Puglisi, P.L., Pulvirenti, A. BitCube: A bottom-up cubing engineering (2009) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 5691 LNCS, pp. 189-203. DOI: 10.1007/978-3-642-03730-6_16
32. Ferro, A., Giugno, R., Mongiovi, M., Pigola, G., Pulvirenti, A. Distributed antipole clustering for efficient data search and management in euclidean and metric spaces (2006) 20th International Parallel and Distributed Processing Symposium, IPDPS 2006, 2006, art. no. 1639313. DOI: 10.1109/IPDPS.2006.1639313
33. Giugno, R., Pulvirenti, A., Reforgiato Recupero, D. Clustered trie structures for approximate search in hierarchical objects collections (2005) Lecture Notes in Computer Science, 3686 (PART I), pp. 63-70. DOI: 10.1007/11551188_7
34. Cantone, D., Ferro, A., Giugno, R., Presti, G.L., Pulvirenti, A. Multiple-winners randomized tournaments with consensus for optimization problems in generic metric spaces (2005) Lecture Notes in Computer Science, 3503, pp. 265-276. DOI: 10.1007/11427186_24
35. Giugno, R., Pulvirenti, A., Ragusa, M., Facciola, L., Patelmo, L., Di Pietrot, V., Di Pietrot, C., Purrello, M., Ferro, A. Locally sensitive back-translation based on multiple sequence alignment (2004) Proceedings of the 2004 IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, CIBCB'04, pp. 231-237.
36. Giugno, R., Shasha, D. GraphGrep: A fast and universal method for querying graphs (2002) Proceedings - International Conference on Pattern Recognition, 16 (2), pp. 112-115.
37. Giugno, R., Lukasiewicz, T. P-SHOQ(D): A probabilistic extension of SHOQ(D) for probabilistic ontologies in the semantic web (2002) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 2424 LNAI, pp. 86-97. DOI: 10.1007/3-540-45757-7_8
38. Giugno, R., Lukasiewicz, T. P-SHOQ(D): A probabilistic extension of SHOQ(D) for probabilistic ontologies in the semantic web (2002) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 2424, pp. 86-97.

39. Shasha, D., Wang, J.T.L., Giugno, R. Algorithmics and applications of tree and graph searching (2002) Proceedings of the ACM SIGACT-SIGMOD-SIGART Symposium on Principles of Database Systems, pp. 39-52. DOI: 10.1145/543613.543620
40. Ferro, A., Gallo, G., Giugno, R. Approximate search in image database (2000) Proceedings of SPIE - The International Society for Optical Engineering, 3972, pp. 210-214.
41. Ferro, A., Gallo, G., Giugno, R. Error-tolerant database for structured images (1999) Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics), 1614, pp. 51-59. DOI: 10.1007/3-540-48762-x_7

• **Capitoli di Libro**

1. Mensi, A., Bonnici, V., Caligola, S., Giugno, R. Construction and Analysis of miRNA Regulatory Networks (2019) Methods in Molecular Biology, 1970, pp. 121-167. DOI: 10.1007/978-1-4939-9207-2_9
2. Scoyni, F., Bonnici, V., Giugno, R., Pulvirenti, A. Genetic Alteration of MicroRNA Affecting Cancer Pathways (2018) Cancer and Noncoding RNAs, pp. 269-287. DOI: 10.1016/B978-0-12-811022-5.00015-2
3. Alaimo, S., Giugno, R., Pulvirenti, A. Recommendation techniques for drug-target interaction prediction and drug repositioning (2016) Methods in Molecular Biology, 1415, pp. 441-462. DOI: 10.1007/978-1-4939-3572-7_23
4. Russo, F., Scoyni, F., Fatica, A., Pellegrini, M., Ferro, A., Pulvirenti, A., Giugno, R. Circulating Noncoding RNAs as Clinical Biomarkers (2016) Epigenetic Biomarkers and Diagnostics, pp. 239-258. DOI: 10.1016/B978-0-12-801899-6.00012-7
5. Cascione, L., Ferro, A., Giugno, R., Pigola, G., Pulvirenti, A. Microarray data analysis: From preparation to classification (2014) Biological Knowledge Discovery Handbook: Preprocessing, Mining and Postprocessing of Biological Data, pp. 657-673. DOI: 10.1002/9781118617151.ch29
6. Laganà, A., Giugno, R., Pulvirenti, A., Ferro, A. Computational approaches to RNAi and gene silencing(2013) From Linear Operators to Computational Biology: Essays in Memory of Jacob T. Schwartz, 9781447142829, pp. 169-194. DOI: 10.1007/978-1-4471-4282-9_9