

CURRICULUM VITAE di **GIOVANNI SCARDONI**

Dati anagrafici:

- **Luogo e data di nascita:** Negrar (VR) il 03/02/1976

Titoli di studio:

- **Laurea in Informatica**, conseguita presso l'Università di Verona il 19 marzo 2003 con voto: **110/110 e lode**. Titolo della tesi: "Approssimazione di algoritmi mediante interpretazione astratta".
- **Dottorato di ricerca in Informatica**, conseguito presso l'Università di Verona il 21 aprile 2010. Titolo della tesi: "Computational Analysis of biological networks".
- **TFA - Abilitazione all'insegnamento dell'informatica - A042 (Ora A041 scienze e tecnologie informatiche)** presso Università di Verona, votazione 94/100. Verona, 01/07/2013 • **PAS - Abilitazione all'insegnamento della matematica - A047 (Ora A026- matematica)** presso Università di Padova, votazione 93/100. Padova, 26/06/2014

Lingua straniera: buona conoscenza della lingua **inglese**.

Esperienze professionali:

Didattica e attività scolastica:

- Presso Liceo Giovanni Cotta (2017-oggi)
 - Docente di informatica nell'indirizzo scienze applicate
 - Animatore digitale
 - Responsabile laboratori di Informatica sede di Porto
 - Docente corsi di programmazione di base, Python, Crittografia (in orario extra scolastico)
 - Amministratore Google Workspace for Education
 - Docente corsi per docenti:
 - Visual Basic per docenti matematica
 - Google moduli
 - Google drive
 - Videolezioni con Google Meet
- Docente di **informatica** presso liceo scientifico Aleardo Aleardi (2015 – 2017). Docente per il corso di **Robotica** partecipazione al concorso RoboVal 2016, **organizzazione seminari** (seminario di Robotica del prof. Fiorini, Università di Verona). Supervisore ECDL, organizzazione corsi ed esami per ECDL.
- Docente di **informatica** presso liceo scientifico **Messedaglia** (2013-2015), Docente corso di **Robotica** liceo scientifico **Messedaglia** (2014), Docente corso di **Bioinformatica** presso liceo scientifico **Messedaglia** (2013). Organizzazione seminari (Ecological network analysis, prof. Ferenc Jordan COSBI, Trento)
- Docente di **informatica e matematica** presso **Enaip Veneto** (2007-2015). Referente per la stesura delle rubriche delle competenze (progetto 50/1/1/1758/2009 del CNOS-FAP Veneto per la rielaborazione della rubriche delle competenze; 2009-

2010.), organizzazione gite scolastiche, tornei scolastici, referente del progetto **carcere-scuola**.

- Docente di laboratorio del corso di **Intelligenza Artificiale**, presso l'**Università di Verona**, Dipartimento di Informatica (Prof. L. Bellin, A.A. 1998-1999 e 2005-2006). • Assistente al corso di **Intelligenza Artificiale**, presso l'Università di Verona, Dipartimento di Informatica (Prof. L. Bellin, A.A. 1998-1999).
- Docente di **informatica per ULSS 21** presso CTRP Villa Stellini e Centro diurno il Girasole, Nogara. Corso di informatica per pazienti psichiatrici ospiti delle strutture, 4 ore a settimana (2006-2008).

Ricerca e programmazione software

<https://scholar.google.it/citations?user=MC3YvscAAAAJ&hl=en>:

- Collaboratore alla ricerca presso il centro di BioMedicina Computazionale **CBMC, Università di Verona** (2007-2020), diverse tipologie di contratto). Argomenti trattati: Studio di algoritmi per l'analisi di network biologici e loro realizzazione software. Mentor per i progetti del **Google Summer of Code** (2013, 2014, 2016, 2017) assegnati al NRRB (National Resources for Network Biology)

Software per l'analisi di reti biologiche progettati e implementati:

- **Interference 1.0** Cytoscape plug-in per simulare esperimenti knock-out su reti biologiche
- **CentiScaPe 2.0, 2.1 (for Cytoscape 3), 1.0, 1.1, 1.2 and 1.21** (Centralities for Cytoscape 2.8.x). Cytoscape plug-in per l'analisi di network centralities.
- **FastCent**. Versione Web di Centiscape (www.cbmc.it/fastcent)
- **PeSca 1.0, 2.0 and 3.0** (Path Extraction by Smallest Cost Algorithm). Cytoscape plug-in per il calcolo dei cammini minimi

Correlatore per tesi di Laurea e di dottorato:

- Correlatore per tesi di dottorato di ricerca in Informatica. Università di Verona, dipartimento di Informatica, ciclo 29. Titolo della tesi: Biological network analysis: from topological indexes to biological applications towards personalised medicine. Candidato: Gabriele Tosadori. Relatore: Prof. Fausto Spoto (dal 01-01-2014 al 01-01-2017)
- Correlatore per tesi di Laurea in BioInformatica, Università di Verona. 1_ Studente Gabriele Tosadori. Titolo _Towards personalized medicine: integrating experimental data into topological network analysis 2014, University of Verona. 2_ Studente Andrea Pegoraro "Directed and undirected network analysis as a new computational approach to analyze networks", 2012.
- Correlatore per tesi di Laurea in Informatica, Università di Verona. Studente Michele Petterlini: "Interpretazione astratta ed applicazioni concrete su pathway biochimici", 2005

Publicazioni Scientifiche

- Tosadori G, Di Silvestre D, Spoto F, Mauri P, Laudanna C, **Scardoni G**. (2021). *Analysing omics data sets with weighted nodes networks (WNNets)*. Scientific Reports. 11. 10.1038/s41598-021-93699-3.
- **Scardoni G**, Tosadori G, Morris J, Pratap S, Laudanna C, Han A. (2019). *Computational Methods for Signal Transduction: A Network Approach*. 10.1002/9781119060208.ch7. In Cellular Signal Transduction in Toxicology and Pharmacology: Data Collection, Analysis, and Interpretation. Book Editor(s):Jonathan W. Boyd, Richard R. Neubig
- Han A, Currie H, Loos M, **Scardoni G**, Miller J, Prince N, Mouch J, Boyd J. (2017). *The impact of cytokine responses in the intra- and extracellular signaling network of a traumatic injury*. Cytokine. 106. 10.1016/j.cyto.2017.10.027.
- Di Silvestre D, Brambilla F, **Scardoni G**, Brunetti P, Motta S, Matteucci M, Laudanna C, Recchia F, Lionetti V, Mauri P. (2017). *Proteomics-based network analysis characterizes biological processes and pathways activated by preconditioned mesenchymal stem cells in cardiac repair mechanisms*. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects. 1861. 10.1016/j.bbagen.2017.02.006.
- Malpeli G, Barbi S, Zupo S, Tosadori G, **Scardoni G**, Bertolaso A, Sartoris S, Ugel S, Vicentini C, Fassan M, Adamo A, Krampera M, Scupoli M, Croce C, Scarpa A. (2017). *Identification of microRNAs implicated in the late differentiation stages of normal B cells suggests a central role for miRNA targets ZEB1 and TP53*. Oncotarget. 8. 10.18632/oncotarget.14683.
- Tosadori G, Bestvina I, Spoto F, Laudanna C, **Scardoni G** (2016). *Creating, generating and comparing random network models with Network Randomizer*. F1000RESEARCH, vol. 5, ISSN: 2046-1402, doi:10.12688/f1000research.9203.1
- **Scardoni G**, Tosadori G, Pratap S *et al.* *Finding the shortest path with PesCa: a tool for network reconstruction*. F1000Research 2015, 4:484 (doi: 10.12688/f1000research.6769.1)
- Mirenda M, Toffali L, Montresor A, **Scardoni G**, Sorio C, Laudanna C. *Protein Tyrosine Phosphatase Receptor Type γ Is a JAK Phosphatase and Negatively Regulates Leukocyte Integrin Activation*. J Immunol. 2015 Mar 1;194(5):2168-79. doi: 10.4049/jimmunol.1401841. Epub 2015 Jan 26
- Nicola Bombieri, Rosario Distefano, **Giovanni Scardoni**, Franco Fummi, Carlo Laudanna, Rosalba Giugno. *Dynamic modeling and simulation of leukocyte integrin activation through an electronic design automation framework*. DOI: 10.1007/978-3-319-12982-2_11 Conference: Computation Methods in Systems Biology, At Manchester, Volume: 8859
- **Scardoni G**, Tosadori G, Faizan M *et al.* *Biological network analysis with CentiScaPe: centralities and experimental dataset integration [v1; ref status: approved with reservations 2, http://f1000r.es/3p0]* F1000Research 2014, 3:139 (doi: 10.12688/f1000research.4477.1)
- **Scardoni G**, Montresor A, Tosadori G, Laudanna C. *Node Interference and Robustness: Performing Virtual Knock-Out Experiments on Biological*

- Networks: The Case of Leukocyte Integrin Activation Network*. (2014) PLoS ONE 9(2): e88938. doi: 10.1371/journal.pone.0088938
- Holly N. Currie, Julie A. Vrana, Alice A. Han, **Giovanni Scardoni**, Nate Boggs, and Jonathan W. Boyd. *An Approach to Investigate Intracellular Protein Network Responses* *Chemical Research in Toxicology*. 2014 27 (1), 17-26
 - **Giovanni Scardoni**; Michele Petterlini; Carlo Laudanna. *Analyzing biological network parameters with CentiScaPe*. (2009) *Bioinformatics*, 25 (21), pp. 2857-2859.
 - **Giovanni Scardoni** and Carlo Laudanna. *Identifying critical traffic jam areas with node centralities interference and robustness*. *Networks and heterogeneous media*. vol. 7, no. 3. Pages: 463 - 471, September 2012. American Institute of Mathematical Sciences.
 - Alla Karnovsky, Terry Weymouth, Tim Hull, V. Glenn Tarcea, **Giovanni Scardoni**, Carlo Laudanna, Maureen A. Sartor, Kathleen A. Stringer, H. V. Jagadish, Charles Burant, Brian Athey, and Gilbert S. Omenn. *Metscape 2 bioinformatics tool for the analysis and visualization of metabolomics and gene expression data*. *Bioinformatics*, 28(3):373{380}, February 2012.
 - Lucia De Franceschi; **Giovanni Scardoni**; Carlo Tomelleri; Adrian Danek; Ruth Walker; Hans HJung; Benedikt Bader; Sara Mazzucco; MariaTeresa Dotti; Angela Siciliano; Antonella Pantaleo; Carlo Laudanna. *Computational identification of phospho-tyrosine sub-networks related to acanthocytes generation in neuroacanthocytosis*. PLoS ONE 7(2): e31015. doi: 10.1371/journal.pone.0031015.
 - **Giovanni Scardoni** and Carlo Laudanna. *Identifying critical road network areas with node centralities interference and robustness*. , Springer Berlin Heidelberg, Studies in Computational Intelligence Volume 424, 2013, pp 245-255 Springer Berlin Heidelberg (proceedings of the CompleNet2012 conference).
 - **Giovanni Scardoni** and Carlo Laudanna. *Network centralities Interference and Robustness*. 24 October 2011 (5 pages) *Int.J.Comp.Syst.Sci.* vol.1(2), pp.164-168 (2011)
 - **Giovanni Scardoni** *Analyzing Biological Pathways by Abstract Interpretation*. Proceedings of the First international workshop on Emerging Application of Abstract Interpretation, Electronic Notes in Theoretical Computer Science, Elsevier 2006.

Scuole e corsi

- *Course in Biology, University of Padova, Italy, Faculty of agriculture. October 2011 – January 2012*
- *2nd International School of Advanced BioMedicine and BioInformatics on MolecularBioMedicine, Medical Genomics and BioInformatics. June 18-25, 2005, Pantelleria (Italy).*
- *1st Permanent European School in Bioinformatics (Biosapiens). July 7-13, 2004, Verona (Italy)*
- *2nd ESF Training Course on Molecular Interaction. July 13-16, 2004, Verona (Italy).*
- *Course of computational methods for diagnostic: neural networks, genetics algorithms and fuzzy logics. March 10, 2006, Verona (Italy).*

Partecipazione come relatore a seminari e conferenze

- Node centralities interference and robustness. Netsci2014, 4-6 June 2014, Berkeley, California (selected for Ignite talks, best contribution session).
- Centiscape 3.0! New features for network analysis: Directed centralities, multiple networks analysis, and integration with experimental data set. Cytoscape retreat 2013, October 10, 2013, Institut Pasteur, Paris.
- Protein network analysis with CentiScaPe and Interference plugins. Cytoscape retreat 2012, December 14, 2012, Gladstone Institute (UCSF), San Francisco (California).
- Network analysis Cytoscape plugins. July 18, 2012. Ideker Lab, UCSD, La Jolla (California).
- Protein network analysis with CentiScaPe and Interference plugins: the case of leukocyte integrin activation network. 20th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB), Technology Track Session, July 17, 2012. Long Beach (California).
- Identifying critical road network areas with node centralities interference and robustness. 3rd Workshop on Complex Networks, Comple-Net 2012. March 7, 2012, Melbourne (Florida).
- Network centralities interference and robustness. Net-Works 2011, October 26- 28, El Escorial, Madrid (Spain).
- Biological networks analysis course of Algorithm and programming languages for Bioinformatics, Degree in Bioinformatics, University of Verona. June 6, 2011, Verona (Italy).
- Computational analysis of biological networks". Parc de Recerca Biomedica Barcelona (PRBB). February 18, 2011, Barcelona (Spain).
- Computational analysis of biological networks". COSBI, February 8, 2011, Trento (Italy).
- Analyzing biological networks with CentiScaPe, Cytoscape retreat 2010, July 18, 2010, Ann Arbor (Michigan).
- Biological networks analysis, course of Discrete biological models, (prof. Giuditta Franco, Degree in Bioinformatics, University of Verona. June 23, 2009, Verona (Italy).
- Biological networks analysis, course of Infobiotics (prof. Giuditta Franco), Degree in biotechnologies, University of Verona. April 15, 2009, Verona (Italy).
- Analyzing biological Pathways by Abstract Interpretation Design and Application, workshop AIDA – Abstract Interpretation . February 17, 2006, Pisa (Italy).

Si autorizza il trattamento delle informazioni personale ai fini dell'attività di ricerca e selezione del personale ai sensi del D.Lgs 196/2003.

Verona 16/06/2024