

Yuri Pirola

Curriculum Vitae

E-Mail: yuri.pirola@gmail.com

Homepage: http://bimib.disco.unimib.it/index.php/Pirola_Yuri

Titoli di Studio

- Dottorato di Ricerca in Informatica (XXII Ciclo) conseguito presso l'Università degli Studi di Milano-Bicocca, 3 febbraio 2010.
Il titolo della tesi è "*Combinatorial Problems in Studies of Genetic Variations: Haplotyping and Transcript Analysis*", svolta sotto la supervisione di Prof. Paola Bonizzoni.
- Laurea Specialistica in Informatica con la votazione di 110/110 e lode, conseguita presso l'Università degli Studi di Milano-Bicocca, 2006.
Il titolo della tesi è "*Analisi della Neutralità degli Spazi di Ricerca Booleani in Programmazione Genetica*", svolta sotto la supervisione di Dott. Leonardo Vanneschi e Prof. Giancarlo Mauri.
- Laurea in Informatica, 110/110 e lode, conseguita presso l'Università degli Studi di Milano-Bicocca, 2003.
Il titolo della relazione finale è "*Algoritmi per il Calcolo della Distanza Evolutiva*", svolta sotto la supervisione di Prof. Paola Bonizzoni e Prof. Giancarlo Mauri.

Posizioni

- Assegnista di Ricerca presso l'Università degli Studi di Milano-Bicocca dal 1 gennaio 2011.
Il titolo dell'assegno di ricerca, di durata biennale e dell'area scientifico disciplinare di scienze informatiche (INF/01), è "Inferenza efficiente di aplotipi in popolazioni di animali da reddito mediante marcatori SNP ad alta densità". L'assegno di ricerca è co-finanziato da Regione Lombardia (fondi di finanziamento di Assegni di Ricerca Applicata, 2-18-5999000-2) e da Parco Tecnologico Padano, Lodi.
- Collaborazione retribuita al progetto di ricerca "PROZOO" presso il Parco Tecnologico Padano, Lodi, dal 22 marzo 2010 al 31 dicembre 2010.
L'attività di ricerca è stata coordinata da Dott. Alessandra Stella e Dott. Stefano Biffani sotto la supervisione del responsabile di progetto Dott. John Williams.

Partecipazione a Progetti di Ricerca

- Progetto NEXTGEN “Next Generation methods to preserve farm animal biodiversity by optimizing present and future breeding options”.
Finanziatore: European Commission, 7th Framework Programme.
Il contributo personale in questo progetto riguarda lo sviluppo, implementazione e sperimentazione di metodi algoritmici efficienti per la ricostruzione di aplotipi a partire da dati di sequenziamento di nuova generazione.
- Progetto PROZOO “Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi di fertilità, resistenza alle malattie e assicurazione della qualità dei prodotti in bovini e suini”.
Finanziatori: Fondazione Cariplo e Regione Lombardia.
Il contributo personale in questo progetto riguarda lo sviluppo, implementazione e sperimentazione di metodi algoritmici efficienti per l’inferenza di aplotipi a partire da genotipi in grandi popolazioni animali.

Borse di Studio

- Borsa di Studio Ministeriale per la frequenza del Dottorato di Ricerca da Novembre 2006 a Ottobre 2009.
- Borsa di Studio per Giovani Promettenti sul tema “Sviluppo e Utilizzo di Tecniche di Soft Computing Applicate all’Analisi di Sequenze Biologiche” da Maggio 2006 a Ottobre 2006. Responsabile: Dott. Giulio Pavesi, Università degli Studi di Milano.

Attività Scientifica

I miei interessi di ricerca si concentrano sullo studio della complessità computazionale di problemi di ottimizzazione e sul disegno e sperimentazione di algoritmi risolutivi efficienti utilizzando diverse tecniche, prevalentemente di carattere combinatorio.

Bioinformatica

Le attività di ricerca più recenti hanno interessato alcune problematiche di recente interesse in bioinformatica relative allo studio di variazioni genetiche tra individui. In particolare si è affrontato lo studio di problematiche relative a (1) predizione di eventi di splicing alternativo tramite allineamento di sequenze espresse e (2) inferenza di aplotipi a partire da genotipi.

Predizione di Eventi di Splicing Alternativo. Lo splicing alternativo è un meccanismo biologico che permette l'espansione dell'insieme delle proteine prodotte a partire dal patrimonio genetico di un individuo. La caratterizzazione dei prodotti di tale meccanismo, chiamati *isoforme*, è un obiettivo di primaria importanza sia per la comprensione della fisiologia di un organismo sia per lo studio di numerose patologie in cui eventi aberranti di splicing alternativo sono un elemento determinante (Modrek et al., 2002). Il costo e il tempo necessario per la determinazione *in vitro* delle possibili isoforme rendono i metodi computazionali di predizione di isoforme l'unica strada di fatto perseguibile per lo studio su larga scala dello splicing alternativo.

A supporto della ricerca in questo ambito ho contribuito alla realizzazione di un algoritmo efficiente per la predizione delle isoforme. In particolare, in [8] è stato proposto e sperimentato un algoritmo combinatorio per la predizione delle isoforme a partire dalle informazioni di allineamento di frammenti di sequenze espresse (chiamati *EST*). In presenza di splicing alternativo, i metodi tradizionali per l'allineamento di EST rispetto a una sequenza genomica di riferimento presentano importanti limiti. Di conseguenza ho disegnato e sviluppato un algoritmo [13] in grado di sfruttare l'elevata ridondanza dei dati al fine di determinare una struttura di consenso della sequenza genomica, migliorando così l'affidabilità degli allineamenti delle EST su cui si basa la predizione di isoforme. Inoltre, ho ideato e realizzato un nuovo algoritmo efficiente di allineamento di sequenze espresse (presentato in [1] e, nei dettagli, nella tesi del dottorato di ricerca [17]). Questo nuovo algoritmo di allineamento si basa sull'impiego efficiente di una struttura dati di indicizzazione chiamata *suffix-tree* (Weiner, 1973) e sulla rappresentazione implicita degli allineamenti biologicamente plausibili tramite un grafo. L'integrazione delle implementazioni di questi tre algoritmi, descritta in [1, 10], ha fornito alla ricerca biologica un tool completo, open source, accurato ed efficiente per la predizione di isoforme.

La crescita esponenziale della quantità di dati disponibili, nonché l'affermarsi di nuove possibili tipologie di dati (come *short-reads* e *paired-ends*) da cui effettuare la predizione di isoforme, pone nuove problematiche che sono al momento allo studio nell'attività corrente di ricerca.

Inferenza di Aplotipi. L'individuazione di possibili geni coinvolti nell'insorgenza di malattie o nella determinazione di caratteristiche dell'individuo avviene mediante lo studio degli aplotipi degli individui di una popolazione (Altshuler et al., 2008). L'aplotipo di un individuo è una rappresentazione del suo patrimonio genetico ristretto a particolari siti di interesse (*marker loci*) dove esiste variabilità fra gli individui della popolazione. Ciascun individuo di organismi evoluti, quali i vertebrati, possiede una coppia di aplotipi, ciascuno dei quali è stato ereditato da uno dei genitori. I metodi computazionali di inferenza di aplotipi determinano le coppie di aplotipi degli individui di una popolazione a partire da una rappresentazione congiunta delle stesse (chiamata genotipo) che è ottenibile in laboratorio a una frazione del costo rispetto agli aplotipi. Il processo di inferenza è guidato da un modello (*modello genetico*) di evoluzione e diffusione del patrimonio genetico degli individui della popolazione. A seconda delle caratteristiche della popolazione e dei dati in esame, sono stati proposti in letteratura diversi modelli genetici i quali, a loro volta, determinano diversi problemi computazionali (Gusfield et al., 2006).

In questo ambito nella mia attività di ricerca ho studiato un particolare problema di inferenza di aplotipi, chiamato *pure parsimony xor haplotyping*, per il quale ho disegnato algoritmi risolutivi esatti (in tempo polinomiale per istanze ristrette e parametrici per istanze generali), di approssimazione e euristici [6, 14]. Il problema, motivato biologicamente (Barzuya et al., 2005, Climer et al. 2009), ha una struttura combinatoria che mostra profonde relazioni, attualmente allo studio, con problemi su grafi (come *Graph Realization* (Tutte, 1960)) di interesse più generale.

La rappresentazione della storia evolutiva di caratteri genetici e delle relazioni di parentela tra gli individui di una popolazione (di cui una rassegna è presentata in [7]) fornisce informazioni aggiuntive per l'inferenza di aplotipi. In particolare in letteratura si è mostrato che l'inferenza di aplotipi in popolazioni di cui si conoscono i rapporti di parentela che intercorrono fra gli individui (*popolazioni strutturate*) è precisa e affidabile (Zhang et al., 2006).

In [4, 11] è stato ideato e sperimentato un metodo per l'inferenza di aplotipi in popolazioni strutturate e in presenza delle due tipologie di eventi di variazione genetica più comuni nella trasmissione del patrimonio genetico da genitore a figlio. Questo algoritmo è basato su una trasformazione (riduzione polinomiale) del problema di inferenza di aplotipi in un problema di teoria dei codici, chiamato *Nearest Codeword Problem* (Ausiello et al., 1999), in modo tale che eventi di variazione corrispondano a violazioni di vincoli di parità di un codice lineare. Sulla base di idee presenti nella letteratura scientifica di teoria dei codici, sono attualmente allo studio estensioni dell'algoritmo che integrino ulteriori informazioni riguardanti i genotipi (quali la presenza di recombination hotspot e la distanza fra marker loci) al fine di migliorare ulteriormente la qualità del processo di inferenza.

In [9] si è proposta un'estensione della formulazione combinatoria del problema di inferenza di aplotipi in popolazioni strutturate che include la possibile presenza di errori nei genotipi osservati sperimentalmente. Gli errori di genotipizzazione possono pregiudicare i risultati delle analisi successive ma non sono considerati da molti metodi esistenti di inferenza di aplotipi perché difficili da individuare e da gestire. Per questa formulazione del problema (che si dimostra essere computazionalmente difficile, in particolare APX-hard) si è proposto

un algoritmo risolutivo dimostratosi efficiente e accurato in una sperimentazione estensiva su dati reali e simulati. Questo algoritmo è basato sulla riduzione polinomiale dell'istanza del problema di inferenza di aplotipi a un'istanza del problema di *Soddisfacibilità Booleana* (SAT) combinata con un'efficiente ricerca binaria all'interno dello spazio delle soluzioni ammissibili. La riduzione è stata disegnata per produrre formule booleane con caratteristiche adatte alle strategie di esplorazione implementate nei risolutori SAT allo stato dell'arte. La versione estesa di [9] è stata sottomessa alla rivista "IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics" ed è in corso di revisione.

Confronto di Sequenze. Il confronto di sequenze è un tema di ricerca con importanti applicazioni in bioinformatica e altre discipline, come la compressione di dati e la gestione di testi (Gusfield, 1997). In quest'area di ricerca, ho contribuito [5] all'analisi di un problema di determinazione della più lunga sottosequenza comune a due stringhe soggetta a vincoli di occorrenza dei simboli e di inclusione di sottosequenze (*DC-LCS problem*). Tale problema è la naturale formulazione di problematiche relative al confronto di genomi di specie differenti, al fine di determinare, ad esempio, misure di distanza evolutiva fra le specie in esame (Sankoff, 1999). Il contributo di questo lavoro è duplice. Innanzitutto, fornisce un algoritmo esatto di tipo parametrico per il problema nel caso in cui il parametro fissato è la lunghezza della soluzione ottima. In secondo luogo, invece, dimostra la difficoltà parametrica ($W[1]$ -hardness) di un'importante restrizione del problema DC-LCS, implicando lo stesso risultato per il problema generale.

Ulteriori Attività di Ricerca

Privacy. Un problema combinatorio di recente interesse è il problema *k-anonymity*, relativo alla pubblicazione di dati sensibili preservando la privacy individuale (Samarati et al., 1998). In particolare, questo problema richiede la cancellazione del minimo quantitativo di dati sensibili all'interno di un dataset da rendere pubblico di modo che, in seguito alla cancellazione, i dati relativi a ciascun individuo siano indistinguibili da quelli relativi ad, almeno, $k - 1$ altri individui. In [2, 12] ho contribuito allo studio sistematico della complessità computazionale di questo problema, dimostrando come lo stesso sia intrattabile anche nel senso parametrico in diversi casi di rilevanza pratica e rimasti aperti in lavori precedentemente apparsi in letteratura.

Misure di Difficoltà in Programmazione Genetica. Parte della mia attività di ricerca si è concentrata sullo studio della difficoltà di problemi di ottimizzazioni affrontati con una tecnica metaeuristica nota come *programmazione genetica* (Koza, 1992). La programmazione genetica è una tecnica che consente di generare automaticamente (possibilmente) buone soluzioni per problemi di ottimizzazione di cui non si è in grado di disegnare un algoritmo risolutivo diretto. Teoricamente la programmazione genetica è in grado di calcolare una soluzione ottima in un numero sufficientemente grande di iterazioni (Langdon et al., 2002). In pratica, predire l'efficacia di questa metaeuristica su un determinato problema (cioè la

capacità di generare una “buona” soluzione al problema con uno sforzo computazionale “contenuto”) è un compito complesso.

In quest’ambito, in [15, 16] ho proposto e analizzato alcune misure quantitative della difficoltà di problemi per la programmazione genetica sulla base delle caratteristiche di una rappresentazione dello spazio delle soluzioni di un problema di ottimizzazione. L’approfondimento di questi lavori, insieme a un confronto con altre misure presenti in letteratura, è presentato in [3].

Riferimenti Essenziali

- D. Altshuler et al. “Genetic mapping in human disease”. *Science* 322.5903 (2008), 881–888.
- G. Ausiello et al. *Complexity and approximation: Combinatorial optimization problems and their approximability properties*. Springer-Verlag, 1999.
- T. Barzuza et al. “Typing without calling the allele: A strategy for inferring SNP haplotypes”. *European Journal of Human Genetics* 13.8 (2005), 898–901.
- S. Climer et al. “How frugal is mother nature with haplotypes?” *Bioinformatics* 25.1 (2009), 68–74.
- D. Gusfield. *Algorithms on strings, trees and sequences: Computer science and computational biology*. Cambridge University Press, 1997.
- D. Gusfield and S. Orzack. “Haplotype inference”. In: *CRC Handbook on Bioinf.* 2006, 18/1–25.
- J. Koza. *Genetic programming: On the programming of computers by means of natural selection (complex adaptive systems)*. The MIT Press, 1992.
- W. Langdon and R. Poli. *Foundations of genetic programming*. Springer, 2002.
- B. Modrek and C. Lee. “A genomic view of alternative splicing”. *Nature Genetics* 30.1 (2002), 13–19.
- P. Samarati and L. Sweeney. “Generalizing data to provide anonymity when disclosing information (abstract)”. In: *Proc. of the 17th ACM Symp. on Principles of Database Systems*. 1998, 188.
- D. Sankoff. “Genome rearrangement with gene families”. *Bioinformatics* 15.11 (1999), 909–917.
- W. Tutte. “An algorithm for determining whether a given binary matroid is graphic”. *Proceedings of the American Mathematical Society* 11.6 (1960), 905–917.
- P. Weiner. “Linear pattern matching algorithms”. In: *Proc of the 14th Annual Symp. on Switching and Automata Theory*. 1973, 1–11.
- K. Zhang and H. Zhao. “A comparison of several methods for haplotype frequency estimation and haplotype reconstruction for tightly linked markers from general pedigrees”. *Genetic Epidemiology* 30.5 (2006), 423–437.

Elenco delle Pubblicazioni

Articoli su Riviste Internazionali (con peer-review)

- [1] **Yuri Pirola**, Raffaella Rizzi, Ernesto Picardi, Graziano Pesole, Gianluca Della Vedova, and Paola Bonizzoni. “PItron: a fast method for detecting the gene structure due to alternative splicing via maximal pairings of a pattern and a text”. *BMC Bioinformatics* 13.Suppl 5 (Apr. 12, 2012), S2. DOI: 10.1186/1471-2105-13-S5-S2.
- [2] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, and **Yuri Pirola**. “Parameterized complexity of k-anonymity: hardness and tractability”. *Journal of Combinatorial Optimization* (Nov. 16, 2011). In press. DOI: 10.1007/s10878-011-9428-9.
- [3] Leonardo Vanneschi, **Yuri Pirola**, Giancarlo Mauri, Marco Tomassini, Philippe Col-lard, and Sébastien Verel. “A Study of Neutrality of Boolean Function Landscapes in Genetic Programming”. *Theoretical Computer Science* 425 (Mar. 30, 2012), 34–57. DOI: 10.1016/j.tcs.2011.03.011.
- [4] **Yuri Pirola**, Paola Bonizzoni, and Tao Jiang. “An Efficient Algorithm for Haplotype Inference on Pedigrees with Recombinations and Mutations”. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics* 9.1 (Jan.–Feb. 2012), 12–25. DOI: 10.1109/TCBB.2011.51.
- [5] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, and **Yuri Pirola**. “Variants of constrained longest common subsequence”. *Information Processing Letters* 110.20 (July 17, 2010), 877–881. DOI: 10.1016/j.ip1.2010.07.015.
- [6] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, **Yuri Pirola**, and Romeo Rizzi. “Pure Parsimony Xor Haplotyping”. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics* 7.4 (Oct.–Dec. 2010), 598–610. DOI: 10.1109/TCBB.2010.52.
- [7] Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, Tao Jiang, Giulio Pavesi, **Yuri Pirola**, and Lusheng Wang. “Beyond Evolutionary Trees”. *Natural Computing* 9.2 (June 1, 2010), 421–435. DOI: 10.1007/s11047-009-9156-6.
- [8] Paola Bonizzoni, Giancarlo Mauri, Graziano Pesole, Ernesto Picardi, **Yuri Pirola**, and Raffaella Rizzi. “Detecting Alternative Gene Structures from Spliced ESTs: A Computational Approach”. *Journal of Computational Biology* 16.1 (Jan. 2009), 43–66. DOI: 10.1089/cmb.2008.0028.

Atti di Conferenze Internazionali (con peer-review)

- [9] **Yuri Pirola**, Gianluca Della Vedova, Stefano Biffani, Alessandra Stella, and Paola Bonizzoni. “A fast and practical approach to genotype phasing and imputation on a pedigree with erroneous and incomplete information”. In: *Proc. of the 2nd IEEE Int. Conf. on Computational Advances in Bio and medical Sciences, ICCABS 2012, Las Vegas, NV, USA, Feb. 23–25, 2012*. Accepted. IEEE, 2012.

- [10] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, **Yuri Pirola**, and Raffaella Rizzi. “PItron: a fast method for gene structure prediction via maximal pairings of a pattern and a text”. In: *Proc. of the 1st IEEE Int. Conf. on Computational Advances in Bio and medical Sciences, ICCABS 2011, Orlando, FL, USA, Feb. 3–5, 2011*. IEEE, 2011, 33–39. DOI: 10.1109/ICCABS.2011.5729935.
- [11] **Yuri Pirola**, Paola Bonizzoni, and Tao Jiang. “Haplotype Inference on Pedigrees with Recombinations and Mutations”. In: *Proc. of the 10th Int. Workshop on Algorithms in Bioinformatics, WABI 2010, Liverpool, UK, Sept. 6–8, 2010*. Vol. 6293. Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2010, 148–161. DOI: 10.1007/978-3-642-15294-8_13.
- [12] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, and **Yuri Pirola**. “Parameterized Complexity of k-Anonymity: Hardness and Tractability”. In: *Revised selected papers of the 21st Int. Workshop on Combinatorial Algorithms, IWOCA 2010, London, UK, Jul. 26–28, 2010*. Vol. 6460. Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2011, 242–255. DOI: 10.1007/978-3-642-19222-7_25.
- [13] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, **Yuri Pirola**, and Raffaella Rizzi. “Minimum Factorization Agreement of Spliced ESTs”. In: *Proc. of the 9th Int. Workshop on Algorithms in Bioinformatics, WABI 2009, Philadelphia PA, USA, Sept. 12–13, 2009*. Vol. 5724. Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2009, 1–12. DOI: 10.1007/978-3-642-04241-6_1.
- [14] Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Riccardo Dondi, **Yuri Pirola**, and Romeo Rizzi. “Pure Parsimony Xor Haplotyping”. In: *Proc. of the 5th Int. Symp. on Bioinformatics Research and Applications, ISBRA 2009, Fort Lauderdale FL, USA, May 13–16, 2009*. Vol. 5542. Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2009, 186–197. DOI: 10.1007/978-3-642-01551-9_19.
- [15] Leonardo Vanneschi, Marco Tomassini, Philippe Collard, Sébastien Verel, **Yuri Pirola**, and Giancarlo Mauri. “A Comprehensive View of Fitness Landscapes with Neutrality and Fitness Clouds”. In: *Proc. of the 10th European Conf. on Genetic Programming, EuroGP 2007, Valencia, Spain, Apr. 11–13, 2007*. Vol. 4445. Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2007, 241–250. DOI: 10.1007/978-3-540-71605-1_22.
- [16] Leonardo Vanneschi, **Yuri Pirola**, and Philippe Collard. “A quantitative study of neutrality in GP boolean landscapes”. In: *Proc. of the 8th Annual Conf. on Genetic and evolutionary computation, GECCO 2006, Seattle, WA, USA, Jul. 8–12, 2006*. ACM, 2006, 895–902. DOI: 10.1145/1143997.1144152.

Tesi di Dottorato di Ricerca

- [17] **Yuri Pirola**. “Combinatorial Problems in Studies of Genetic Variations: Haplotyping and Transcript Analysis”. PhD thesis. Università degli Studi di Milano-Bicocca, Feb. 2010. HDL: 10281/7891.

Eventi e Convegni

Seminari su Invito

- Seminario presso l'Univ. degli Studi di Milano su invito di Prof. Giovanni Righini, 8 Febbraio 2010.
- Seminario presso il Parco Tecnologico Padano (Lodi) su invito di Dott. Alessandra Stella, 25 Marzo 2010.

Partecipazione a Comitati Organizzativi

- Comitato organizzativo del Colloquium “*Unconventional Models of Computation*”, Settembre 2009, Politecnico di Milano (Sede di Cremona).
- Comitato organizzativo di “*ASWorkshop - Alternative Splicing in Animals and Plants*”, Ottobre 2008, Università degli Studi di Milano-Bicocca.

Relazione a Convegni Internazionali

- Partecipazione a *IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS)*, Febbraio 2012, Las Vegas NV, USA, in qualità di relatore del lavoro [9].
- Partecipazione a *IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS)*, Febbraio 2011, Orlando FL, USA, in qualità di relatore del lavoro [10].
- Partecipazione a *International Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI)*, Settembre 2010, Liverpool, UK, in qualità di relatore del lavoro [11].
- Partecipazione a *International Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI)*, Settembre 2009, Philadelphia PA, USA, in qualità di relatore del lavoro [13].
- Partecipazione a *International Symposium on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA)*, Maggio 2009, Ft. Lauderdale FL, USA, in qualità di relatore del lavoro [14].

Partecipazione a Convegni Internazionali

- Partecipazione a *European Workshop on Genomics for Research and Molecular Diagnostics*, Ottobre 2011, Lodi, Italia.
- Partecipazione a *European Workshop on Genomics for Research and Molecular Diagnostics*, Ottobre 2010, Lodi, Italia.
- Partecipazione a *International Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI)*, Settembre 2008, Karlsruhe, Germania.

Scuole

- Frequenza della scuola estiva *Lipari International Summer School on Bioinformatics and Computational Biology*, organizzata dall'Università degli Studi di Catania, 2008.
- Frequenza della scuola estiva *Parallel and Scientific Computing*, organizzata da CINECA, 2006.

Visite di Ricerca

- *Visiting Scholar* presso la University of California, Riverside, USA, da Febbraio 2009 a Giugno 2009, invitato da Prof. Tao Jiang.

Servizio alla Comunità Scientifica

- Reviewer per la rivista "*IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*".
- Referee per "*ICCABS 2011, IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and medical Sciences*", Febbraio 2011, Orlando, FL, USA.
- Referee per "*BIBM 2009, IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine*", Novembre 2009, Washington, D.C., USA.

Attività Didattiche

Esercitazioni (unico esercitatore)

- Modulo "Algoritmi e Strutture Dati 2" dell'insegnamento "Algoritmi e Ricerca Operativa", A.A. 2010/11.
Esercitazioni frontali, 12 ore (1 cfu). Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Modulo "Analisi di Algoritmi" dell'insegnamento "Tecniche di Analisi e Verifica", A.A. 2007/08.
Esercitazioni frontali, 12 ore (1 cfu). Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento "Bioinformatica", A.A. 2007/08.
Esercitazioni frontali, 12 ore (1 cfu). Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

- Insegnamento “Laboratorio di Linguaggi di Programmazione”, A.A. 2006/07.
Esercitazioni di laboratorio, 24 ore. Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Laboratorio di Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2005/06.
Esercitazioni di laboratorio, 12 ore. Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Sistemi Operativi (Elementi e Complementi)”, A.A. 2005/06.
Esercitazioni di laboratorio, 24 ore. Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Sistemi Operativi (Elementi e Complementi)”, A.A. 2004/05.
Esercitazioni di laboratorio, 48 ore. Corso di Laurea in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

Docente di lezioni frontali

- Insegnamento “Informatica Generale 2”, A.A. 2008/09.
Lezioni frontali, 30 ore. Corso di Laurea in Lingue e Letterature Straniere, Facoltà di Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo.
- Insegnamento “Informatica Generale 2”, A.A. 2007/08.
Lezioni frontali, 30 ore. Corso di Laurea in Lingue e Letterature Straniere, Facoltà di Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo.

Culture della materia abilitato a tenere esami

- Insegnamento “Informatica Generale 2”, Facoltà di Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo, A.A. 2010/11.
- Insegnamento “Informatica Generale 2”, Facoltà di Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo, A.A. 2009/10.

Seminari all'interno di insegnamenti ufficiali

- Insegnamento “Bioinformatica”, A.A. 2008/09.
Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Facoltà di Scienze MM. FF. NN., Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

Altre esperienze didattiche di livello universitario

- Co-docenza nell'ambito dell'iniziativa “Learning Week”, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, 8–12 febbraio 2010.

Esperienze didattiche in ambito non universitario

- Docenza del corso di aggiornamento “Linguaggio Java” rivolto a insegnanti della scuola secondaria superiore presso l’I.T.I.S. “G. Marconi” di Dalmine (BG), Marzo–Maggio 2002.
- Supplenza presso l’I.T.I.S. “G. Marconi” di Dalmine (BG) come insegnante tecnico pratico della materia di Laboratorio di Informatica industriale (cod. C310), Settembre 2001–Gennaio 2002.

Supervisione di Stage e Tesi

Tesi Magistrali

- Co-supervisione di Tesi Magistrale in Informatica dal titolo “Metodi di Consenso di Alberi di Suffisso nella Ricerca di Sottosequenze Comuni” di Marcello Varisco presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, A.A. 2007/08.

Stage

- Co-supervisione di Stage, effettuato a conclusione del Corso di Laurea in Informatica, dal titolo “Inferenza di Aplotipi in Pedigree Multiallelici Tramite Risolutori SAT” svolto da Simone Zaccaria presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, A.A. 2010/11.
- Co-supervisione di Stage, effettuato a conclusione del Corso di Laurea in Informatica, dal titolo “Algoritmi di Allineamento Basati su Alberi di Suffisso” svolto da Alberto Villa presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, A.A. 2007/08.
- Co-supervisione di Stage, effettuato a conclusione del Corso di Laurea in Informatica, dal titolo “Metodi Combinatori di Predizione di Eventi di Splicing Associati a Polimorfismi” svolto da Maurizio Rorato presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, A.A. 2006/07.
- Co-supervisione di Stage, effettuato a conclusione del Corso di Laurea in Informatica, dal titolo “Algoritmi per la Ricostruzione di Filogenesi da Matrici di Genotipi” svolto da Federica Musitelli presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, A.A. 2006/07.

Ultimo aggiornamento: 12 aprile 2012