

# Yuri Pirola

## Curriculum Vitae

E-Mail: [yuri.pirola@unimib.it](mailto:yuri.pirola@unimib.it)

Homepage: <https://algolab.eu/pirola>

### Posizioni

- Professore II Fascia (SSD: INF/01), DISCo, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.  
Periodo: 1 ottobre 2022–oggi.
- Ricercatore a Tempo Determinato (lett. B, SSD: INF/01), DISCo, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.  
Periodo: 1 ottobre 2019–30 settembre 2022.
- PTA di area Tecnica, Tecnico-Scientifica ed Elaborazione Dati (cat. D), Univ. degli Studi di Milano.  
Periodo: 4 gennaio 2016–30 settembre 2019.  
Analisi e sviluppo di sistemi informatici a supporto delle attività istituzionali dell’Ateneo.
- Assegnista di Ricerca, DISCo, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.  
Periodo: 1 maggio 2012–3 gennaio 2016.  
Titolo: “Metodi algoritmici per l’analisi di dati NGS (Next Generation Sequencing)” (SSD: INF/01).  
Bando competitivo con valutazione basata sul progetto di ricerca presentato dal candidato.
- Assegnista di Ricerca, DISCo, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.  
Periodo: 1 gennaio 2011–30 aprile 2012.  
Titolo: “Inferenza efficiente di aplotipi in popolazioni di animali da reddito mediante marcatori SNP ad alta densità” (SSD: INF/01)  
Finanziatori: Regione Lombardia e Parco Tecnologico Padano, Lodi.
- Collaborazione coordinata e continuativa su progetto di ricerca, Parco Tecnologico Padano, Lodi.  
Periodo: 22 marzo 2010–31 dicembre 2010.  
L’attività di ricerca si è inserita nel progetto “PROZOO” ed è stata coordinata da Dott. Alessandra Stella e Dott. Stefano Biffani sotto la supervisione del responsabile di progetto Dott. John Williams.

### Titoli di Studio

- Dottorato di Ricerca in Informatica (XXII Ciclo), Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, 2010.  
Tesi: “*Combinatorial Problems in Studies of Genetic Variations: Haplotyping and Transcript Analysis*”.  
Supervisore: Prof. Paola Bonizzoni.
- Laurea Specialistica in Informatica, 110/110 e lode, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, 2006.  
Tesi: “*Analisi della Neutralità degli Spazi di Ricerca Booleani in Programmazione Genetica*”.  
Supervisori: Dott. Leonardo Vanneschi e Prof. Giancarlo Mauri.

## Partecipazione a Progetti di Ricerca

- Progetto FORGENOM II “Fostering Excellence in Advanced Genomics and Proteomics Research”  
*Periodo:* 2024–2027     *Finanziatore:* EU Horizon WIDERA 2023.  
Coordinatore del WP2: “Enhancement of research management and administration skills”.
- Progetto PINC “Pangenome INformatiCs from Theory to Applications”  
*Periodo:* 2024–2025     *Finanziatore:* MUR.  
Il contributo in questo progetto riguarda lo sviluppo di algoritmi per l'applicazione di metodi basati sul pangenoma per la ricerca biomedica.
- Progetto PANGAIA “Pan-genome Graph Algorithms and Data Integration”  
*Periodo:* 2020–2025     *Finanziatore:* EU Horizon 2020 RISE.  
Il contributo in questo progetto riguarda lo sviluppo di algoritmi per la rappresentazione e l'analisi di insiemi di sequenze genomiche.
- Progetto CORSAI “Raman analysis of saliva from COPD patients as new biomarker”  
*Finanziatore:* ERA PerMed.
- Progetto “Modulation of anti-cancer immune response by regulatory non-coding RNAs”  
*Periodo:* 2014–2016     *Finanziatore:* Fondazione Cariplo.  
Il contributo in questo progetto riguarda lo sviluppo di un metodo per la determinazione di eventi di alternative splicing da dati di RNA-Seq e sua validazione sui dataset prodotti dagli altri partner di progetto.
- Progetto SPAC3 “Servizi smart della nuova PA per la Citizen-Centricity in Cloud”  
*Periodo:* 2014–2015     *Finanziatore:* Regione Lombardia.  
Il contributo in questo progetto riguarda lo sviluppo di un metodo per l'assistenza al processo di integrazione di schemi concettuali basato su tecniche di ILP.
- Progetto PRIN 2010/11 “Automati e linguaggi formali: aspetti matematici e applicativi”.  
*Periodo:* 2013–2016     *Finanziatore:* MIUR.  
Il contributo in questo progetto riguarda lo sviluppo di algoritmi basati su tecniche di indicizzazione succinta per l'analisi e il confronto efficiente di sequenze nucleotidiche ottenute con tecnologie di sequenziamento di nuova generazione (NGS).
- Progetto NEXTGEN “Next Generation methods to preserve farm animal biodiversity by optimizing present and future breeding options”.  
*Periodo:* 2012–2014     *Finanziatore:* European Commission, 7th Framework Programme.  
Il contributo 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”.  
*Periodo:* 2010–2014     *Finanziatori:* Fondazione Cariplo e Regione Lombardia.  
Il contributo 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 e Assegni di Ricerca**

- Vincitore di assegno di ricerca su bando competitivo con valutazione basata sul progetto di ricerca presentato dal candidato.  
Titolo: “Metodi e modelli algoritmici per l’assemblaggio e la correzione di dati di future-generation sequencing” (SSD: INF/01).  
Durata contratto: 1 gennaio 2016–31 dicembre 2017 (non goduto).  
Bando dell’Università degli Studi di Milano-Bicocca.
- Borsa di studio ministeriale per la frequenza del Dottorato di Ricerca (nov. 2006–ott. 2009).
- Borsa di studio per giovani promettenti sul tema “Sviluppo e Utilizzo di Tecniche di Soft Computing Applicate all’Analisi di Sequenze Biologiche” (mag.–ott. 2006). Responsabile: Dott. Giulio Pavesi, Università degli Studi di Milano.

## **Abilitazioni**

- Abilitazione Scientifica Nazionale per le funzioni di professore di seconda fascia per il settore 01/B1 - Informatica (dal 29/04/2021 al 29/04/2030).
- “Qualification aux fonctions de Maître de Conférences” per le sezioni 27 e 61 del CNU francese (rispettivamente equivalenti ai settori scientifici disciplinari INF/01 e ING-INF/05), campagna 2016.

## **Supervisione di Attività di Ricerca Post-Laurea**

### **Assegni di Ricerca**

Responsabile scientifico dell’assegno di ricerca dal titolo “Algoritmi efficienti in pangenomica computazionale” vinto dal Dott. Jorge Avila Cartes, 12 mesi.

### **Borse di Studio**

- “Algoritmi efficienti per pangenomica computazionale comparativa”, Dott. Simone Ciccolella, 6 mesi
- “Algoritmi per l’identificazione di eventi di splicing alternativo”, Dott. Luca Denti, 8 mesi







## Dottorandi di Ricerca

Co-supervisione del dottorando di ricerca in Informatica Simone Ciccolella (titolo: “*Practical algorithms for Computational Phylogenetics*”).

Co-supervisione di parte delle attività di ricerca svolte durante il corso di dottorato di ricerca in Informatica di Dott. Marco Previtali (titolo: “*Self-indexing for de novo assembly*”) e Dott. Simone Zaccaria (titolo: “*Inferring Genomic Variants and their Evolution: Combinatorial Optimization for Haplotype Assembly and Quantification of Intra-Tumor Heterogeneity*”).

## Elenco delle Pubblicazioni

### Articoli su Riviste di Rilevanza Internazionale (con peer-review)

- [J31] Avila Cartes, J., Bonizzoni, P., Ciccolella, S., Della Vedova, G., Denti, L., Didelot, X., Monti, D. C., and **Pirola, Y.** “RecGraph: recombination-aware alignment of sequences to variation graphs”. *Bioinformatics* 40.5 (2024), btac292. DOI: [10.1093/bioinformatics/btac292](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac292). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 6.931. 
- [J30] Bonizzoni, P., Costantini, M., De Felice, C., Petescia, A., **Pirola, Y.**, Previtali, M., Rizzi, R., Stoye, J., Zaccagnino, R., and Zizza, R. “Numeric Lyndon-based feature embedding of sequencing reads for machine learning approaches”. *Inf. Sci.* 607 (2022), 458–476. DOI: [10.1016/j.ins.2022.06.005](https://doi.org/10.1016/j.ins.2022.06.005). arXiv: [2202.13884v2](https://arxiv.org/abs/2202.13884v2) [q-bio.GN]. In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 8.233. 
- [J29] Ciccolella, S., Denti, L., Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, and Previtali, M. “MALVIRUS: an integrated application for viral variant analysis”. *BMC Bioinformatics* 22.15 (2022), 625. DOI: [10.1186/s12859-022-04668-0](https://doi.org/10.1186/s12859-022-04668-0). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 3.327. 
- [J28] Baaijens, J. A., Bonizzoni, P., Boucher, C., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Rizzi, R., and Sirén, J. “Computational graph pangenomics: a tutorial on data structures and their applications”. *Nat. Comput.* 21 (2022), 81–108. DOI: [10.1007/s11047-022-09882-6](https://doi.org/10.1007/s11047-022-09882-6). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.504. 
- [J27] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “Computing the multi-string BWT and LCP array in external memory”. *Theor. Comput. Sci.* 862 (2021), 42–58. DOI: [10.1016/j.tcs.2020.11.041](https://doi.org/10.1016/j.tcs.2020.11.041). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.002.
- [J26] Denti, L., **Pirola, Y.**, Previtali, M., Ceccato, T., Della Vedova, G., Rizzi, R., and Bonizzoni, P. “Shark: fishing relevant reads in an RNA-Seq sample”. *Bioinformatics* 37.4 (2021), 464–472. DOI: [10.1093/bioinformatics/btaa779](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa779). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 6.931. 
- [J25] Rizzi, R., Beretta, S., Patterson, M., **Pirola, Y.**, Previtali, M., Della Vedova, G., and Bonizzoni, P. “Overlap graphs and de Bruijn graphs: data structures for de novo genome assembly in the big data era”. *Quant. Biol.* 7.4 (2019), 278–292. DOI: [10.1007/s40484-019-0181-x](https://doi.org/10.1007/s40484-019-0181-x). In: ISI WoS, Scopus JCI (2021): 0.8.
- [J24] Calabria, A., Beretta, S., Merelli, I., Spinozzi, G., Brasca, S., **Pirola, Y.**, Benedicenti, F., Tenderini, E., Bonizzoni, P., Milanesi, L., and Montini, E. “ $\gamma$ -TRIS: a graph-algorithm for comprehensive identification of vector genomic insertion sites”. *Bioinformatics* 36.5 (2020), 1622–1624. DOI: [10.1093/bioinformatics/btz747](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz747). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 6.931. 
- [J23] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “Multithread Multistring Burrows–Wheeler Transform and Longest Common Prefix Array”. *J. Comput. Biol.* 26.9 (2019), 948–961. DOI: [10.1089/cmb.2018.0230](https://doi.org/10.1089/cmb.2018.0230). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549.

- [J22] Grüning, B., Dale, R., Sjödin, A., Chapman, B. A., Rowe, J., Tomkins-Tinch, C. H., Valieris, R., Köster, J., and The Bioconda Team (including **Pirola, Y.**) “Bioconda: sustainable and comprehensive software distribution for the life sciences”. *Nature Methods* 15.7 (2018), 475–476. DOI: [10.1038/s41592-018-0046-7](https://doi.org/10.1038/s41592-018-0046-7). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 47.990.
- [J21] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “FSG: Fast String Graph Construction for De Novo Assembly”. *J. Comput. Biol.* 24.10 (2017), 953–968. DOI: [10.1089/cmb.2017.0089](https://doi.org/10.1089/cmb.2017.0089). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549.
- [J20] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “An External-Memory Algorithm for String Graph Construction”. *Algorithmica* 78.2 (2017), 394–424. DOI: [10.1007/s00453-016-0165-4](https://doi.org/10.1007/s00453-016-0165-4). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 0.909.
- [J19] Biscarini, F., Schwarzenbacher, H., Pausch, H., Nicolazzi, E. L., **Pirola, Y.**, and Biffani, S. “Use of SNP genotypes to identify carriers of harmful recessive mutations in cattle populations”. *BMC Genomics* 17 (2016), 857. DOI: [10.1186/s12864-016-3218-9](https://doi.org/10.1186/s12864-016-3218-9). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 4.558. 
- [J18] Chiaradonna, F., **Pirola, Y.**, Ricciardiello, F., and Palorini, R. “Transcriptional profiling of immortalized and K-ras-transformed mouse fibroblasts upon PKA stimulation by forskolin in low glucose availability”. *Genomics Data* 9 (2016), 100–104. DOI: [10.1016/j.gdata.2016.07.004](https://doi.org/10.1016/j.gdata.2016.07.004). In: ISI WoS, Scopus. 
- [J17] Bonizzoni, P., Dondi, R., Klau, G. W., **Pirola, Y.**, Pisanti, N., and Zaccaria, S. “On the Minimum Error Correction Problem for Haplotype Assembly in Diploid and Polyploid Genomes”. *J. Comput. Biol.* 23.9 (2016), 718–736. DOI: [10.1089/cmb.2015.0220](https://doi.org/10.1089/cmb.2015.0220). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549.
- [J16] Palorini, R., Votta, G., **Pirola, Y.**, De Vitto, H., De Palma, S., Airoidi, C., Vasso, M., Ricciardiello, F., Lombardi, P. P., Cirulli, C., Rizzi, R., Nicotra, F., Hiller, K., Gelfi, C., Alberghina, L., and Chiaradonna, F. “Protein Kinase A Activation Promotes Cancer Cell Resistance to Glucose Starvation and *Anoikis*”. *PLoS Genet.* 12.3 (2016), 1–41. DOI: [10.1371/journal.pgen.1005931](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005931). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 6.020. 
- [J15] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “LSG: An External-Memory Tool to Compute String Graphs for NGS Data Assembly”. *J. Comput. Biol.* 23.3 (2016), 137–149. DOI: [10.1089/cmb.2015.0172](https://doi.org/10.1089/cmb.2015.0172). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549.
- [J14] **Pirola, Y.**, Zaccaria, S., Dondi, R., Klau, G. W., Pisanti, N., and Bonizzoni, P. “HapCol: Accurate and Memory-Efficient Haplotype Assembly from Long Reads”. *Bioinformatics* 32.11 (2016), 1610–1617. DOI: [10.1093/bioinformatics/btv495](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv495). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 6.931. 
- [J13] Beerenwinkel, N., Beretta, S., Bonizzoni, P., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Covering Pairs in Directed Acyclic Graphs”. *Comput. J.* 58.7 (2015), 1673–1686. DOI: [10.1093/comjnl/bxu116](https://doi.org/10.1093/comjnl/bxu116). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.761.
- [J12] Batini, C., Bonizzoni, P., Comerio, M., Dondi, R., **Pirola, Y.**, and Salandra, F. “A Clustering Algorithm for Planning the Integration Process of a Large Number of Conceptual Schemas”. *J. Comput. Sci. Technol.* 30.1 (2015), 214–224. DOI: [10.1007/s11390-015-1514-5](https://doi.org/10.1007/s11390-015-1514-5). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2020): 1.871.
- [J11] Beretta, S., Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Modeling Alternative Splicing Variants from RNA-Seq Data with Isoform Graphs”. *J. Comput. Biol.* 21.1 (2014), 16–40. DOI: [10.1089/cmb.2013.0112](https://doi.org/10.1089/cmb.2013.0112). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549. 
- [J10] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Parameterized Complexity of  $k$ -Anonymity: Hardness and Tractability”. *J. Comb. Optim.* 26.1 (2013), 19–43. DOI: [10.1007/s10878-011-9428-9](https://doi.org/10.1007/s10878-011-9428-9). In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.254.

- [J9] Bonizzoni, P., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Maximum Disjoint Paths on Edge-Colored Graphs: Approximability and Tractability”. *Algorithms* 6.1 (2013), 1–11. DOI: [10.3390/a6010001](https://doi.org/10.3390/a6010001).  
In: ISI WoS, Scopus JCI (2021): 0.45.
- [J8] **Pirola, Y.**, Della Vedova, G., Biffani, S., Stella, A., and Bonizzoni, P. “A Fast and Practical Approach to Genotype Phasing and Imputation on a Pedigree with Erroneous and Incomplete Information”. *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.* 9.6 (2012), 1582–1594. DOI: [10.1109/TCBB.2012.100](https://doi.org/10.1109/TCBB.2012.100).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 3.702.
- [J7] **Pirola, Y.**, Rizzi, R., Picardi, E., Pesole, G., Della Vedova, G., and Bonizzoni, P. “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.S5 (2012), S2. DOI: [10.1186/1471-2105-13-S5-S2](https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-S5-S2).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 3.327.
- [J6] Vanneschi, L., **Pirola, Y.**, Mauri, G., Tomassini, M., Collard, P., and Verel, S. “A Study of Neutrality of Boolean Function Landscapes in Genetic Programming”. *Theor. Comput. Sci.* 425 (2012), 34–57. DOI: [10.1016/j.tcs.2011.03.011](https://doi.org/10.1016/j.tcs.2011.03.011).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.002.
- [J5] **Pirola, Y.**, Bonizzoni, P., and Jiang, T. “An Efficient Algorithm for Haplotype Inference on Pedigrees with Recombinations and Mutations”. *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.* 9.1 (2012), 12–25. DOI: [10.1109/TCBB.2011.51](https://doi.org/10.1109/TCBB.2011.51).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 3.702.
- [J4] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Variants of Constrained Longest Common Subsequence”. *Inf. Process. Lett.* 110.20 (2010), 877–881. DOI: [10.1016/j.ipl.2010.07.015](https://doi.org/10.1016/j.ipl.2010.07.015).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 0.851.
- [J3] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Pure Parsimony Xor Haplotyping”. *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.* 7.4 (2010), 598–610. DOI: [10.1109/TCBB.2010.52](https://doi.org/10.1109/TCBB.2010.52).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 3.702.
- [J2] Della Vedova, G., Dondi, R., Jiang, T., Pavesi, G., **Pirola, Y.**, and Wang, L. “Beyond Evolutionary Trees”. *Nat. Comput.* 9.2 (2010), 421–435. DOI: [10.1007/s11047-009-9156-6](https://doi.org/10.1007/s11047-009-9156-6).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.504.
- [J1] Bonizzoni, P., Mauri, G., Pesole, G., Picardi, E., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Detecting Alternative Gene Structures from Spliced ESTs: A Computational Approach”. *J. Comput. Biol.* 16.1 (2009), 43–66. DOI: [10.1089/cmb.2008.0028](https://doi.org/10.1089/cmb.2008.0028).  
In: ISI WoS, Scopus IF (JCR 2021): 1.549.

### Atti di Convegni di Rilevanza Internazionale (con peer-review)

- [C19] Bonizzoni, P., Boucher, C., Cozzi, D., Gagie, T., and **Pirola, Y.** “Solving the Minimal Positional Substring Cover Problem in Sublinear Space”. In: *Combinatorial Pattern Matching (CPM)*. Vol. 296. LIPIcs. Schloss Dagstuhl - Leibniz-Zentrum für Informatik, 2024, 12:1–12:16. DOI: [10.4230/LIPICS.CPM.2024.12](https://doi.org/10.4230/LIPICS.CPM.2024.12).  
In: ISI WoS, Scopus.
- [C18] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Rizzi, R., and Sgrò, M. “Multiallelic Maximal Perfect Haplotype Blocks with Wildcards via PBWT”. In: *Bioinformatics and Biomedical Engineering (IWB-BIO)*. Vol. 13919. LNCS. Springer, 2023, 3–12. DOI: [10.1007/978-3-031-34953-9\\_5](https://doi.org/10.1007/978-3-031-34953-9_5).  
In: ISI WoS, Scopus.
- [C17] Bonizzoni, P., Petescia, A., **Pirola, Y.**, Rizzi, R., Zaccagnino, R., and Zizza, R. “KFinger: Capturing Overlaps Between Long Reads by Using Lyndon Fingerprints”. In: *Bioinformatics and Biomedical Engineering (IWB-BIO)*. Vol. 13347. LNCS. Springer, 2022, 3–12. DOI: [10.1007/978-3-031-07802-6\\_37](https://doi.org/10.1007/978-3-031-07802-6_37).  
In: ISI WoS, Scopus.

- [C16] Bonizzoni, P., De Felice, C., **Pirola, Y.**, Rizzi, R., Zaccagnino, R., and Zizza, R. “Can Formal Languages Help Pangenomics to Represent and Analyze Multiple Genomes?” In: *Developments in Language Theory (DLT)*. Vol. 13257. LNCS. Springer, 2022, 3–12. DOI: [10.1007/978-3-031-05578-2\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-031-05578-2_1). In: ISI WoS, Scopus.
- [C15] Bonizzoni, P., De Felice, C., Petescia, A., **Pirola, Y.**, Rizzi, R., Stoye, J., Zaccagnino, R., and Zizza, R. “Can We Replace Reads by Numeric Signatures? Lyndon Fingerprints as Representations of Sequencing Reads for Machine Learning”. In: *Algorithms for Computational Biology (AlCoB)*. Vol. 12715. LNCS. Springer, 2021, 16–28. DOI: [10.1007/978-3-030-74432-8\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-030-74432-8_2). In: ISI WoS, Scopus.
- [C14] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Nicosia, S., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “Divide and Conquer Computation of the Multi-string BWT and LCP Array”. In: *Computability in Europe (CiE)*. Vol. 10936. LNCS. Springer, 2018, 107–117. DOI: [10.1007/978-3-319-94418-0\\_11](https://doi.org/10.1007/978-3-319-94418-0_11). In: ISI WoS, Scopus.
- [C13] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “FSG: Fast String Graph Construction for De Novo Assembly of reads data”. In: *Bioinformatics Research and Applications (ISBRA)*. Vol. 9683. LNCS. Springer, 2016, 27–39. DOI: [10.1007/978-3-319-38782-6\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-319-38782-6_3). In: ISI WoS, Scopus.
- [C12] Bonizzoni, P., Dondi, R., Klau, G. W., **Pirola, Y.**, Pisanti, N., and Zaccaria, S. “On the Fixed Parameter Tractability and Approximability of the Minimum Error Correction problem”. In: *Combinatorial Pattern Matching (CPM)*. Vol. 9133. LNCS. Springer, 2015, 100–113. DOI: [10.1007/978-3-319-19929-0\\_9](https://doi.org/10.1007/978-3-319-19929-0_9). In: Inspec, Scopus.
- [C11] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, Previtali, M., and Rizzi, R. “Constructing String Graphs in External Memory”. In: *Algorithms in Bioinformatics (WABI)*. Vol. 8701. LNCS. Springer, 2014, 311–325. DOI: [10.1007/978-3-662-44753-6\\_23](https://doi.org/10.1007/978-3-662-44753-6_23). In: ISI WoS, Scopus.
- [C10] Beerenwinkel, N., Beretta, S., Bonizzoni, P., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Covering Pairs in Directed Acyclic Graphs”. In: *Language and Automata Theory and Applications (LATA)*. Vol. 8370. LNCS. Springer, 2014, 126–137. DOI: [10.1007/978-3-319-04921-2\\_10](https://doi.org/10.1007/978-3-319-04921-2_10). In: ISI WoS, Scopus.
- [C9] **Pirola, Y.**, Della Vedova, G., Bonizzoni, P., Stella, A., and Biscarini, F. “Haplotype-based prediction of gene alleles using pedigrees and SNP genotypes”. In: *Bioinformatics, Computational Biology, and Biomedical Informatics (ACM BCB)*. ACM, 2013, 33–41. DOI: [10.1145/2506583.2506592](https://doi.org/10.1145/2506583.2506592). In: Scopus.
- [C8] **Pirola, Y.**, Della Vedova, G., Biffani, S., Stella, A., and Bonizzoni, P. “A fast and practical approach to genotype phasing and imputation on a pedigree with erroneous and incomplete information”. In: *Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS)*. IEEE, 2012. DOI: [10.1109/ICCABS.2012.6182643](https://doi.org/10.1109/ICCABS.2012.6182643). In: Inspec, Scopus.
- [C7] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Pintron: a fast method for gene structure prediction via maximal pairings of a pattern and a text”. In: *Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS)*. IEEE, 2011, 33–39. DOI: [10.1109/ICCABS.2011.5729935](https://doi.org/10.1109/ICCABS.2011.5729935). In: Inspec, Scopus.
- [C6] **Pirola, Y.**, Bonizzoni, P., and Jiang, T. “Haplotype Inference on Pedigrees with Recombinations and Mutations”. In: *Algorithms in Bioinformatics (WABI)*. Vol. 6293. LNCS. Springer, 2010, 148–161. DOI: [10.1007/978-3-642-15294-8\\_13](https://doi.org/10.1007/978-3-642-15294-8_13). In: ISI WoS, Scopus.
- [C5] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., and **Pirola, Y.** “Parameterized Complexity of k-Anonymity: Hardness and Tractability”. In: *Combinatorial Algorithms (IWOCA)*. Vol. 6460. LNCS. Springer, 2011, 242–255. DOI: [10.1007/978-3-642-19222-7\\_25](https://doi.org/10.1007/978-3-642-19222-7_25). In: ISI WoS, Scopus.
- [C4] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Minimum Factorization Agreement of Spliced ESTs”. In: *Algorithms in Bioinformatics (WABI)*. Vol. 5724. LNCS. Springer, 2009, 1–12. DOI: [10.1007/978-3-642-04241-6\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-642-04241-6_1). In: ISI WoS, Scopus.



- [C3] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Dondi, R., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Pure Parsimony Xor Haplotyping”. In: *Bioinformatics Research and Applications (ISBRA)*. Vol. 5542. LNCS. Springer, 2009, 186–197. DOI: [10.1007/978-3-642-01551-9\\_19](https://doi.org/10.1007/978-3-642-01551-9_19). In: ISI WoS,Scopus.
- [C2] Vanneschi, L., Tomassini, M., Collard, P., Verel, S., **Pirola, Y.**, and Mauri, G. “A Comprehensive View of Fitness Landscapes with Neutrality and Fitness Clouds”. In: *Genetic Programming (EuroGP)*. Vol. 4445. LNCS. Springer, 2007, 241–250. DOI: [10.1007/978-3-540-71605-1\\_22](https://doi.org/10.1007/978-3-540-71605-1_22). In: ISI WoS,Scopus.
- [C1] Vanneschi, L., **Pirola, Y.**, and Collard, P. “A quantitative study of neutrality in GP boolean landscapes”. In: *Genetic and Evolutionary Computation (GECCO)*. ACM, 2006, 895–902. DOI: [10.1145/1143997.1144152](https://doi.org/10.1145/1143997.1144152). In: ISI WoS,Scopus.

## Capitoli di libro

- [B2] Dondi, R. and **Pirola, Y.** “Beyond Evolutionary Trees”. In: *Encyclopedia of Algorithms*. Ed. by M.-Y. Kao. Springer, 2016, 183–189. ISBN: 978-3-642-27848-8. DOI: [10.1007/978-3-642-27848-8\\_599-1](https://doi.org/10.1007/978-3-642-27848-8_599-1).
- [B1] Bonizzoni, P., Della Vedova, G., Pesole, G., Picardi, E., **Pirola, Y.**, and Rizzi, R. “Transcriptome Assembly and Alternative Splicing Analysis”. In: *RNA Bioinformatics*. Ed. by E. Picardi. Vol. 1269. Methods in Molecular Biology. Springer, 2015, 173–188. ISBN: 978-1-4939-2290-1. DOI: [10.1007/978-1-4939-2291-8\\_11](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2291-8_11). In: ISI WoS,Scopus.

## Tesi di Dottorato di Ricerca

- [T1] **Pirola, Y.** “Combinatorial Problems in Studies of Genetic Variations: Haplotyping and Transcript Analysis”. PhD thesis. Università degli Studi di Milano-Bicocca, 2010. HDL: [10281/7891](https://hdl.handle.net/10281/7891). 

## Eventi e Convegni

### Seminari su Invito

- Università degli Studi di Milano su invito di Prof. Giovanni Righini, 8 Febbraio 2010.
- Parco Tecnologico Padano (Lodi) su invito di Dott. Alessandra Stella, 25 Marzo 2010.

### Partecipazione come Relatore a Convegni Scientifici

- *9th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering (IWBBIO)*, Giugno 2022, Gran Canaria, Spagna (online), in qualità di relatore del lavoro [\[C17\]](#).
- *15th Bioinformatics and Computational Biology Conference (BBCC)*, Novembre 2020, Napoli (online), in qualità di relatore del lavoro “MALVIRUS: an integrated web application for viral variant calling”. DOI: [10.7490/F1000RESEARCH.1118377.1](https://doi.org/10.7490/F1000RESEARCH.1118377.1).
- *21th Bioinformatics Open Source Conference (BOSC)*, Luglio 2020, Toronto, Canada (online), in qualità di relatore del lavoro “MALVIRUS: viral variant calling made easy”. DOI: [10.1101/2020.05.05.076992](https://doi.org/10.1101/2020.05.05.076992).



- 6th Int. Workshop “Data Structures in Bioinformatics”, Febbraio 2020, Rennes, Francia, in qualità di relatore del lavoro “Shark: Fishing in a sample to discard irrelevant RNA-Seq reads”. DOI: [10.1101/836130](https://doi.org/10.1101/836130).
- 8th Int. Conf. on Language and Automata Theory and Applications (LATA), Marzo 2014, Madrid, Spain, in qualità di relatore del lavoro [C10].
- Workshop “Combinatorial structures for sequence analysis in bioinformatics”, Novembre 2013, Milano, Italia, in qualità di relatore del lavoro “Combinatorial structures and NGS data in transcriptomics: some results”.
- 4th ACM Int. Conf. on Bioinformatics, Computational Biology, and Biomedical Informatics (ACM BCB), Settembre 2013, Washington DC, USA, in qualità di relatore del lavoro [C9].
- 14th Italian Conf. on Theoretical Computer Science (ICTCS), Settembre 2013, Palermo, Italia, in qualità di relatore del lavoro “Covering pairs in directed acyclic graphs” (peer-reviewed).
- IEEE Int. Conf. on Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS), Febbraio 2012, Las Vegas NV, USA, in qualità di relatore del lavoro [C8].
- IEEE Int. Conf. on Computational Advances in Bio and medical Sciences (ICCABS), Febbraio 2011, Orlando FL, USA, in qualità di relatore del lavoro [C7].
- Int. Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI), Settembre 2010, Liverpool, UK, in qualità di relatore del lavoro [C6].
- Int. Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI), Settembre 2009, Philadelphia PA, USA, in qualità di relatore del lavoro [C4].
- Int. Symp. on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA), Maggio 2009, Ft. Lauderdale FL, USA, in qualità di relatore del lavoro [C3].

## Visite di Ricerca

- Visita di ricerca presso il Centrum Wiskunde & Informatica, Amsterdam, Olanda, dal 14 al 17 luglio 2015, per la collaborazione con il Dott. Gunnar Klau (leader of Life Sciences group) e il Prof. Alexander Schönhuth sulla progettazione di algoritmi parametrici per problemi di genetica di popolazione.
- Visita di ricerca presso l’Université Paris-Est Marne-la-Vallée, Parigi, Francia, dal 12 al 18 gennaio 2014, per la collaborazione con il Dott. Gregory Kucherov sui temi del progetto PRIN 2010/11.
- Visiting Scholar presso la University of California, Riverside, USA, da Febbraio 2009 a Giugno 2009, invitato da Prof. Tao Jiang.

## Servizio alla Comunità Scientifica

Co-organizer (con S. Pissis, CWI) di “*Computational Pangenomics: Algorithms & Applications*”, workshop satellite di “*ECCB 2020, 19th European Conference on Computational Biology*”, Settembre 2020, Barcelona, Spain.

Local Technical Coordinator (LTcC) per l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca di ELIXIR-IIB, il nodo italiano di ELIXIR, la principale infrastruttura europea per la bioinformatica.

Membro del Programme Committee dei seguenti convegni internazionali:

- “BICOB 2025, 17th Int. Conf. on Bioinformatics and Computational Biology”, Marzo 2025, San Francisco CA, USA
- “WABI 2024, 24th Workshop on Algorithms in Bioinformatics”, Settembre 2023, London, UK
- “BBC 2024, 17th International Special Track on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2024, 24th Int. Conf. on Computational Science”, Luglio 2024, Málaga, Spain
- “IWBBIO 2024, 11th Int. Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering”, Luglio 2024, Gran Canaria, Spain
- “BICOB 2024, 16th Int. Conf. on Bioinformatics and Computational Biology”, Marzo 2024, New Orleans LA, USA
- “IWBBIO 2023, 10th Int. Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering”, Luglio 2023, Gran Canaria, Spain
- “BBC 2023, 16th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2023, 23rd Int. Conf. on Computational Science”, Luglio 2023, Prague, Czech Republic
- “BICOB 2023, 15th Int. Conf. on Bioinformatics and Computational Biology”, Marzo 2023, On-line
- “ICTCS 2022, 23rd Italian Conf. on Theoretical Computer Science”, Settembre 2022, Roma, Italia
- “BBC 2022, 15th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2022, 22th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2022, London, UK
- “IWBBIO 2022, 9th Int. Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering”, Giugno 2022, Gran Canaria, Spain
- “BICOB 2022, 14th Int. Conf. on Bioinformatics and Computational Biology”, Marzo 2022, On-line
- “BBC 2021, 14th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2021, 21th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2021, Kraków, Poland
- “HPC4COVID-19, High Performance Computing Methods and Interdisciplinary Applications for Fighting the COVID-19 Pandemic” parte di “IEEE BIBM 2020, 14th Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine”, Dicembre 2020, Seoul, South Korea
- “BBC 2020, 13th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2020, 20th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2020, Amsterdam, The Netherlands

- “IWBBIO 2020, 8th Int. Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering”, Maggio 2020, Granada, Spain
- “BICOB 2020, 12th Int. Conf. on Bioinformatics and Computational Biology”, Marzo 2020, San Francisco CA, USA
- “BBC 2019, 12th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2019, 19th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2019, Faro, Portugal
- “BBC 2018, 11th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2018, 18th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2018, Wuxi, China
- “BBC 2017, 10th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2017, 17th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2017, Zurigo, Svizzera
- “PDP 2017, 25th Euromicro Int. Conf. on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (Track: Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology)”, Marzo 2017, St. Petersburg, Russia
- “BBC 2016, 9th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2016, 16th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2016, San Diego CA, USA
- “PDP 2016, 24th Euromicro Int. Conf. on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology)”, Febbraio 2016, Crete, Greece
- “BBC 2015, 8th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science” parte di “ICCS 2015, 15th Int. Conf. on Computational Science”, Giugno 2015, Reykjavik, Iceland
- “PDP 2015, 23rd Euromicro Int. Conf. on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology)”, Marzo 2015, Turku, Finland

Membro del Comitato Organizzativo dei seguenti convegni:

- Symposium “Combinatorial Pattern Matching 2025 (CPM)”, Giugno 2025, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca
- Workshop “Data Structures in Bioinformatics 2021 (DSB)”, Febbraio 2021, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca
- Conferenza “Computability in Europe 2013 (CiE)”, Luglio 2013, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca
- Colloquium “Unconventional Models of Computation”, Settembre 2009, Politecnico di Milano
- “ASWorkshop - Alternative Splicing in Animals and Plants”, Ottobre 2008, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca

Membro del Comitato Organizzativo della Scuola di Dottorato “*Introduction to Pangenomics*”, 4–8 Luglio 2022, Lake Como School of Advanced Studies.

Review editor di “Frontiers in Bioinformatics”, diretto da Prof. Adam Godzik (UC Riverside, CA, US). L’incarico di review editor comprende la responsabilità di gestire il processo di review dell’articolo e il nome dell’editore è pubblicamente indicato in ciascun articolo che ha gestito.

Membro del Reviewer Board di “Algorithms” (indicizzato da Web of Science e Scopus).

Reviewer per le seguenti riviste:

- “Discrete Applied Mathematics”
- “Bioinformatics”
- “Briefings in Bioinformatics”
- “IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics”
- “IEEE Access”
- “GigaScience”
- “Journal of Computational Science”
- “Journal of Biomedical Informatics”
- “Computers & Operations Research”
- “International Transactions in Operational Research”
- “Applied Sciences”
- “Mathematics”
- “Genes”
- “Processes”
- “Systems”
- “Technologies”
- “Concurrency and Computation: Practice and Experience”
- “BMC Genomics”
- “BMC Genomic Data”
- “International Journal of Molecular Sciences”
- “International Journal of Bioinformatics Research and Applications”
- “BioMed Research International”

Reviewer per i seguenti convegni internazionali:

- RECOMB 2023, Int. Conf. on Research in Computational Molecular Biology, Istanbul, Turchia
- SPIRE 2023, Symposium on String Processing and Information Retrieval, Pisa, Italia
- BIBM 2022, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Las Vegas NV, USA
- WABI 2022, Workshop on Algorithms in Bioinformatics, Potsdam, Germania
- BIBM 2021, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Houston TX, USA

- ISBRA 2021, Int. Symp. on Bioinformatics Research and Applications, Shenzhen, China
- RECOMB-CG 2021, RECOMB International Satellite Workshop on Comparative Genomics, Singapore
- WABI 2021, Workshop on Algorithms in Bioinformatics, Gainesville FL, USA
- BIBM 2020, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Seoul, Korea
- APBC 2020, Asia Pacific Bioinformatics Conf., Seoul, Korea
- CIBB 2019, Int. Conf. on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics, Bergamo, Italia
- SODA 2018, ACM-SIAM Symp. on Discrete Algorithms, New Orleans LA, USA
- IWOCA 2016, Int. Workshop on Combinatorial Algorithms, Helsinki, Finland
- AAIM 2016, Int. Conf. on Algorithmic Aspects in Information and Management, Bergamo, Italia
- WALCOM 2016, Int. Workshop on Algorithms and Computation, Kathmandu, Nepal
- IWOCA 2015, Int. Workshop on Combinatorial Algorithms, Verona, Italia
- ISBRA 2015, Int. Symp. on Bioinformatics Research and Applications, Norfolk VA, USA
- WABI 2014, Workshop on Algorithms in Bioinformatics, Wrocław, Polonia
- CIBB 2014, Int. Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Cambridge, UK
- ISBRA 2014, Int. Symp. on Bioinformatics Research and Applications, Zhangjiajie, China
- BIBM 2013, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Shanghai, China
- BSB 2013, Brazilian Symposium on Bioinformatics, Recife, Brasile
- CiE 2013, Computability in Europe, Milano, Italia
- CATS 2013, Computing: the Australasian Theory Symposium, Melbourne, Australia
- BIBM 2012, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Philadelphia PA, USA
- WABI 2012, Workshop on Algorithms in Bioinformatics, Ljubljana, Slovenia
- ECCB 2012, European Conf. on Computational Biology, Basel, Svizzera
- ICCABS 2011, IEEE Int. Conf. on Computational Advances in Bio and medical Sciences, Orlando FL, USA
- BIBM 2009, IEEE Int. Conf. on Bioinformatics and Biomedicine, Washington DC, USA

## Supervisione di Stage e Tesi

### Tesi di Laurea Magistrale

Co-supervisione delle seguenti tesi di Laurea Magistrale in Informatica conseguite presso l'Univ. degli Studi di Milano-Bicocca:

- "Algoritmi per la trasformata di Burrows-Wheeler posizionale con compressione run-length"  
Studente: Davide Cozzi, A.A. 2021/22.
- "Implementazione di grafi di de Bruijn dinamici attraverso learned index"  
Studente: Riccardo Nigrelli, A.A. 2020/21.
- "Applicazioni della BWT posizionale e grafica in pangenomica computazionale"  
Studente: Gabriele Molteni, A.A. 2019/20.
- "Metodi efficienti per la classificazione di dati di metagenomica da NGS"  
Studente: Matteo Fumagalli, A.A. 2019/20.
- "Indel Reversal Distance"  
Studente: Simone Zaccaria, A.A. 2012/13.
- "Metodi di Consenso di Alberi di Suffisso nella Ricerca di Sottosequenze Comuni"  
Studente: Marcello Varisco, A.A. 2007/08.

### Stage

Co-supervisione dei seguenti stage curriculari per il conseguimento della Laurea in Informatica presso l'Univ. degli Studi di Milano-Bicocca:

- "Ottimizzazione di un software per la genotipizzazione di varianti"  
Studente: Marco Burgio, A.A. 2020/21.
- "Estensione di Algoritmi di Ricerca (pBWT) su Matrici di Aplotipi con GAP"  
Studente: Mattia Sgro, A.A. 2019/20.
- "Convertitore di formati di input per Celluloid"  
Studente: Danilo Fumagalli, A.A. 2019/20.
- "Grafici di pangenomi di riferimento con pygfa"  
Studente: Francesco Lapi, A.A. 2019/20.
- "Confronto di strutture dati di indicizzazione per il filtraggio di dati trascrittomici"  
Studente: Davide Pizzoli, A.A. 2019/20.
- "Inferenza di Aplotipi in Pedigree Multiallelici Tramite Risolutori SAT"  
Studente: Simone Zaccaria, A.A. 2010/11.
- "Algoritmi di Allineamento Basati su Alberi di Suffisso"  
Studente: Alberto Villa, A.A. 2007/08.
- "Metodi Combinatori di Predizione di Eventi di Splicing Associati a Polimorfismi"  
Studente: Maurizio Rorato, A.A. 2006/07.

- “Algoritmi per la Ricostruzione di Filogenesi da Matrici di Genotipi”  
Studente: Federica Musitelli, A.A. 2006/07.

## **Attività Didattiche**

### **Dottorato di Ricerca in Informatica**

Membro del collegio docenti del programma di Dottorato di Ricerca in Informatica (dal ciclo XXXVII) presso l’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

- Insegnamento “Population-Based Optimisation Methods”, A.A. 2021/22.  
Lezioni frontali, 4 ore.  
Scuola di Dottorato di Ricerca in Informatica dell’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Do we need data structures?”, A.A. 2019/20.  
Lezioni frontali, 4 ore.  
Insegnamento congiunto delle Scuole di Dottorato di Ricerca in Informatica dell’Univ. degli Studi di Milano e dell’Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

### **Master**

- Moduli “Genome assembling” e “Beyond genome assembly”, A.A. 2020/21.  
Lezioni frontali, 20 ore.  
Master di 2o livello “qOmics: quantitative methods for Omics Data”,  
Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

### **Scuole di Specializzazione di Area Medica e Sanitaria**

- Insegnamento “Abilità Informatiche”, A.A. 2018/19–2021/22.  
Lezioni frontali, 16 ore.  
Scuole di Specializzazione del Dip. di Medicina e Chirurgia, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

### **Corsi di Laurea e Laurea Magistrale**

- Insegnamento “Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2022/23–2024/25.  
Lezioni frontali, 32 ore (4 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2022/23–2024/25.  
Esercitazioni frontali, 20 ore (2 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.



- Insegnamento “Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2022/23–2024/25.  
Esercitazioni di laboratorio, 40 ore (4 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Modulo “Teoria della Computazione”, Insegnamento “Modelli e Computazione”, A.A. 2022/23–2024/25.  
Lezioni frontali, 16 ore (2 cfu).  
Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Laboratorio di Progettazione”, A.A. 2019/20–2024/25.  
Esercitazioni frontali, 12 ore (1 cfu).  
Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2019/20–2021/22.  
Esercitazioni frontali, 20 ore (2 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Algoritmi e Strutture Dati”, A.A. 2019/20–2021/22.  
Esercitazioni di laboratorio, 20 ore (2 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Elementi di Bioinformatica”, A.A. 2013/14.  
Esercitazioni di laboratorio, 16 ore (2 cfu).  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Modulo “Algoritmi e Strutture Dati 2”, Insegnamento “Algoritmi e Ricerca Operativa”, A.A. 2010/11.  
Esercitazioni frontali, 12 ore.  
Corso di Laurea in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Informatica Generale 2”, A.A. 2007/08–2008/09.  
Lezioni frontali, 30 ore.  
Corso di Laurea in Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo.
- Modulo “Analisi di Algoritmi”, Insegnamento “Tecniche di Analisi e Verifica”, A.A. 2007/08.  
Esercitazioni frontali, 12 ore.  
Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.
- Insegnamento “Bioinformatica”, A.A. 2007/08.  
Esercitazioni frontali, 12 ore.  
Corso di Laurea in Informatica, 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, 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, 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, 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, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

### **Cultore della materia abilitato a tenere esami**

- Insegnamento “Informatica Generale 2”, A.A. 2009/10 – 2015/16.  
Corso di Laurea in Lingue e Letterature Straniere, Univ. degli Studi di Bergamo,

### **Seminari all’interno di insegnamenti ufficiali**

- Insegnamento “Bioinformatica”, A.A. 2008/09, 2009/10.  
Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca.

### **Altre esperienze didattiche di livello universitario**

- Ciclo di seminari dal titolo “Elementi di Programmazione in C” all’interno del corso di formazione “Formazione di ricercatori e tecnici esperti nello sviluppo di metodologie per l’identificazione e il controllo delle infezioni degli animali - EPISUD” finanziato con il contributo del Ministero dell’Istruzione, dell’Università e della Ricerca (MIUR) nell’ambito del Programma Operativo Nazionale Ricerca e Competitività 2007-2013, Parco Tecnologico Padano S.r.l., 25-29 marzo 2013.
- Co-docenza nell’ambito dell’iniziativa “Learning Week”, Univ. degli Studi di Milano-Bicocca, 8-12 febbraio 2010.

Ultimo aggiornamento: 23 settembre 2024