

Sezione I. INFORMAZIONI GENERALI

POSIZIONE ATTUALE

Professore Associato
Università di Bologna Alma Mater Studiorum
Dipartimento di Farmacia e Biotecnologie (FaBiT)
Bologna (IT)

ESPERIENZA LAVORATIVA

Novembre 2014 – oggi

Professore Associato di Biologia Molecolare (SSD BIO/11)

Università di Bologna Alma Mater Studiorum, Bologna (IT)
Dipartimento di Farmacia e Biotecnologie (FaBiT)

Giugno 2011 – Ottobre 2014

Ricercatore post-dottorale

Università degli Studi di Roma Tor Vergata, Roma (IT)
Dipartimento di Biologia

Dicembre 2011 – Marzo 2013

Ricercatore a contratto

CASPUR/CINECA (Consorzio interuniversitario per le Applicazioni di Supercalcolo Per l'Università e la Ricerca), Roma (IT)

Giugno 2008 – Maggio 2011

Ricercatore post-dottorale

Università La Sapienza, Roma (IT)
Dipartimento di Scienze Biochimiche A. Rossi Fanelli, poi Dipartimento di Fisica

Novembre 2006 – Giugno 2008

Application Specialist II

Harvard Medical School, Children's Hospital, Boston MA (USA)
Haematology/Oncology Department, Stem Cell Program – Genomics Core

Luglio 2003 – Novembre 2006

Research Fellow

Boston College, Chestnut Hill MA (USA)
Department of Biology

EDUCAZIONE

Novembre 1999 – Maggio 2003

Ph.D. in Biologia Cellulare e Molecolare

Università degli Studi di Roma Tor Vergata, Roma (IT)
Titolo della Tesi: "A computational approach to the analysis and comparison of protein functional surfaces"

Novembre 1992 – Maggio 1999

Laurea in Scienze Biologiche (110/110 cum laude)

Università degli Studi di Roma Tor Vergata, Roma (IT)
Titolo della Tesi: "Realizzazione di un sistema per modulare la stringenza in selezioni di librerie peptidiche"

COMPETENZE PROFESSIONALI

Sommario delle Qualifiche

- Più di 20 anni di esperienza nel campo della ricerca biomedica;
- Due anni di esperienza come biologo molecolare sperimentale, lavorando su tecniche di esposizione su fago di librerie peptidiche;
- Ampia conoscenza di strumenti bioinformatici e banche dati pubbliche; esperienza come creatore e curatore di banche dati di interesse biologico;
- Capacità di ideare e implementare algoritmi originali per applicazioni biomediche;
- Ampia conoscenza nell'applicazione di metodi di intelligenza artificiale a problemi biologici;
- Estensiva esperienza in analisi statistica di dati, data mining e strategie sperimentali;
- Ampia esperienza di programmazione con vari linguaggi (Python, C/C++, SQL, R);
- Estensiva esperienza didattica in materie nell'ambito della Biologia Molecolare, in particolare negli ambiti della Genomica e della Biologia Computazionale/Bioinformatica;
- Ampia attività di ricerca indipendente, di coordinamento di progetti di ricerca, e di supervisione di dottorandi e tirocinanti.

Interessi Scientifici

Analisi di meccanismi regolativi mediati da RNA non codificanti. Analisi di ripiegamento, struttura ed evoluzione dell'RNA. Genomica comparativa, annotazione funzionale di genomi, e analisi di dati di sequenziamento massivo parallelo di acidi nucleici. Analisi di regolazione funzionale mediata da splicing alternativo. Intelligenza artificiale applicata a problemi di interesse biologico.

Lingua madre

Italiano

Altre lingue

	COMPRENSIONE		COMUNICAZIONE ORALE		SCRITTURA
	Ascolto	Lettura	Conversazione	Produzione Orale	
Inglese	C1	C1	C1	C1	C1
Francese	B1	B1	B1	B1	B1

ALTRE INFORMAZIONI

ORCID Id	0000-0003-2768-5305
Membro di	ISCB (International Society for Computational Biology) BITS (Bioinformatics Italian Society)
Comitato Editoriale	Frontiers in Genetics (Review Editor) Frontiers in Molecular Biosciences (Associate Editor)
Attività di Revisore per le riviste	Amino Acids, Bioinformatics, BioMed Research International, BMC Bioinformatics, BMC Genomics, Cellular and Molecular Biology Letters, Computational Biology and Chemistry, Current Research in Drug Discovery, FEBS Journal, FEBS Letters, Frontiers in Genetics, Frontiers in Molecular Biosciences, Frontiers in Plant Science, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, Journal of Cellular and Molecular Medicine, Journal of Mathematical Biology, Molecular Biology International, Molecular Medicine Reports, Neuroscience, Nucleic Acids Research, PLOS One, Proteins, RNA Biology, Scientific Reports
Pubblicazioni	Autore di 49 pubblicazioni in riviste scientifiche peer-reviewed e di 4 libri/capitoli di libri (Allegato n. 1) Numero totale di citazioni (Scopus): >3000 Scopus <i>h</i> -index: 24 Erdős number: 3
Attività di Relatore di Tesi	Relatore di 34 tesi per Lauree triennali; 18 tesi per Lauree magistrali; 4 tesi di Dottorato (Allegato n. 5)
Abilitazioni Scientifiche Nazionali (ASN)	Abilitazioni scientifiche nazionali ai sensi dell'articolo 16 della Legge 240/2010, seconda fascia: - Settore 05/E1, BIO/10 – Biochimica (2012) - Settore 05/E2, BIO/11 – Biologia Molecolare (2012) Abilitazioni scientifiche nazionali ai sensi dell'articolo 16 della Legge 240/2010, prima fascia: - Settore 05/F1, BIO/13 – Biologia Applicata (2018)
Collegio dei Docenti	Ph.D. in Biologia Cellulare e Molecolare, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, dal 2015
Premi e Riconoscimenti	2003: Telethon award, Telethon grant GP0101Y01 2004: Telethon award, Telethon grant GP0101Y01

SEZIONE II. PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Pubblicazioni in riviste scientifiche peer-reviewed (Scopus h-index: 24)

1. Via A.*, **Ferrè F.***, Brannetti B., Valencia A., Helmer Citterich M. "3D view of the surface motif associated to the ploop structure: cis and trans cases of convergent evolution" *Journal of Molecular Biology* 303, 455-465 (2000) (* equal contribution)
2. Via A., **Ferrè F.**, Brannetti B., Helmer Citterich M. "Protein surface similarities: a survey of methods to describe and compare protein surfaces" *Cellular and Molecular Life Sciences* 57, 1970-1977 (2000)
3. Puntervoll P., Linding R., Gemünd C., Chabanis-Davidson S., Mattingsdal M., Cameron S., Martin D.M.A., Ausiello G., Brannetti B., Costantini A., **Ferrè F.**, Maselli V., Via A., Cesareni G., Diella F., Superti-Furga G., Wyrwicz L., Ramu C., McGuigan C., Gudavalli R., Letunic I., Bork P., Rychlewski L., Küster B., Helmer Citterich M., Hunter W.N., Aasland R., Gibson T.J. "The ELM server: A new resource for investigating short functional sites in modular eukaryotic proteins" *Nucleic Acids Research* 31(13): 3625-30 (2003)
4. **Ferrè F.***, Via A.*, Ausiello G., Brannetti B., Zanzoni A., Helmer Citterich M. "Development of computational tools for the inference of protein interaction specificity rules and functional annotation using structural information" *Comparative and Functional Genomics* 4: 416-419. (2003) (* equal contribution)
5. **Ferrè F.**, Ausiello G., Helmer Citterich M. "SURFACE: a database of protein surface regions for functional annotation" *Nucleic Acids Research* 32 (Database issue) D240-4. (2004)
6. Clote P., **Ferrè F.**, Krizanc D., Kranakis E. "Structural RNA has lower folding energy than random RNA of the same dinucleotide frequency". *RNA* 11(5): 578-591. (2005)
7. **Ferrè F.**, Clote P. "Disulfide connectivity prediction using secondary structure information and diresidue frequencies". *Bioinformatics* 21(10):2336-46 (2005)
8. **Ferrè F.**, Clote P. "DiANNA: a web server for disulfide connectivity prediction". *Nucleic Acids Research* 33 (Web Server issue):W230-2 (2005)
9. **Ferrè F.**, Ausiello G., Zanzoni A., Helmer Citterich M. "Functional annotation by identification of local surface similarities: a novel tool for structural genomics" *BMC Bioinformatics* 6:194 (2005)
10. **Ferrè F.**, Clote P. "DiANNA 1.1: an extension of the DiANNA web server for ternary cysteine classification" *Nucleic Acids Research* 34 (Web Server Issue): W230-2 (2006)
11. **Ferrè F.**, Clote P. "BTW: A web server for Boltzmann time warping for gene expression time series" *Nucleic Acids Research* 34 (Web Server Issue): W482-5 (2006)
12. **Ferrè F.**, Lorenz W.A., Ponty Y., Clote P. "DIAL: A web server for RNA structural alignment using dihedral angles" *Nucleic Acids Research* 35 (Web Server Issue): W659-68 (2007)
13. Ceol C.J., Houvras Y., Jane-Valbuena J., Bilodeau S., Battisti V., Fritsch L., Lin W.M., Hollmann T.J., **Ferrè F.**, Bourque C., Burke C., Turner L., Uong A., Johnson L.A., Beroukhim R., Mermel C.H., Loda M., Ait-Si-Ali S., Garraway L., Young R.A., Zon L.I. "The SETDB1 histone methyltransferase is recurrently amplified in and accelerates formation of melanoma" *Nature* 471(7339):513-7 (2011)
14. Leoni G., Le Pera L., **Ferrè F.**, Raimondo D., Tramontano A. "Coding potential of the products of alternative splicing in human" *Genome Biology* 27(12):1625-9 (2011)
15. Vecchione L., Diano L., Campagnolo L., Rocchi L., **Ferrè F.**, Siracusa G., Mehta J.L., Novelli G., Amati F. "Functional characterization and expression analysis of novel alternative splicing isoforms of Olr1 gene during mouse embryogenesis" *Gene* 491(1):5-12 (2012)
16. Sannella A., Olivieri A., Bertuccini L., **Ferrè F.**, Severini C., Alano P. "Specific tagging of the egress-related osmiophilic bodies in the gametocytes of *Plasmodium falciparum*" *Malaria Journal* 11:88 (2012)
17. Parca L., Gherardini P.F., Truglio M., Mangone I., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Ausiello G. "Identification of nucleotide-binding sites in protein structures: a novel approach based on nucleotide modularity" *PLOS One* 7(11):e50240 (2012)
18. Parca L., **Ferrè F.**, Ausiello G., Helmer Citterich M. "Nucleos: a web server for the identification of nucleotide binding sites in protein structures" *Nucleic Acids Research* 41(Web Server issue):W281-5 (2013)
19. Bianchi V., Mangone I., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Ausiello G. "webPDBinder: a server for the identification of ligand binding sites on protein structures" *Nucleic Acids Research* 41(Web Server issue):W308-13 (2013)
20. Lanni S., Goracci M., Borrelli L., Chiurazzi P., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Tabolacci E., Neri G. "Role of CTCF protein in regulating FMR1 locus conformation and transcription" *PLOS Genetics* 9(7):e1003601 (2013)
21. Colantoni A., Bianchi V., Gherardini P.F., Scalia Tomba G., Ausiello G., Helmer Citterich M., **Ferrè F.** "Alternative splicing tends to avoid partial removals of protein-protein interaction sites" *BMC Genomics* 14:379 (2013)
22. Bianchi V., Colantoni A., Gherardini P.F., Ausiello G., **Ferrè F.***, Helmer Citterich M. "DBATE: DataBase of Alternative Transcripts Expression" *Database* bat050 (2013) (* corresponding author)
23. Biagini T., Bartolini B., Giombini E., Capobianchi M.R., **Ferrè F.**, Chillemi G., Desideri A. "Performances of bioinformatics pipelines for the identification of pathogens in clinical samples with the de novo assembly approaches: focus on 2009 pandemic influenza A (H1N1)" *The Open Bioinformatics Journal* 8:1-5 (2014)
24. Mattei E., Ausiello G., **Ferrè F.***, Helmer Citterich M. "A novel approach to represent and compare RNA secondary structures" (* corresponding author). *Nucleic Acids Research* 42:6146-57 (2014)
25. Palmeri A., Ausiello G., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Gherardini P.F. "A proteome-wide domain-centric perspective on protein phosphorylation" *Molecular and Cellular Proteomics* 13(9): 2198–2212 (2014)
26. **Ferrè F.**, Palmeri A., Helmer Citterich M. "Computational methods for analysis and inference of kinase/inhibitor relationships" *Frontiers in Genetics* 5:195 (2014)
27. Palmeri A., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M. "Exploiting holistic approaches to model specificity in protein phosphorylation" *Frontiers in Genetics* 5:396 (2014)

28. Mattei E., Helmer Citterich M., **Ferrè F.** "A simple protocol for the inference of RNA global pairwise alignments" *Methods in Molecular Biology* 1269:39-47 (2015)
29. Mattei E., Pietrosanto M., **Ferrè F.***, Helmer Citterich M. "Web-Beagle: a web server for the alignment of RNA secondary structures" (* corresponding author). *Nucleic Acids Research* 43(W1):W493-7 (2015)
30. Morini E., Rizzacasa B., Pucci S. **Ferrè F.**, Caporossi D., Helmer Citterich M., Novelli G., Amati F. "The human rs1050286 polymorphism alters LOX-1 expression through modifying miR-24 binding" *Journal of Cellular and Molecular Medicine* doi: 10.1111/jcmm.12716 (2016)
31. **Ferrè F.**, Colantoni A., Helmer Citterich M. "Revealing protein-lncRNA interaction" *Briefings in Bioinformatics* 17(1):106-16 (2016)
32. Bongiorno S., Gruber C., Bueno S., Chillemi G., **Ferrè F.**, Failla S., Moioi B., Helmer Citterich M., Valentini A. "Transcriptomic investigation of meat tenderness in two Italian cattle breeds" *Animal Genetics* doi: 10.1111/age.12418 (2016)
33. Bongiorno S., Gruber C., Chillemi G., Bueno S., Failla S., Moioi B., **Ferrè F.**, Valentini A. "Skeletal muscle transcriptional profiles in two Italian beef breeds, Chianina and Maremmana, reveal breed specific variation" *Molecular Biology Reports* 43(4):253-68 (2016)
34. Tabolacci E., Mancano G., Lanni S. Palumbo F., Goracci M., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Neri G. "Genome-wide methylation analysis demonstrates that 5-aza-2-deoxycytidine treatment does not cause random DNA demethylation in fragile X syndrome cells" *Epigenetics & Chromatin* 9:12 (2016)
35. Mango R., Luchetti A., Sangiuolo R., Ferradini V., Briglia N., Giardina E., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M., Romeo F., Novelli G., Sangiuolo F. "Next Generation Sequencing and linkage analysis for the molecular diagnosis of a novel overlapping syndrome characterized by Hypertrophic Cardiomyopathy and typical electrical instability of Brugada Syndrome." *Circulation Journal* 80(4):938-49 (2016)
36. Mongiardi M.P., Savino M., Falchetti M.L., Illi B., Bozzo F., Valle C., Helmer Citterich M., **Ferrè F.**, Nasi S., Levi A. "C-Myc inhibition impairs hypoxia response in GBM" *Oncotarget* 7(22):33257-71 (2016)
37. Pietrosanto M., Mattei E., Helmer Citterich M., **Ferrè F.** "A novel method for the identification of conserved structural patterns in RNA: from small scale to high-throughput applications" *Nucleic Acids Research* 44(18): 8600-8609 (2016)
38. Crisà A., **Ferrè F.**, Chillemi G., Moioi B. "RNA-Sequencing for profiling goat milk transcriptome in colostrum and mature milk" *BMC Veterinary Research* 12(1):264 (2017)
39. Biagini T., Bartolini B., Giombini E., **Ferrè F.**, Selleri M., Rozera G., Capobianchi M.R., Chillemi G., Desideri A. "Comparison of two NGS platforms for metagenomic analysis of clinical samples" *Journal of Biochemical Technology* 7(1) (2017)
40. Fianco G., Mongiardi M.P., Levi A., De Luca T., Desideri M., Trisciuglio D., Del Bufalo D., Cinà I., Di Benedetto A., Mottotese M., Gentile A., Centonze D., **Ferrè F.**, Barilà D. "Caspase-8 contributes to angiogenesis and chemotherapy resistance in glioblastoma" *eLife* e22593 (2017)
41. Williams J.L., Zimin A., Chillemi G., Sonstegard T., Smith T.P.L., Pruitt K.D., Low L., Biagini T., Bomba L., Capomaccio S., Castiglioni B., Coletta A., Corrado F., **Ferrè F.**, Iannuzzi L., Lawley C., Matassino D., Macciotta N., Mancini G., Mazza R., Moioi B., Morandi N., Milanesi M., Strozzi F., Ramunno L., Pagnacco G., Pilla F., Peretti V., Ramelli P., Stefanon B., Thibaud-Nissen F., Zicarelli L., Ajmone-Masan P., Valentini A., Iamartino D. "Genome assembly and transcriptome resource for water buffalo, *Bubalus bubalis* (n2=50)" *GigaScience* 6(10):1-6 (2017)
42. Pietrosanto M., Adinolfi M., Casula R., Ausiello G., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M. "BEAM web server: A tool for structural RNA motif discovery" *Bioinformatics* 4(6):1058-1060 (2018)
43. Ravegnini G., Simeon V., Sammarini G., Nannini M., Roversi E., **Ferrè F.**, Urbini M., Pantaleo M.A., Hrelia P., Angelini S. "The rs17084733 variant in the KIT 3' UTR disrupts a miR-221/222 binding site in gastrointestinal stromal tumor: a sponge-like mechanism conferring disease susceptibility" *Epigenetics* 14(6):545-557 (2019)
44. Mongiardi M.P., Radice G., Piras M., Stagni V., Pacioni S., Re A., **Ferrè F.**, Farsetti A., Pallini R., Barilà D., Levi A., Falchetti M.L. "Axitinib exposure triggers endothelial cells senescence through 1 ROS accumulation and ATM activation" *Oncogene* 38(27):5413-5424 (2019)
45. Adinolfi M., Pietrosanto M., Parca L., Ausiello G., **Ferrè F.**, Helmer Citterich M. "Discovering sequence and structure landscapes in RNA interaction Motifs" *Nucleic Acids Research* 47(10):4958-4969 (2019)
46. Parca L., Pepe G., Pietrosanto M., Galvan G., Galli L., Scandrone M., Palmeri A., **Ferrè F.**, Ausiello G., Helmer-Citterich, M. "Modeling cancer drug response through drug-specific informative genes" *Scientific Reports* 9(1):15222 (2019)
47. Mosca C., Rothschild L.J., Napoli A., **Ferrè F.**, Pietrosanto M., Fagiarone C., Baqué M., Rabbow E., Rettberg P., Billi D. "Over-expression of UV-damage DNA repair genes and ribonucleic acid persistence contribute to the resilience of dried biofilms of the desert cyanobacterium *Chroococcidiopsis* exposed to Mars-like UV flux and long-term desiccation" *Frontiers in Microbiology* 10:2312 (2019)
48. Pietrosanto M., Adinolfi M., Guarracino A., **Ferrè F.**, Ausiello G., Vitale, I., Helmer-Citterich M. "Relative Information Gain: Shannon entropy-based measure of the relative structural conservation in RNA alignments" *NAR Genomics and Bioinformatics* 3(1):lqab007 (2021)
49. Pisano A., Le Pera L., Carletti R., Cerbelli B., Pignataro M.G., Pernazza A., **Ferrè F.**, Lombardi M., Lazzeroni D., Olivotto I., Rimoldi O.E., Foglieni C., Camici P.G., d'Amati G. "RNA-seq profiling reveals different pathways between remodelled vessels and myocardium in Hypertrophic Cardiomyopathy" *Microcirculation* 29(8):e12790 (2022)

Libri e capitoli di libri

1. **Ferrè F.** *"From sequence to structure: an easy approach to protein structure prediction"*. In "The Internet for cell and molecular biologists" Chapter 10, 233-307. Edited by A. Cabibbo, R.P. Grant and M. Helmer Citterich, Horizon Scientific Press (2002)
2. **Ferrè F.** *"Integrated bioinformatics software at NCBI"*. In the Encyclopedia of Genetics, Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Section 4.8: Modern Programming Paradigms in Biology. John Wiley & Sons (2005)
3. Ausiello G., **Ferrè F.**, Zanzoni A., Peluso D. & Helmer Citterich M. *"Annotazione funzionale attraverso l'analisi di similarità locale di superfici proteiche"* in "Bioinformatica sfide e prospettive" a cura di Ceccarelli, M., Colantuoni, V., Graziano, G., Rampone, S., Franco Angeli Ed. (2006) – in Italian
4. Helmer Citterich M., **Ferrè F.**, Pavesi G., Romualdi C., Pesole G. *"Fondamenti di Bioinformatica"*, Zanichelli Ed. (2018) – in Italian

SEZIONE III. ATTIVITA' DIDATTICA

Didattica accademica

- *Genomica Computazionale* (opzionale, SSD BIO/11, 2 CFU, 16 ore/anno), per la Laurea Magistrale in Bioinformatica, Università degli Studi di Roma Tor Vergata, anni accademici 2009/2010, 2010/2011, 2011/2012, 2012/2013, 2013/2014, 2014/2015
- *Metodi Informatici per la Biologia* (curricolare, SSD INF/01, 3 CFU, 32 ore/anno), per le Lauree Magistrali in Biologia Cellulare e Molecolare, Biologia Evoluzionistica ed Ecologia, e Biologia ed Evoluzione Umana, Università degli Studi di Roma Tor Vergata, anni accademici 2012/2013, 2013/2014
- *Genomica Funzionale* (curricolare, SSD BIO/11, 6 CFU, 62 ore/anno), per la Laurea Magistrale in Biotecnologie Farmaceutiche, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2014/2015, 2015/2016, 2016/2017, 2017/2018, 2018/2019
- *Genomica e Medicina Personalizzata* (opzionale, SSD BIO/11, 6 CFU, 62 ore/anno), per la Laurea triennale in Biotecnologie, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2015/2016, 2016/2017, 2017/2018
- *Biologia Computazionale* (curricolare, SSD BIO/11, 4 CFU, 32 ore/anno), per la Laurea triennale in Biotecnologie, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2015/2016, 2016/2017, 2017/2018
- *Bioinformatica* (curricolare, SSD BIO/11, 6 CFU, 92 ore/anno), per la Laurea triennale in Biotecnologie, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021, 2021/2022, 2022/2023, 2023/2024
- *Bioinformatics* (curricolare, SSD BIO/11, 8 CFU, 64 ore/anno), per la Laurea triennale in Genomics, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021, 2021/2022, 2022/2023, 2023/2024 in Inglese
- *Applied Genomics* (curricolare, SSD BIO/11, 6 CFU, 62 ore/anno), per la Laurea Magistrale in Pharmaceutical Biotechnology, Università di Bologna Alma Mater Studiorum, anni accademici 2019/2020, 2020/2021, 2021/2022, 2022/2023, 2023/2024 in Inglese

Workshops e Tutorials

- *Bioinformatics using Python for Biologists* course, Gulbenkian Training Programme in Bioinformatics (GTPB), Oeiras (Portogallo), Maggio 2011
- *ELIXIR Gene Expression profiling with HTS: RNA-Seq data analysis* workshop, CINECA (Roma, IT) Ottobre 2015
- *Training course on RNA-Seq data analysis* workshop, Università di Milano (Milano, IT), Luglio 2017
- *Best practices for RNA-Seq data analysis* workshop, Università di Salerno (Salerno, IT), Settembre 2017
- *Data mining in Aquaculture and Biomedicine*, BioMedAqu Summer School n.4, Università di Tor Vergata (Roma, IT), Febbraio 2021
- *Corso Alta Formazione in Bioinformatica*, Università la Sapienza (Roma, IT), 2022
- *Corso Alta Formazione in Bioinformatica*, Università la Sapienza (Roma, IT), 2023
- *Corso Alta Formazione in Bioinformatica*, Università la Sapienza (Roma, IT), 2024

SEZIONE IV. PRESENTAZIONI ORALI E SEMINARI

- Biocomp 2000: Gruppo di cooperazione Bioinformatica, Pontignano (Siena, IT) - Febbraio 2000
- Federazione Italiana Scienze della Vita (FISV) II Annual Meeting, Riva del Garda (Trento, IT) – Settembre 2000
- Biocomp 2000: Gruppo di cooperazione Bioinformatica, Pontignano (Siena, IT) - Maggio 2001
- Federazione Italiana Scienze della Vita (FISV) III Annual Meeting, Riva del Garda (Trento, IT) – Settembre 2001
- Dana Farber Cancer Institute, Boston MA, USA – Gennaio 2003
- Massachusetts Institute of Technology (MIT) Bioinformatics seminars series, Cambridge MA, USA - Ottobre 2003
- American Mathematical Society 2004 Meeting - Rider University, Lawrenceville NJ, USA- Giugno 2004
- Massachusetts Institute of Technology (MIT) Bioinformatics seminars series, Cambridge MA, USA - Marzo 2004
- Istituto Firc di Oncologia Molecolare (IFOM), Milano – Dicembre 2004
- Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati (SISSA), Trieste – Gennaio 2005
- Consorzio Mario Negri Sud, Santa Maria Imbaro (Chieti) – Gennaio 2005
- Istituto di Ricerca di Biologia Molecolare (IRBM) P. Angeletti, Pomezia (Roma) – Marzo 2005
- Istituto Firc di Oncologia Molecolare (IFOM), Milano – Maggio 2005
- Beth Israel Deaconess/Harvard Cancer Center, Boston MA, USA – Settembre 2006
- Dipartimento di Scienze Biochimiche, Facoltà di Medicina, Università la Sapienza (Roma) – Luglio 2008
- CE.IN.GE./F.I.Bio., Napoli IT, *Next generation sequencing applications and future perspectives* Meeting, Aprile 2012
- PAG (Plant and Animal Genomics) XXI meeting, San Diego CA, USA - Gennaio 2013
- Istituto C.S.S. Mendel, Roma – Novembre 2016

SEZIONE V. Organizzazione di Convegni scientifici

- ECCB '08 (European Conference on Computational Biology 2008, Cagliari IT), comitato di organizzazione del programma, comitato organizzativo locale
- CASP 8 (Critical Assessment of protein Structure Prediction 2008, Cagliari IT), comitato organizzativo locale
- ISMB/ECCB '09 (Intelligent Systems for Molecular Biology & European Conference on Computational Biology 2009, Stockholm SE) comitato di organizzazione del programma
- NETTAB '09 (Network Tools and Applications in Biology, Catania IT) comitato di organizzazione del programma
- ISMB '10 (Intelligent Systems for Molecular Biology 2010, Boston MA – USA) comitato di organizzazione del programma
- ECCB '10 (European Conference on Computational Biology 2010, Ghent BE) comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2011 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Roma - Gennaio 2011, comitato di organizzazione del programma
- BITS (Bioinformatics Italian Society) Annual Meeting 2012, Catania IT, comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2013 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Madrid ES – Febbraio 2013, comitato di organizzazione del programma
- ISMB/ECCB '13 (Intelligent Systems for Molecular Biology & European Conference on Computational Biology 2013, Berlin DE) comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2014 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Angers (FR) – Marzo 2014, comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2015 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Lisbon (Portugal) – Gennaio 2015, comitato di organizzazione del programma
- PhyCS 2015 (International Conference on Physiological Computing Systems), Angers (FR) – Febbraio 2015, comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2016 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Roma (IT) – Febbraio 2016, comitato di organizzazione del programma
- PhyCS 2016 (International Conference on Physiological Computing Systems), Lisbon (Portugal) – Luglio 2016, comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2017 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Porto (Portugal) – Febbraio 2017, comitato di organizzazione del programma
- PhyCS 2017 (International Conference on Physiological Computing Systems), Madrid (Spain) – Luglio 2017, comitato di organizzazione del programma
- Bioinformatics 2018 (International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms), Madeira (Portugal) – Gennaio 2018, comitato di organizzazione del programma

SEZIONE VI. PARTECIPAZIONE A PROGETTI FINANZIATI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

- CNR 1997 (Target project in Biotechnology), Three-dimensional profiles: a new software and database for the analysis of protein function, stability and specificity, dal 1999 al 2000
- EU FP6 2000, ELM: The Eukaryotic Linear Motif Resource ELM: A new European Bioinformatics facility for revealing functional sites in modular proteins (id QLRI-CT-2000-00127), dal 2000 al 2003
- TELETHON 2000, A multi-centre bioinformatic project for a systematic investigation of genes expressed in human skeletal muscle (id GP0101Y01), dal 2000 al 2003
- AIRC 2001, Specificity of recognition and/or interaction in phospho-proteins, from 2001 to 2003
- TELETHON 2004, A bioinformatic approach for the identification of interactors of proteins involved in genetic diseases (id GGP04273), dal 2004 al 2006
- National Science Foundation (NSF) grant DBI-0543506, dal 2003 al 2006
- National Institute of Health (NIH) grant DK055381, Characterizing the Zebrafish Genome, dal 2006 al 2008
- FIRB Italbionet 2007-2013, dal 2008 al 2011
- King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) 2008-2013 grant KUK-I1-012-43, dal 2008 al 2011
- FIRB 'Futuro in ricerca' Project (number E81J10000030001), dal 2008 al 2011
- AIRC 2010, High-throughput identification of natural binders and specific inhibitors for protein kinases and phosphatases, dal 2011 al 2013
- Programmi di Ricerca di rilevante Interesse Nazionale (PRIN) 2010 [prot. 20108XYHJS 006], dal 2011 al 2013
- Epigenomics Flagship Project (EPIGEN) MIUR-CNR, dal 2012 al 2015
- PRIN 2020 (Progetti di ricerca di Rilevante Interesse Nazionale) 20209XY5R9, "Grain Pangenomics for Durum Wheat Sustainable Production (PanWheatGrain)", dal 2022 al 2025