

**FORMATO EUROPEO
PER IL CURRICULUM
VITAE**



INFORMAZIONI PERSONALI

Nome

Bonizzoni, Paola

Indirizzo

Telefono

+39-02-64487814 (ufficio)

E-mail

paola.bonizzoni@unimib.it

Nazionalità

Italiana

Data di nascita

ESPERIENZA LAVORATIVA

- Da Marzo 2007
Da Novembre 2000
Da Novembre 1998
Da Settembre 1991
Da Ottobre 1991 a Ottobre 1992
Da Luglio 1994 a Ottobre 1994
Dall'Agosto 1998 al Ottobre 1998
Da Settembre 1997 Novembre 1997

Professore Ordinario nel SSD INF/01, Università di Milano-Bicocca
Professore Associato nel SSD INF/01, Università di Milano-Bicocca
Ricercatore nel SSD INF/01, Università di Milano-Bicocca
Ricercatore nel SSD INF/01, Università degli Studi di Milano
Visiting Assistant Professor, University of Colorado at Boulder (USA)
Visiting Assistant Professor, University of Colorado at Boulder (USA)
Visiting Assistant Professor, University of California at Devis (USA)
Visiting Assistant Professor, University of McMaster at Hamilton (CA)

- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
- Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

Università di Milano-Bicocca, Viale Sarca 336, 20126 Milano (MI)
(Dipartimento di Informatica Sistemistica e Comunicazione DISCO).
Università e ricerca
Professore Ordinario nel Settore Scientifico Disciplinare "Informatica" (INF/01)
Presidente del Consiglio di Coordinamento Didattico in Tecnologie Informatiche
Da Ottobre 2008 a Ottobre 2011
Presidente della Commissione Paritetica della Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e Naturali
Da Marzo 2007 a Ottobre 2008
Membro del Senato Accademico da Ottobre 2018

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 1987
- Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione
- Principali materie / abilità professionali oggetto dello studio

Laurea in Scienze dell'Informazione
Università degli Studi di Milano
Informatica, Algoritmi e strutture dati e Bioinformatica

CAPACITÀ E COMPETENZE

PERSONALI

Acquisite nel corso della vita e della carriera ma non necessariamente riconosciute da certificati e diplomi ufficiali.

PRIMA LINGUA

ITALIANO

ALTRE LINGUE

- Capacità di lettura
- Capacità di scrittura
- Capacità di espressione orale

INGLESE

BUONO

BUONO

BUONO

CAPACITÀ E COMPETENZE
ORGANIZZATIVE

Responsabile di Unità Operativa di un Progetto Cofinanziato PRIN 2011

Responsabile di Unità Operativa di un Progetto CARIPLO 2013

INCARICHI SCIENTIFICI
INTERNAZIONALI

Editor della Springer book series *Theory and Application of Computability*

Managing Editor delle rivista Journal Computability IOS – Press

Presidente dell'associazione scientifica Computability in Europe (CiE) .

L'associazione CiE promuove lo sviluppo, in particolare in Europa, della Computabilità nelle Scienze quali la matematica, l'informatica e le varie applicazioni in scienze naturali ed ingegneristiche come la fisica e la biologia.

L'associazione CiE ha più di 1200 membri associati ed organizza annualmente una conferenza internazionale "Computability in Europe".

ATTIVITÀ DI SERVIZIO

ORGANIZZAZIONE CONVEGNI E COMITATI DI PROGRAMMA

Chair del comitato di programma e del comitato organizzatore della conferenza CIE2013, The Nature of Computation: algorithms, logic and applications, tenutasi a Milano all'Università di Milano-Bicocca nel 2013.

Chair della sessione speciale della conferenza internazionale CIE2017: Algorithmics for Biology, Turku, Finland, 2017.

Chair della sessione speciale della conferenza internazionale CIE2010: Biological Computing, Ponta Dalgada, Portugal, 2010.

Chair del Colloquium: Unconventional Models of Computation, Settembre 2009 - Politecnico di Milano, Cremona, co-locata con ICTCS, Italian Conference on Theoretical Computer Science.

Chair del Workshop nazionale:
ASWorkshop on Alternative Splicing in Animals and Plants, A key mechanism for expanding transcriptome and proteome complexity, October 2008, Università di Milano-Bicocca, Dipartimento di Informatica Sistemistica e Comunicazione, Milano, 2008.

Chair della sessione speciale della conferenza internazionale CIE2007: Computational Foundations of Physics and Biology, Siena, Italy.

Co-organizzatore con Elvira Mayordomo del Workshop "Women in Computability" co-locata con CIE per 3 anni consecutivi (2007-2010).

Membro del Comitato di Programma delle seguenti conferenze Internazionali

IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and Medical Sciences (ICCABS) 2011
International Conference on Genome Informatics (GIW) 2012
ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM-BCB) 2014-2012
European Conference on Computational Biology (ECCB) 2012-2014-2016
International Workshop on Combinatorial Algorithms (IWOC) 2015
International Conference on Language and Automata Theory and Applications (LATA) 2007
Annual Conference on Theory and Applications of Models of Computation (TAMC) 2008
Computability in Europe: Computation and Logic in the Real World (CIE) dal 2007 al 2016
International Workshop on Developments in Computational Models (DCM) 2009-2010-2013

E' regolarmente nel Comitato di Programma delle Conferenze Internazionali
International Symposium on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA),
Workshop in Algorithms for Bioinformatics (WABI)
IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM).

MEMBRO DI COMITATI DI VALUTAZIONE PROGETTI INTERNAZIONALI

Esperto del comitato di valutazione del panel in Bioinformatica presso INRIA (Francia) sull'argomento Theme Computational Biology, Parigi, Ottobre 2017

Membro della giuria del comitato di valutazione per Agence Nationale De La Recherche ANR (Francia) delle calls: Bioinformatics 2010 edition e Bioinformatics 2011 edition - Programma Investimenti per il Futuro -)

Esperto revisore per Research Grant Council (RGC) di Hong Kong su progetti di algoritmi su grafi dal 15-03-2016 al 27-04-2016

ATTIVITÀ SCIENTIFICA

PRINCIPALI TEMI DI RICERCA

I suoi interessi di ricerca sono principalmente nell'ambito della Bioinformatica e della Informatica Teorica e includono: complessità computazionale, strutture dati e algoritmi esatti ed approssimanti per la genomica. Ha studiato diversi problemi combinatori di ottimizzazione su sequenze, grafi ed alberi evolutivi che derivano dalla genomica, trascrittomica e filogenetica. Ha progettato algoritmi di approssimazione, parametrici per problemi di clustering combinatorio di dati biologici (Consensus e Correlation clustering).

I principali contributi della sua ricerca in Bioinformatica includono la soluzione del problema di Aplotipizzazione (assemblaggio ed inferenza di aplotipi da dati di sequenziamento NGS), algoritmi di predizione della struttura del gene dovuta a splicing alternativo. Su questi temi ha contribuito alla progettazione e sviluppo di tools software e un database di annotazione dei geni (ASPICdb). In questo ambito ha ottenuto risultati principalmente sulla complessità computazionale e di approssimazione di rilevanti problemi combinatori per il confronto di sequenze ed alberi, come l'allineamento multiplo su schemi metrici, la riconciliazione di alberi di geni e la ricostruzione di alberi con il modello della filogenesi perfetta persistente. I suoi interessi di ricerca più recenti riguardano lo sviluppo di algoritmi per l'analisi di dati NGS, per cui ha sviluppato algoritmi di assemblaggio basati sulla trasformata Burrows-Wheeler e sull' FM-index ed algoritmi per il calcolo della BWT e del vettore LCP in memoria esterna.

Si è anche occupata dello studio del potere computazionale di sistemi di calcolo molecolare basati sulla ricombinazione del DNA lineare e circolare per cui ha dato caratterizzazioni mediante proprietà dei linguaggi formali.

INVITED TALKS

Ha tenuto le seguenti Keynote in qualità di invited speaker:

Automata and formal languages for next generation sequencing data (15th International Conference on Automata and Formal Languages (AFL) 2017, Settembre 2017, Debrecen, Hungary)

Reconstructing and comparing the evolution of genomic mutations from discrete data (American Mathematical Society – Session on Mathematics of Biomolecules: Discrete, Algebraic, and Topological – Orlando, Florida 2017)

What is a gene? How and why computer science helps in answering this Question (joint keynote for ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM-BCB) e WABI 2015 -Atlanta - Georgia Tech University (USA) Settembre 9-12, 2015)

The Holy Grail: Finding the Genetic Bases of Phenotypic Characters (International Conference - Unconventional Computation and Natural Computation UCNC 2012 - University of Orléans (France) Settembre 3-7, 2012)

A novel perspective in algorithmic combinatorial methods for phasing populations in a coalescent model (IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and Medical Sciences ICCABS 2011, Orlando, Florida, (USA) Febbraio 3-5, 2011)

The binary perfect phylogeny model with persistent characters (Discrete and Topological Models in Mathematical Biology, workshop satellite della conferenza annuale dell'American Mathematical Society, University of Florida, Tampa, USA, March 2012)

Splicing Languages and the constant (Biomathematical Computing Conference: Past, Present, and Prospects, Binghamton, NY (USA) Ottobre 31 – Novembre 2, 2008)

Recombinant DNA, gene splicing as generative devices of formal languages (New Computational Paradigms (CIE 2005), Amsterdam (Olanda) Giugno 9-12, 2005, Session Speciale sulla Computazione Biologica organizzata da Thomas Bäck)

PUBBLICAZIONI

PUBBLICAZIONI NEGLI ULTIMI CINQUE ANNI

Stefano Beretta, Murray Patterson, Simone Zaccaria, Gianluca Della Vedova, Paola Bonizzoni: HapCHAT: adaptive haplotype assembly for efficiently leveraging high coverage in long reads. *BMC Bioinformatics* 19(1): 252:1-252:19 (2018)

Luca Denti, Raffaella Rizzi, Stefano Beretta, Gianluca Della Vedova, Marco Previtali, Paola Bonizzoni: ASGAL: aligning RNA-Seq data to a splicing graph to detect novel alternative splicing events. *BMC Bioinformatics* 19(1): 444:1-444:21 (2018)

Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Serena Nicosia, Yuri Pirola, Marco Previtali, Raffaella Rizzi: Divide and Conquer Computation of the Multi-string BWT and LCP Array. *CiE* 2018: 107-117

Simone Ciccolella, Mauricio Soto Gomez, Murray Patterson, Gianluca Della Vedova, Iman Hajirasouliha, Paola Bonizzoni: gpps: an ILP-based approach for inferring cancer progression with mutation losses from single cell data. *ICCABS* 2018: 1

Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Yuri Pirola, Marco Previtali, Raffaella Rizzi: An External-Memory Algorithm for String Graph Construction. *Algorithmica* 78(2): 394-424 (2017)

Paola Bonizzoni, Anna Paola Carrieri, Gianluca Della Vedova, Raffaella Rizzi, Gabriella Trucco: Species-Driven Persistent Phylogeny. *Fundam. Inform.* 154(1-4): 47-63 (2017)

Paola Bonizzoni, Gianluca Della Vedova, Yuri Pirola, Marco Previtali, Raffaella Rizzi: FSG: Fast String Graph Construction for De Novo Assembly. *Journal of Computational Biology* 24(10): 953-968 (2017)

Paola Bonizzoni, Anna Paola Carrieri, Gianluca Della Vedova, Raffaella Rizzi, Gabriella Trucco: A colored graph approach to perfect phylogeny with persistent characters. *Theor. Comput. Sci.* 658: 60-73 (2017)

Paola Bonizzoni, Simone Ciccolella, Gianluca Della Vedova, Mauricio Soto Gomez: Beyond Perfect Phylogeny: Multisample Phylogeny Reconstruction via ILP. *BCB* 2017: 1-10

Stefano Beretta, Paola Bonizzoni, Luca Denti, Marco Previtali, Raffaella Rizzi: Mapping RNA-seq Data to a Transcript Graph via Approximate Pattern Matching to a Hypertext. *AICoB* 2017: 49-61

Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Previtali M, Rizzi R (2016). An External-Memory Algorithm for String Graph Construction. *ALGORITHMICA*, ISSN: 0178-4617, doi: 10.1007/s00453-016-0165-4

Pirola Y, Zaccaria S, Dondi R, Klau GW, Pisanti N, Bonizzoni P (2016). HapCol: Accurate and memory-efficient haplotype assembly from long reads. *BIOINFORMATICS*, vol. 32, p. 1610-1617, ISSN: 1367-4811, doi: 10.1093/bioinformatics/btv495

Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Previtali M, Rizzi R (2016). LSG: An External-Memory Tool to Compute String Graphs for Next-Generation Sequencing Data Assembly. *JOURNAL OF COMPUTATIONAL BIOLOGY*, vol. 23, p. 137-149, ISSN: 1066-5277, doi: 10.1089/cmb.2015.0172

Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Previtali M, Rizzi R (2016). FSG: Fast string graph construction for de novo assembly of reads data. In: *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*. vol. 9683, p. 27-39, Springer Verlag, ISBN: 9783319387819, Belarus, 2016, doi: 10.1007/978-3-319-38782-6_3

Batini C, Bonizzoni P, Comerio M, Dondi R, Pirola Y, Salandra F (2015). A Clustering Algorithm for Planning the Integration Process of a Large Number of Conceptual Schemas. *JOURNAL OF COMPUTER SCIENCE AND TECHNOLOGY*, vol. 30, p. 214-224, ISSN: 1000-9000, doi: 10.1007/s11390-015-1514-5

- Bonizzoni P, Jonoska N (2015). Existence of constants in regular splicing languages. *INFORMATION AND COMPUTATION*, vol. 242, p. 340-353, ISSN: 0890-5401, doi: 10.1016/j.ic.2015.04.001
- Beerenwinkel N, Beretta S, Bonizzoni P, Dondi R, Pirola Y (2015). Covering Pairs in Directed Acyclic Graphs. *COMPUTER JOURNAL*, vol. 58, p. 1673-1686, ISSN: 0010-4620, doi: 10.1093/comjnl/bxu116
- Bonizzoni P, Dondi R, Klau G, Pirola Y, Pisanti N, Zaccaria S (2015). On the Fixed Parameter Tractability and Approximability of the Minimum Error Correction Problem. In: *Combinatorial Pattern Matching - 26th Annual Symposium, CPM 2015, Ischia Island, Italy, June 29 - July 1, 2015, Proceedings. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE*, vol. 9133, p. 100-113, Springer, ISBN: 978-3-319-19928-3, ISSN: 0302-9743, Ischia Island, Italy, 2015, doi: 10.1007/978-3-319-19929-0_9
- Beretta S, Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Rizzi R (2014). Modeling Alternative Splicing Variants from RNA-Seq Data with Isoform Graphs. *JOURNAL OF COMPUTATIONAL BIOLOGY*, vol. 21, p. 16-40, ISSN: 1066-5277, doi: 10.1089/cmb.2013.0112
- Blin G, Bonizzoni P, Dondi R, Rizzi R, Sikora F (2014). Complexity insights of the Minimum Duplication problem. *THEORETICAL COMPUTER SCIENCE*, vol. 530, p. 66-79, ISSN: 0304-3975, doi: 10.1016/j.tcs.2014.02.025
- Bonizzoni P, Carrieri A, Della Vedova G, Trucco G (2014). Explaining evolution via constrained persistent perfect phylogeny. *BMC GENOMICS*, vol. 15, ISSN: 1471-2164, doi: 10.1186/1471-2164-15-S6-S10
- Bonizzoni P, Dondi R, Mauri G, Zoppis I (2014). Restricted and Swap Common Superstring: A Multivariate Algorithmic Perspective. *ALGORITHMICA*, vol. 72, p. 914-939, ISSN: 0178-4617, doi: 10.1007/s00453-014-9882-8
- Bonizzoni P, Carrieri A, Della Vedova G, Dondi R, Przytycka T (2014). When and How the Perfect Phylogeny Model Explains Evolution. In: (a cura di): Jonoska N; Saito M, *Discrete and Topological Models in Molecular Biology*. p. 67-83, Springer, ISBN: 978-3-642-40193-0, doi: 10.1007/978-3-642-40193-0_4
- Boasson L, Bonizzoni P, De Felice C, Fagnotl, Fici G, Zaccagnino R, Zizza R (2014). Splicing Systems from Past to Future: Old and New Challenges. In: (a cura di): Gheorghe Paun and Grzegorz Rozenberg and Arto Salomaa, *Discrete Mathematics and Computer Science. In Memoriam Alexandru Mateescu (1952-2005)*. p. 51-76, The Publishing House of the Romanian Academy, ISBN: 978-973-27-2470-5
- Beerenwinkel N, Beretta S, Bonizzoni P, Dondi R, Pirola Y (2014). Covering Pairs in Directed Acyclic Graphs. In: *Language and Automata Theory and Applications*. vol. 8370, p. 126-137, Springer International Publishing, ISBN: 978-3-319-04920-5, Madrid, 2014, doi: 10.1007/978-3-319-04921-2_10
- Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Previtali M, Rizzi R (2014). Constructing String Graphs in External Memory. In: *Algorithms in Bioinformatics*. vol. 8701, p. 311-325, Springer, ISBN: 978-3-662-44752-9, Wroclaw, Poland, 2014, doi: 10.1007/978-3-662-44753-6_2
- Bonizzoni P, Della Vedova G, Dondi R, Pirola Y (2013). Parameterized complexity of k-anonymity: hardness and tractability. *JOURNAL OF COMBINATORIAL OPTIMIZATION*, vol. 26, p. 19-43, ISSN: 1382-6905, doi: 10.1007/s10878-011-9428-9
- Alonso-Aleman D, Barré A, Beretta S, Bonizzoni P, Nikolski M, Valiente G (2013). Further Steps in TANGO: Improved Taxonomic Assignment in Metagenomics. *BIOINFORMATICS*, ISSN: 1367-4803, doi: 10.1093/bioinformatics/btt256
- Bonizzoni P, Dondi R, Pirola Y (2013). Maximum Disjoint Paths on Edge-Colored Graphs: Approximability and Tractability. *ALGORITHMS*, vol. 6, p. 1-11, ISSN: 1999-4893, doi: 10.3390/a6010001
- Pirola Y, Della Vedova G, Bonizzoni P, Stella A, Biscarini F (2013). Haplotype-based prediction of gene alleles using pedigrees and SNP genotypes. In: *Proceedings of the International*

Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics - BCB'13. p. 33-41, ACM, ISBN: 9781450324342, Washington DC, 2013, doi: 10.1145/2506583.2506592

Bonizzoni P, Brattka V, Löwe B (a cura di) (2013). The Nature of Computation: Logic, Algorithms, Applications - 9th Conference on Computability in Europe, CiE 2013, Proceedings. Springer Verlag, ISBN: 9783642390524