

**CURRICULUM SCIENTIFICO E PERSONALE**

**DEL**

**DOTT. LIUNI SABINO**

**NATO A MINERVINO MURGE (BT) IL 7 MARZO 1955**

## INDICE

Percorso di Studio e Carriera .....	pag. 4
Attività Scientifiche/Tecnologiche .....	pag. 5
Attività di Coordinamento e Responsabilità .....	pag. 7
Responsabilità di Progetto Scientifico .....	pag. 8
Partecipazione a Progetto Scientifico .....	pag. 10
Responsabile scientifico assegni, master e dottorati di ricerca.	pag.12
Direzione-Responsabilità di Organismo e Gestione .....	pag.13
Partecipazione a Commissioni e Gruppi di lavoro .....	pag. 16
Incarichi di Docenza e Corsi di Formazione .....	pag. 18
Revisore di Progetti Nazionali ed Europei .....	pag. 22
Partecipazione a Comitati di Redazione di riviste e scientifici ...	pag. 23
Prodotti della Ricerca .....	pag. 24

## PERCORSO DI STUDIO E CARRIERA

In qualità di studente lavoratore come Tecnico di Laboratorio di ruolo nelle scuole secondarie di secondo grado si Laurea in Biologia il 17 luglio 1984 presso l'Università degli Studi di Bari discutendo la prima tesi in Italia di Bioinformatica dal titolo: "*Metodo di comparazione dei geni omologhi per la ricerca di costrizioni funzionale*". Relatore: Prof.ssa Cecilia SACCONI.

Tirocinio formativo nel 1985 presso il Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare, Università degli Studi di Bari e conseguimento dell'abilitazione alla professione di Biologo.

Docente di ruolo nel 1987 in quanto vincitore del concorso a cattedra nelle scuole secondarie superiore per il settore Scienza dell'Alimentazione.

Ricercatore III livello dal 1988 al 1993, contratto quinquennale di lavoro a norma dell'art. 36 della legge 20.3.1976 del Consiglio Nazionale delle Ricerche presso il Centro Studi sui Mitochondri e Metabolismo Energetico come responsabile del Nodo Nazionale Italiano della prima rete Bioinformatica Europea EMBnet (European Molecular Biology Network) costituita nel 1988 su iniziativa del laboratorio Europeo di Biologia Molecolare di Heidelberg. Il Nodo Nazionale Italiano EMBnet veniva creato con il decreto 22.4.1989 Prot. URI 1034/10.7 dal ministro Antonio Ruberti. Le attività svolte in qualità di responsabile del nodo nazionale italiano hanno riguardato la progettazione e sviluppo di una infrastruttura Bioinformatica Nazionale a supporto della comunità scientifica nazionale pubblica e privata.

Ricercatore III livello dal 1994 al 1999, contratto quinquennale di lavoro a norma dell'art. 36 della legge 20.3.1976 del Consiglio Nazionale delle Ricerche presso il Centro Studi sui Mitochondri e Metabolismo Energetico come responsabile del Nodo Nazionale Italiano della prima rete Bioinformatica Europea EMBnet (European Molecular Biology Network).

Ricercatore III livello dal 1999 al 29-11-2000, contratto quinquennale di lavoro a norma dell'art. 36 della legge 20.3.1976 del Consiglio Nazionale delle Ricerche presso il Centro Studi sui Mitochondri e Metabolismo Energetico come responsabile del Nodo Nazionale Italiano della prima rete Bioinformatica Europea EMBnet (European Molecular Biology Network).

Primo Tecnologo di ruolo dal 30-11-2000, in qualità di vincitore del concorso presso l'Istituto di Tecnologie Biomediche - l'Unità Operativa di Supporto (UOS) di Bari.

Dirigente Tecnologo di ruolo dal 1-1-2010 presso l'Istituto Tecnologie Biomediche - UOS di Bari in quanto primo in graduatoria per nr. 2 posti, nell'ambito del settore Supporto alla Ricerca/Progettazione e/o gestione impianti, strumentazioni, servizi come da Bando di selezione nr. 364.145 B.

## **ATTIVITA' SCIENTIFICHE/TECNOLOGICHE**

Il dott. Liuni dal 1989 in qualità di responsabile del Nodo Nazionale Italiano della prima rete di Bioinformatica EMBnet ha indirizzato, visto gli albori della Bioinformatica, le attività scientifiche-tecnologiche sia alla progettazione sia allo sviluppo di strumenti Bioinformatici (Banche Dati Biologiche e Algoritmi) per l'analisi funzionale delle biosequenze. La finalità di EMBnet è quella di sostenere e far progredire la ricerca nel settore della biologia molecolare e della biotecnologia, nel senso più ampio del termine, attraverso gli sforzi combinati dei rappresentanti di ciascun nodo EMBnet, i quali offrono le loro specifiche competenze scientifiche, l'accesso ai database primari delle biosequenze, i programmi d'analisi, la formazione nonché un supporto alla comunità scientifica. I nodi nazionali sono centri di bioinformatica, nominati dall'autorità governativa del proprio paese, i quali hanno il compito di fornire alla comunità scientifica accademica e industriale accesso a banche dati di biosequenze e programmi d'analisi, e organizzare corsi di formazione orientati all'utilizzo degli strumenti Bioinformatici. Il dott. Liuni, in qualità di responsabile del nodo nazionale italiano nel periodo dal 1989 al 2002 ha fornito un servizio di Bioinformatica alla comunità scientifica pubblica e privata in modalità di conto terzi del CNR. In qualità di esperto in Bioinformatica, è stato invitato da parte di molteplici Istituti di Ricerca Universitari, CNR e dell'Industria a tenere seminari e corsi di formazione. L'attività di ricerca e sviluppo fin qui svolta si è concentrata sempre nel settore scientifico-tecnologico della Bioinformatica e Biologia Computazionale. Le principali area di ricerca hanno riguardato la progettazione e sviluppo di banche dati e di algoritmi per l'analisi funzionale delle biosequenze (vedasi Prodotti della Ricerca). Attualmente le attività di ricerca e sviluppo sono orientate alla realizzazione di strumenti Bioinformatici innovativi per la gestione e analisi funzionale dei dati prodotti dai sistemi tecnologici di sequenziamento massivo (NGS). In particolare la linea di ricerca è orientata allo sviluppo di un "framework" per studiare il ruolo funzionale degli small non-coding RNAs nelle patologie Neurodegenerative (Sclerosi Laterale Amiotrofica, Sclerosi Multipla) e patologie proliferative (Cancro Ovarico), come i miRNAs, responsabili del controllo dell'espressione genica in molti processi biologici. Come riconoscimento scientifico/tecnologico, il dott. Liuni ha ricevuto dal Presidente del CNR Fabio Pistella (Protocollo nr .FP/n.571) in relazione all'attività di ricerca condotta nell'arco del 2001-2003 secondo le indicazioni del CIVR un attestato di ringraziamento per aver contribuito con il suo impegno a conseguire quei successi sul piano della ricerca scientifica e dello sviluppo

tecnologico che sostanziano la missione dell'Ente come sintetizzata dal consiglio di amministrazione .

Il dott. Liuni, per quanto riguarda i prodotti scientifici (articoli su riviste, prodotti software etc.) ha realizzato circa 60 prodotti con i seguenti valori di **H-Index: Scopus = 22, ISI-Wos = 22, Google Scholar = 35.**

## **ATTIVITA' DI COORDINAMENTO E RESPONSABILITA'**

Il dott. Liuni, nel corso degli anni ha acquisito notevoli capacità gestionali sia amministrative sia di risorse umane, progettuali, coordinamento, e responsabilità di infrastrutture complesse come quelle Bioinformatiche. Per quanto riguarda le responsabilità di direzione gestionali, scientifiche e amministrative è stato dal 1997 al 2002 Vice-Direttore dell'Area di Ricerca di Bari e dal 2006 (in corso) Responsabile della Unità Operativa di Supporto (UOS) della Sede di Bari dell'Istituto di Tecnologie Biomediche, costituita da nr.13 personale strutturato tra Ricercatori-Tecnologi e personale Amministrativo e da circa nr. 20 personale non-strutturato tra assegnisti, borsisti, dottorandi e tesisti. Ha frequentato corsi di perfezionamento della pubblica amministrazione come il corso sulle misure in materia di anticorruzione con riferimento all'area di rischio acquisizione delle risorse umane, organizzato dalla Scuola Nazionale dell'Amministrazione. Per quanto riguarda le progettualità scientifiche nel settore della Bioinformatica e Biologia Computazionale è stato responsabile e partecipante di unità di ricerca nell'ambito di progetti di ricerca a livello Europeo, Nazionale e Regionale. Nell'ambito della docenza e formazione il dott. Liuni è stato responsabile di assegnisti di ricerca, dottorandi e master.

Dal 2011 il dott. Liuni, è Tesoriere della Società Italiana di Bioinformatica (BITS).

Infine il dott. Liuni ha svolto diverse attività di formazione e divulgatore scientifico per il settore della Bioinformatica e Genomica Applicata e Funzionale, partecipando a molteplici iniziative legate all'innovazione scientifica. Tra le quali: *European Biotech Week*, svoltasi il 9.10.2014 presso l'Area di Ricerca di Bari. Festival dell'Innovazione organizzato dalla Regione Puglia-ARTI presentando un Laboratorio Interattivo Permanente dal titolo "*Percorsi GeniAli: scoprire le Biotecnologie*", per gli anni dal 2010 al 2014. Evento "*LIGHT: accendi la luce sulla scienza*", progetto European Research Night del CNR.

## RESPONSABILITA' DI PROGETTO SCIENTIFICO

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera è stato responsabile di progetti scientifici a livello Nazionale e Regionale. Di seguito è riportato il dettaglio dei progetti.

- Responsabile scientifico e legale dell'unità progettuale ITB-CNR nell'ambito del progetto *"Sviluppo di una piattaforma tecnologica multiplex per diagnostica molecolare, portatile ed automatizzata, basata sulla logica strumentale del Lab-on-chip, in grado di consentire applicazioni multi parametriche in campo infettivologico"*. Il progetto prevede lo sviluppo di una serie di test, pannelli e profili diagnostici per patologie infettive e per quadri fisiologici condizionati da popolazioni batteriche o di altri microrganismi, basati sulla identificazione di acidi nucleici e/o marcatori circolanti o tissutali di altra natura (proteine o altre macromolecole) specifici degli agenti selezionati. Il progetto finanziato nell'ambito dei PON-01 (2007-2013) progetti di ricerca industriale. Costo complessivo del progetto 10.659.592,00. Durata del progetto dal 2011 al 2015.
- Responsabile scientifico e legale dell'unità progettuale ITB-CNR nell'ambito del progetto *"Sistemi Avanzati di Meccatronica Biomedicale di Diagnosi e Terapia Medica basati su Realtà Virtuale e Aumentata, Microelettronica, e su Laboratori robotizzati ad elevato throughput "*. Il progetto di ricerca VIRTUALAB si propone di studiare, realizzare e validare tecniche diagnostiche e terapeutiche avanzate nel campo della medicina attingendo ad una base di conoscenza, o insieme di tecnologie abilitanti, come la meccatronica, l'elaborazione delle immagini e dei segnali biomedici e fisiopatologici, a realtà virtuale, la robotica, la microelettronica, la sensoristica e il software. Il progetto finanziato nell'ambito dei PON-01 (2007-2013) progetti di ricerca industriale. Costo complessivo del progetto 6.000.000,00 euro. Durata del progetto dal 2011 al 2015.
- Responsabile scientifico e legale dell'unità progettuale ITB-CNR nell'ambito del progetto *"InterOmics: sviluppo di una piattaforma integrata per l'applicazione delle scienze omiche alla definizione di biomarcatori e profili diagnostici, predittivi e teranostici"*. Il progetto finanziato nell'ambito dei Progetti Bandiera approvati dal CIPE. Durata complessiva del progetto dal 2012 al 2015
- Responsabile scientifico e legale dell'unità progettuale ITB-CNR nell'ambito del progetto *"Ricerca e sviluppo di nuovi strumenti bioinformatici e biotecnologici per l'analisi del profilo di espressione genica e proteica del cancro e per l'identificazione di*

*marcatori biologici per la diagnosi precoce delle neoplasie colo-rettali, renali e del cavo orale*". Il progetto finanziato nell'ambito dei Progetti Strategici Regione Puglia. Costo complessivo del progetto di 1.692.857,00 euro. Durata del progetto dal 2007 al 2010.

- Responsabile Scientifico e Legale dell'unità progettuale nell'ambito del progetto "*Caratterizzazione strutturale e funzionale del genoma di Vitis vinifera L.*". Finanziato dal Ministero delle Politiche Agricole e Forestali e in collaborazione con i gruppi Francesi INRA e Genoscope. Il progetto ha come obiettivo il sequenziamento genomico della "Vitis vinifera" con lo sviluppo e l'implementazione di piattaforme di analisi di genomica e trascrittomiche avanzate. Le attività svolte nel progetto hanno riguardato l'annotazione automatica dei geni, identificazione di regioni conservate tramite analisi comparativa. Importo complessivo finanziato di 6.500.00, euro. Periodo di attività dal 2005 al 2009.
- Responsabile scientifico e legale dell'unità progettuale, del Nodo Puglia, nell'ambito del progetto "*BIONETWORK,*" PON Ricerca Scientifica, Sviluppo Tecnologico, Alta Formazione (2000-2006) Asse II rafforzamento ed apertura del sistema scientifico e di alta formazione (Consorzio BIOSISTEMA). Le finalità progettuali sono lo sviluppo di un sistema integrato per il trasferimento di conoscenze e per il sostegno tecnico ed organizzativo nel campo delle Biologie avanzate alle PMI delle regioni italiane del mezzogiorno. Importo finanziamento MIUR, 7.183.214,00 euro. Periodo di attività progettuale dal 2007 ad oggi.
- Responsabile scientifico del progetto dal titolo: "*Reduce Complexity cDNA*". Finanziato dal Sidney Kimmel Cancer Center-San Diego mediante un NIH grant 1R33 CA81667. Periodo di attività progettuale dal 2001 al 2002.
- Responsabile scientifico del progetto dal titolo "*EST assembling algorithm for longer mRNA contig construction implemented on the WEB*". Le finalità progettuali hanno riguardato lo sviluppo di un algoritmo per l'assegnazione automatica di sequenze EST a cluster genici. Finanziato da European Molecular Biology Network. Periodo di attività dal 2000 al 2001.
- Responsabile scientifico della linea di ricerca nell'ambito dell'unità progettuale del progetto "*Studio di geni di interesse biomedico e agroalimentare*". Finanziato nell'ambito dei Piani di Potenziamento della Rete Scientifica e Tecnologica MURST Cluster L.488/92. Le finalità del progetto è fornire un supporto all'attività scientifica di enti e strutture di ricerca che operano nell'ambito dell'ingegneria molecolare, mediante lo sviluppo di banche dati specializzate e metodi matematico-statistici per

l'analisi delle biosequenze. Importo complessivo finanziato di 3.905.318 euro. Periodo di attività dal 2000 al 2006.

## PARTECIPAZIONE A PROGETTO SCIENTIFICO

Il dott. Liuni, ha partecipato in modo attivo a diversi progetti di ricerca sia Europei, Nazionali che Regionali in Unità di Ricerca CNR e Universitarie. Di seguito è riportato il dettaglio dei progetti.

- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR, nell'ambito del progetto dal titolo "*Cognitive impairment in Pediatric Multiple Sclerosis: searching for biomarkers predictive of progression*". Progetto finanziato dalla FISM. Costo complessivo del progetto 250.000,00 euro. Durata del progetto dal 2015 al 2016.
- Responsabile legale e partecipante al progetto regionale Reti di Laboratorio Pubblici di Ricerca PO Puglia FESR (2007-2013) dal titolo "*BioBOP: Network per l'utilizzo di tessuti oncologici controllati e caratterizzanti per lo sviluppo di nuovi approcci diagnostici, farmacologici e biomedicali*". Le finalità del progetto riguardano lo sviluppo di una infrastruttura di risorse biomolecolari per ricerca organizzate intorno ad un "Cancer-Oriented-Biobank "regionale. Le attività svolte nel progetto hanno riguardato l'organizzazione del database e l'interazione informazione-infrastruttura e la piattaforma informativa. Costo complessivo del finanziamento di 2.520.361,00 euro. Periodo di attività progettuale dal 2008 al 2014.
- Responsabile legale del progetto "*Sviluppo di una nuova terapia antitumorale basata su biopeptidi in grado di ripristinare l'attività dell'oncosoppressore p53*", finanziato dalla Fondazione Cassa di Risparmio Puglia, Anno 2011
- Referente per l'attività di ricerca ITB nell'ambito del progetto: "*MBLab: Laboratorio di Bioinformatica per la Biodiversità Molecolare*". Finanziato dal MIUR-FAR (Fondo agevolazioni Ricerche). L'obiettivo del progetto è quello di creare un Laboratorio di Bioinformatica e Biologia Computazionale per lo studio della Biodiversità Molecolare. Costo complessivo del finanziamento con la quota di formazione di 5.067.466,00 euro. Periodo attività progettuale dal 2006 al 2011.
- Partecipante all'unità di ricerca nell'ambito del progetto dal titolo "*High-throughput investigation of Multiple Sclerosis associated infectious agents by unbiased cDNA deep sequencing*". Le finalità del progetto sono la generazione di una estesa collezione di sequenze di trascritti estratti da quattro campioni di cervello con Sclerosi Multipla e attraverso la piattaforma di sequenziamento NGS condurre un'indagine sul possibile coinvolgimento e sul ruolo di agenti infettivi ancora non identificati sulla insorgenza e

progressione di questa patologia. Finanziato dalla Fondazione Italiana Sclerosi Multipla (FISM). Periodo di attività dal 2008 al 2009.

- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto "*Laboratorio Internazionale di Bioinformatica*". Finanziamento FIRB 2003 art.8 . Il progetto si propone l'istituzione di un avanzato laboratorio di Bioinformatica e Biologia Computazionale, denominato LIBI, rivolto ad attività ritenute centrali per la moderna Biologia e per le Biotecnologie nei suoi aspetti di ricerca di base e applicata. Costo complessivo del finanziamento di 6.948.000,00 euro. Durata del progetto dal 2005 al 2011.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto "*EMBRACE: a European model for bioinformatics research and community education*". Finanziato nell'ambito del VI Programma Quadro Europeo – Network of Excellence. Il progetto si propone di mettere insieme a livello europeo un network di esperti di Information Technology e Biologi Molecolari al fine di integrare i maggiori strumenti bioinformatici da rendere disponibili alla comunità scientifica. Il costo complessivo del progetto di 1.500.000,00 euro. Durata del progetto dal 2005 al 2010.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*Approcci multidisciplinari di genomica funzionale e comparata per lo studio di processi biologici di base applicati alla biomedicina*". Progetto finanziato dal D.D n. 1105 contributi straordinari di ricerca e/o formazione agli Istituti e/o Enti culturali di ricerca o formazione pubblici o privati ubicati nelle aree obiettivo 1. Costo complessivo del progetto di 280.000,00 euro. Durata del progetto dal 2004 al 2008.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*Study of p53 Gene Family and identification of new transacted genes by bioinformatics and microarray approaches*". Progetto finanziato da AIRC. Il progetto si propone di studiare l'origine strutturale ed evolutiva dei geni della famiglia genica p53 mediante microarray e analisi bioinformatica. Durata del progetto dal 2003 al 2004.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*Bioinformatica per la Genomica e Proteomica*". Il progetto finanziato da MIUR-FIRB. Il progetto si propone di incrementare gli strumenti bioinformatici per la genomica e proteomica, mediante lo sviluppo di banche dati specializzate e algoritmi di analisi. Il costo complessivo del progetto di 1.629.000, euro. Durata del progetto dal 2003 al 2007.

- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*BIG: Potenziamento delle infrastrutture per la bioinformatica e la genomica*". Il progetto finanziato da avviso nr.68 PON 2000-2006 per le regioni obiettivo 1. Il progetto ha finanziato solo la UOS-ITB di Bari al fine di creare un centro per la Bioinformatica e Biologia con competenze multidisciplinari e fornire servizi ad alto livello alla comunità scientifica. Il costo complessivo del progetto di 1.590.000,00 euro. Durata del progetto dal 2003 al 2007.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*Comparative genomics in mitochondria and nuclei: in silico techniques for new experimental approaches*". Progetto finanziato da MIUR Centri di Eccellenza. Il progetto ha come finalità la creazione di un centro di eccellenza multidisciplinare mediante l'integrazione di competenze di genetica molecolare e bioinformatica. Durata del progetto dal 2001 al 2006.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*Bioinformatica e ricerca genomica*". Il progetto finanziato da PRIN DM nr.81. Il progetto si propone di sviluppare un "framework" per la gestione ed analisi dei dati di biosequenze che aumentano in modo esponenziale. Il costo complessivo del progetto di 309.000,00 euro. Durata del progetto dal 1999 al 2002.
- Partecipante all'unità di ricerca ITB-CNR nell'ambito del progetto dal titolo "*WORK-Station per l'analisi off-line/on-line dei dati prodotti da sistemi di sequenziamento automatico*". Il progetto finanziato nell'ambito dei progetti finalizzati del CNR. Il progetto si propone di sviluppare una interfaccia utente per rendere disponibile alla comunità scientifica banche dati e programmi per l'analisi delle biosequenze. Durata del progetto dal 1986 al 1991.

## **RESPONSABILE SCIENTIFICO ASSEGNI, MASTER E DOTTORATI DI RICERCA**

Il dott. Liuni nel corso della sua attività è stato responsabile scientifico di numerosi assegni di ricerca, dottorandi e master universitari.

- Responsabile Scientifico del Dottorato di Ricerca dell'Università degli Studi di Bari, corso di Dottorato in Scienze Biomolecolari, Farmaceutiche e Mediche (Settore: Neuroscienze applicate) A.A. 2014/2015.
- Responsabile scientifico del Master nell'ambito del progetto PON01-MICROMAP. Anno 20013-2015
- Responsabile Scientifico della Borsa di Studio nell'ambito del Progetto Bandiera - INTEROMICS, Anno 2015.
- Responsabile scientifico di differenti assegni di ricerca nell'ambito del progetto MIUR-FAR DM 19410.
- Responsabile scientifico assegno di ricerca nell'ambito del progetto di sequenziamento del genoma della vite.
- Responsabile scientifico di differenti assegni di ricerca nell'ambito del progetto MIUR-FIRB.
- Responsabile scientifico di differenti assegni di ricerca nell'ambito del progetto MIUR-PRIN.

## **DIREZIONE-RESPONSABILITA' DI ORGANISMO E GESTIONE**

### **RUOLI RICOPERTI**

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera ha ricoperto numerosi incarichi di direzione e responsabilità gestionale scientifica e amministrativa, come di seguito riportati.

- Membro del Gruppo Esperti Valutatori (GEV 5 - Scienze Biologiche) dell'Agenzia Nazionale per la Valutazione del sistema Universitario e della Ricerca (ANVUR) per il VQR 2011-2014.
- Responsabile Unità Operativa di Supporto (UOS) ITB di Bari, con deleghe per: Assunzione di obbligazioni secondo le modalità e nei limiti riportati nel decreto del Presidente del CNR come previsto dall'art.13 del regolamento di contabilità; Certificazione di regolare esecuzione di servizi; Nomina di commissioni di collaudo; Nomina di responsabili di procedimento; Autorizzazione ad effettuare missioni per il personale afferente alla UOS-ITB di Bari e relativi adempimenti per la liquidazione delle stesse; Tenuta ed aggiornamento dell'inventario, acquisizioni e dismissioni di beni inventariabili; Gestione del repertorio contratti; Rilevamento delle presenze del personale; Autorizzazioni per ferie e permessi; Autorizzazione per eventuale lavoro straordinario; Organizzazione del lavoro per eventuali turnazioni del personale; Predisposizione di atti relativi alla reperibilità del personale; Adempimenti relativi alle norme sulla sicurezza e la salute dei lavoratori; Trattamento dei dati personali e adempimenti previsti dal Codice Civile in materia di protezione dei dati personali; Problematiche inerenti il funzionamento e le attività scientifiche della UOS di pertinenza; Gestione ed organizzazione della UOS in relazione alle attività dell'Area di Ricerca. Dal 2006 ad oggi.
- Attestato corso di formazione per Dirigenti "Sicurezza e Salute nei Luoghi di Lavoro" (2015). Organizzato dal Servizio di Prevenzione Protezione del CNR e dall'Ufficio Formazione del CNR ai sensi dell'art.37 del D.lgs. 81/08 e s.m.i. e dell'accordo tra il Ministero del Lavoro, il Ministero della Salute, le Regioni e le Province autonome di Trento e Bolzano per la formazione dei lavoratori ai sensi dell'art.37 comma 2 del D.lgs. 81/807esr del 21.12.2011, Settore ATECO (2007): M 72.19.09

- Attestato della Scuola Nazionale dell'Amministrazione (SNA), *"Le misure in materia di anticorruzione con riferimento all'area di rischio acquisizione delle risorse umane"*, Anno 2014.
- Responsabile della stazione appaltante ITB in qualità di responsabile acquisti e strumentazione infrastrutturale di Bioinformatica, art.27 comma 2 del DPR 34/2000.
- Responsabile in qualità di "Punto Ordinante" presso il Ministero dell'Economia e delle Finanze per effettuare acquisti in CONSIP e sul mercato elettronico della pubblica amministrazione.
- Responsabile della prevenzione in materia di anticorruzione ex Legge 190 del 2012 per le aree di rischi *"Autorizzazione e Concessione"*: Incarichi interni ed esterni a titolo oneroso; Protocolli di intesa, accordi di collaborazione, convenzioni e contratti con enti pubblici e/o privati; Procedure di selezione per l'assunzione di assegnisti, borsisti e co.co.pro; Procedure di selezione per l'assunzione di personale a tempo determinato e indeterminato.
- Responsabile del Protocollo Elettronico presso la UOS-ITB di Bari dal 2012 ad oggi.
- Rappresentante dell'Università di Bari, nella figura del Rettore Prof. Corrado Petrocelli nell'ambito del progetto PON01-Micromap.
- Responsabile del procedimento per l'acquisizione di strumentazione, manutenzione e consumo per l'infrastruttura bioinformatica mediante procedura in economia come previsto dall'art.10 commi 1 e 9 del D.lgs. 163/06 e come indicato nella circolare CNR n. 19/2010.
- Rappresentante del Dipartimento Scienza della Vita con nomina del Dr. Giuseppe Martini nell'ambito dell'incontro di verifica progettuale PON01 MICROMAP.
- Vice-Direttore dell'Area di Ricerca di Bari, nella gestione completa degli obblighi amministrativi e tecnici, nomina conferita a norma dell'art.3 lettera g dello statuto dell'Area di Ricerca, dal 1995 al 2000.
- Presidente della commissione per la ricognizione ed il rinnovo degli inventari dei beni mobili della sede ITB-Bari. Anno 2014.
- Responsabile della sicurezza presso l'Area di Ricerca dell'infrastruttura informatica. Dal 1996 al 2002.
- Responsabile della gestione e coordinamento delle attività dei servizi bioinformatici offerti dall'Area di Ricerca di Bari in modalità conto terzi dal 1991 al 2001. Dopo questa data il servizio è stato sospeso.

- Rappresentante del personale UOS-ITB di Bari nel consiglio d'istituto ITB dal 2009.
- Referente della UOS-ITB di Bari nell'ambito del Distretto H-BIO di Alta Tecnologia Regione Puglia nel settore strategico '**Salute dell'uomo e Biotecnologie**' inquadrato nell'ambito dell'Accordo di Programma Quadro della Regione Puglia (31-07-2009).
- Membro della commissione relativa al bando per l'affidamento di forniture per l'attuazione del progetto BIOBOP.
- Membro del comitato dell'Area di Ricerca di Bari con delega decisionale tecnico/amministrative nella gestione delle attività inerenti la conduzione dell'Area di Ricerca. Dal 2007 ad oggi.
- Responsabile legale del progetto BioNet-PTP "*Biodiversità per la valorizzazione e sicurezza delle produzioni alimentari tipiche pugliesi*", finanziato nell'ambito della Regione Puglia – Reti di laboratori pubblici di ricerca.
- Responsabile della convenzione per la creazione di un gruppo di ricerca europeo su *Comparative Genomics Rhone-Alpes ARV (GDRE)* . Partecipanti University of Lyon-Francia; Ecole Normal Superiore de Lyone; INSA Lyone Francia; INRA Francia; UJG Grenoble; University De Savoie France; University Barcellona; ITB CNR Italy; University of Valencia. Anno 2007.
- Responsabile dell'infrastruttura Bioinformatica/Informatica a supporto del laboratorio di sequenziamento massivo NGS, dal 2006.
- Responsabile decisione a contrattare per l'acquisto di un server di calcolo del costo di 50.000 euro, nell'ambito di un progetto MIUR.
- Responsabile del procedimento della decisione a contrattare per l'aggiornamento del sistema di pirosequenziamento Roche GS, costo 150.000,00 euro.
- Responsabile lavoro del personale afferente alla UOS -ITB di Bari, nella concertazione con le organizzazioni sindacali e R.S.U dal 2007.
- dell'ITB per la costituzione ATS (Associazione Temporanea di Scopo) nell'ambito del progetto regionale strategico PS-2.
- Responsabile del procedimento della commessa assegnata alla ditta Information Technology Service S.p.a. con regolare gara e contratto di appalto per l'analisi, disegno, implementazione ed installazione di un sistema prototipale di Text Analytics, per la ricerca di informazioni da letteratura biomedicale nell'ambito del progetto PON (2000-2006) Obiettivo 1 Misura II.1 Azione A avviso 68 del 23.1.2002 del progetto BIG potenziamento delle infrastrutture per la Bioinformatica e Genomica.

- Responsabile del procedimento, per la valutazione tecnico/economica per l'acquisto di un server di calcolo nell'ambito del progetto BIG, PON bando contributo straordinario D.M. n.1105 del 9.10.2002 dal costo di 50.000,00 euro.
- Responsabile del coordinamento e gestione amministrativa; gestione del finanziamento, verifica dell'ammissibilità delle spese, rendicontazioni semestrali amministrative e scientifiche, del progetto finanziato dal Ministero dell'Università e della Ricerca Scientifica e Tecnologica nell'ambito dei piani di potenziamento della rete scientifica e tecnologica sui fondi della legge 488 del 19.12.1992. Titolo del progetto "Studio di geni di interesse biomedico e agroalimentare".

**PARTECIPAZIONE A COMMISSIONI  
E  
GRUPPI DI LAVORO**

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera ha partecipato come esperto in molte commissioni di valutazione tecnico/scientifica e/o amministrativa gestionale, come di seguito riportato.

- Componente commissione per la pubblica selezione conferimento Assegno Professionalizzante nell'ambito dei progetti "R.G.V IV, trattato Internazionale FAO per le risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura" e CISIA presso IBBR-CNR. Prot. Nr. 0006194 del 3 giugno 2015.
- Presidente della commissione esaminatrice del concorso pubblico per titoli ed esami per l'assunzione con contratto a tempo indeterminato di complessive quaranta unità di personale con profilo collaboratore tecnico enti di ricerca. Bando nr.364.118.
- Componente della commissione per l'applicazione della mobilità tra profili di Ricercatore e Tecnologo ex art.65 del CCNL 1998-2001, come da decreto del Presidente CNR n. 64106 del 5.9.2014.
- Componente della commissione di valutazione per la verifica finale del Master Biennale di II livello "*Formazione di ricercatori altamente qualificanti nel campo della genomica funzionale dei microorganismi di interesse diagnostico multiparametrico clinico*". Presso il Parco Tecnologico Padano e Università di Catania.
- Componente della commissione di Dottorato di Ricerca in Neurobiologia XXIII ciclo presso l'Università degli Studi di Catania, anno 2010-2011.
- Presidente della commissione per la ricognizione inventariale dei beni mobili come da Circolare n.7/2014 del Direttore Generale.
- Componente della commissione relativa al bando per l'affidamento di fornitura per l'attuazione del progetto Codice n.57 Prot. A00\_004 del 2009 dal titolo "Biobanca oncologica Pugliese (BioBOP)".
- Componente commissione per la valutazione offerte per acquisto di attrezzature informatiche. Anno 2009.
- Componente commissione per la procedura di valutazione delle offerte per la fornitura per l'acquisto di un server di calcolo e storage di tipo rackable nell'ambito del progetto PON-01 dell'IBBE CNR.
- Presidente della commissione per la valutazione offerte acquisto server di calcolo effettuate nell'ambito del progetto MIUR in data 5.12.2008 CIG nr. 024862864F.

- Membro della commissione per la valutazione delle offerte per la fornitura per l'acquisto di un server di calcolo per Istituto di Biomembrane e Bioenergetica (IBBE), CNR.
- Componente della commissione selezione per titoli ed esami ai sensi art.8 del disciplinare concernente le assunzioni di personale con contratto di lavoro a tempo determinato ai sensi art.23 numero 1 unità di personale con profilo di ricercatore livello III presso Istituto sui Sistemi Intelligenti per l'automazione, CNR.
- Presidente commissione Bando Co.Co. Co arti.51 Prot. 0003353
- Componente commissione assegno di ricerca nell'ambito del progetto MIUR Contributo Straordinario DM nr.1105 del 9.10.2002.
- Componente commissione di collaudo per la fornitura di arredi tecnici e di laboratorio nei locali dell'Area di Ricerca di Bari, anno 2004.
- Componente commissione per n. 2 assegni di ricerca da usufruirsi presso ISSIA-CNR di Bari, anno 2001
- Componente commissione giudicatrice concorso Collaboratore Tecnico Ente di Ricerca VI Livello professionale Bando n. 310.2.104/M Codice settore BA449/1.
- Componente commissione per la valutazione delle offerte sui servizi di giardinaggio, pulizia e vigilanza relativi agli Istituti afferenti Area di Ricerca di Bari.
- Componente commissione di collaudo delle apparecchiature acquisite dall'Area di Ricerca di Bari nell'ambito del progetto STRIDE sotto progetto calcolo parallelo.
- Presidente commissione assegno di ricerca nell'ambito del progetto MIUR DM 19410.
- Presidente commissione n. 1 assegno di ricerca nell'ambito del Progetto strategico Regionale PS-2.
- Componente commissione n. 3 assegno di ricerca bando MIUR-FIRB 2003.
- Presidente commissione assegno di ricerca n. 1 da ricercatore nell'ambito del progetto di ricerca europeo EMBRACE Sixth Framework Programme.

## INCARICHI DI DOCENZA E CORSI DI FORMAZIONE

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera è stato docente in molte Istituzioni pubbliche e private oltre che co-relatore e relatore di tesi di laurea, dottorati di ricerca e master.

- Docente nel master nell'ambito del progetto "Formazione di ricercatori altamente qualificati nel campo della genomica funzionale dei microorganismi di interesse diagnostico multiparametrico clinico". PON01, Anno 2014-2015.
- Docente di Bioinformatica nel corso di formazione del Progetto Strategico Regionale PS-2, Università degli Studi di Foggia, Centro di ricerca Interdipartimentale BIOAGOMED. Anno 2008.
- Docente nel master in tecniche di Bioinformatica e Epidemiologia Molecolare Applicate alle Malattie infettive. Associazione Biologi Ambientalisti Pugliesi (Abap).
- Docente di Bioinformatica nel progetto formativo POR Puglia 2000-2006 per le Scuole Tecnico Superiore per le applicazioni informatiche. Anno 2007.
- Docente seminario formativo per Medico Chirurgo, Farmacista, Biologo, Chimico, Fisico Veterinario dal titolo "*Analisi di categorie funzionale di geni utilizzando dati di microarray.*", Istituto Nazionale per la ricerca sul cancro-Genova. Anno 2006
- Docente corso avanzato di Bioinformatica applicata alle Biotecnologie generiche vegetale, nell'ambito del Dottorato di Ricerca in Miglioramento genetico e patologia delle piante agrarie e forestali. Università degli Studi di Bari-Dipartimento di Biologia e Chimica Agro-Forestale ed Ambientale. Anno 2005
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biologia Molecolare "*Caratterizzazione dell'elemento di regolazione CAESAR nella regione 3' non tradotta di mRNA eucariotici.*". Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2009
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biologia Molecolare "*Caratterizzazione dell'elemento di regolazione post-trascrizionale G-quadruplex nella regione 5' non tradotta di mRNA eucariotici.*". Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2009
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biotecnologie "*Identificazione di eventi di RNA editing in tessuti umani mediante sequenziamento massivo del trascrittoma.*". Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2009.

- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Bioinformatica “Sviluppo di un Workflow di analisi metagenomica e sua applicazione su campioni di tamponi faringei”. Corso di laurea magistrale in biotecnologie mediche e medicina molecolare. Anno Accademico 2006.
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biologia Molecolare “Analisi Bioinformatica di elementi di regolazione post-trascrizionale localizzati nelle regioni non tradotte del mRNA”. Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2008
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biotecnologie, “Analisi comparativa della conservazione di potenziali siti di RNA editing in Homo Sapiens”. Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2008
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biologia Molecolare, “Caratterizzazione di sequenze regolatorie localizzate nella regione 3’ non tradotta di mRNA di vertebrato e aggiornamento della banca dati UTRSite”. Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2007.
- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Bioinformatica, “Sviluppo ed applicazioni di un sistema di Text-Mining per l'estrazione da Pubmed di articoli inerenti ad elementi regolatori localizzati nelle regioni non tradotte di mRNA eucariotici”. Corso di laurea in Biotecnologie Sanitarie e Farmaceutiche. Anno Accademico 2006
- Docente di Bioinformatica, per il corso di formazione in Bioinformatica per la formazione continua degli operatori sanitari. Istituto Superiore Sanità – Roma. 2003.
- Docente al corso Fondamenti di Bioinformatica. Istituto Superiore Sanità-Roma, 2003.
- Docente di Bioinformatica per le Biotecnologie per il Master Specialisti in Biotecnologie applicabili alle malattie Oncologiche. Università degli Studi di Bari- Dipartimento di Oncologia. Anno 2003.
- Docente di Bioinformatica nell’ambito della Bioinformatica in Sanità Pubblica, aspetti di microbiologia applicata all’igiene degli impianti sportivi. Università degli Studi di Roma per lo sport e il movimento. Anno 2003.
- Docente di Bioinformatica, applicazioni e prospettive per il futuro, nell’ambito del programma nazionale per la formazione continua degli operatori sanitari. Università degli Studi di Roma per lo sport e il movimento. Anno 2003.
- Docente corso di base in Bioinformatica per giovani laureati, dottorandi, ricercatori. Società Italiana di Genetica Agraria. Anno 2002

- Docente seminario formativo nel XV Congresso Internazionale dal titolo "*Progresso Scientifico, Etica, Tutela delle risorse: Sfide professionali del terzo millennio*". Ordine Nazionale dei Biologi. Anno 2002.
- Docente per la scuola superiore di Oncologia e Scienze Mediche-Centro di Biotecnologie Avanzate, Genova. Anno 1999
- Docente in un ciclo di seminari sull'utilizzo delle banche dati e dei relativi software per applicazioni in Biologia Molecolare e nel campo della struttura delle proteine. Università degli Studi di Urbino. Anno 1998.
- Docente in un ciclo di seminari formativi sui servizi di bioinformatica. Istituto Superiore Sanità, Roma. Anno 1997.
- Docente in un ciclo di seminari formativi sui servizi di bioinformatica. Università degli Studi-Istituto Policattedra, Verona. Anno 1997.
- Docente in un ciclo di seminari formativi sugli strumenti bioinformatici applicati all'analisi dei dati. Università degli Studi-Dipartimento di Biologia Applicata alla difesa delle piante, Udine. Anno 1997.
- Docente, nell'ambito del corso di formazione per tecnico di laboratorio dell'industria Farmaceutica. Istituto Mario Negri SUD, S. Maria Imbarco (Chieti). Anno 1996.
- Docente corso di formazione per dipendenti Agrobios su analisi di sequenze geniche: uso di software e banche dati on-line. Consorzio Metapontum Agrobios. Anno 1996
- Docente ciclo seminari formativi sulle problematiche bioinformatiche per lo sviluppo di programmi di ricerca nell'area della biologia computazionale. Consorzio Mario Negri SUD, Centro di ricerche Farmacologiche Biomediche, Maria Imbarco (Chieti). Anno 1996.
- Docente per il corso di formazione per dipendenti Agrobios su metodiche avanzate per l'isolamento genico organizzato della Regione Basilicata. Consorzio Metapontum Agrobios. Anno 1996.
- Docente ciclo di seminari formativi sull'utilizzo delle banche dati e programmi di analisi. Istituto Superiore per la Patologia Vegetale-Roma. Anno 1996.
- Docente Bioinformatica sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze. Università di Napoli-Dipartimento di Biochimica e Biotecnologie Mediche. Anno 1996.
- Docente corso di formazione per i ricercatori sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze. Istituti di Genetica e Biofisica, CNR – Napoli. Anno 1996.

- Co-Relatore Tesi di Laurea Sperimentale in Biologia Molecolare, *“Analisi strutturale e funzionale delle regioni non tradotte degli mRNA eucariotici.”*, Università degli Studi di Bari - Facoltà di Scienze Matematiche Fisiche e Naturali. Anno 1996.
- Docente seminari formativi sull’analisi delle sequenze mediante l’applicazione dei programmi del pacchetto d’analisi GCG e EGCG. Centro di Studio per gli Acidi Nucleici, CNR – Roma. Anno 1995.
- Docente bioinformatica Scuola nazionale di scienza delle proteine, Università degli Studi di Urbino. Anno 1995.
- Docente nell’ambito del dottorato di ricerca in Biochimica e Biologia Molecolare, Università degli Studi di Bari-Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare. Anno 1995.
- Docente Bioinformatica nel ciclo dei seminari formativi sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Istituto Nazionale per lo studio e la cura dei tumori. Milano. Anno 1994.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Università degli Studi – Dipartimento di Genetica e Biologia Molecolare, C. Darwin – Roma. Anno 1994.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Istituto Regionale Ricerca Sperimentazione e aggiornamento educativi-Bari. Anno 1993.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Centro di Studio per la chimica dei ricercatori e delle molecole biologicamente attive c/o Istituto di Chimica, CNR – Roma. Anno 1993.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Istituto Sperimentale per lo colture industriali – Bologna. Anno 1993.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Gruppo Italiano documentalista industria e istituti di ricerca biomedica-Milano. Anno 1993.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Istituto Nazionale per lo Studio e la cura dei tumori-Milano, Anno 1993.

- Docente del corso di formazione “*Ingegneria Proteica e Biopolimeri*” per la formazione di 11 ricercatori ad alta qualificazione nel settore delle Biotecnologie-Progetto MURST 1991. Consorzio Siena Ricerca. 1992.
- Docente del corso di formazione “*Applicazioni delle tecnologie del DNA ricombinante in campo biomedico e agroindustriale*” per la formazione di 11 ricercatori ad alta qualificazione nel settore delle Biotecnologie-Progetto MURST 1991. Consorzio Siena Ricerca. 1992.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Università degli Studi di Milano-Centro Servizi di Informatica. Anno 1992.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Istituto di Citomorfologia Normale e Patologica, CNR – Bologna. Anno 1992.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche. Università di Torino-Centro Servizi di Informatica. Anno 1991.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche nell’ambito del nodo nazionale EMBnet. Università di Padova-Centro Interdipartimentale Servizi. Anno 1991.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche nell’ambito del nodo nazionale EMBnet. Università di Ferrara-Dipartimento di Biologia Evolutiva, Sezione di Genetica. Anno 1991.
- Co-Relatore tesi sperimentale in Informatica “Progettazione e sviluppo di una interfaccia in ambiente VMS per i biologi molecolari.”. Università degli Studi di Bari, Corso di Laurea in Scienze dell’Informazione. Anno 1991.
- Docente corso di formazione sui programmi per la caratterizzazione funzionale delle biosequenze e banche dati biologiche nell’ambito del nodo nazionale EMBnet. ENEA-Dipartimento Protezione Ambientale e Salute Uomo – Rama. Anno 1990.
- Docente corso di formazione nell’ambito del Laboratorio pubblico-privato di bioinformatica applicata alla genomica – Progetto MIUR DM 19410. Anno 2009.

## **REVISORE DI PROGETTI NAZIONALI ED EUROPEI**

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera è stato revisore di molteplici progetti a livello Europeo, Nazionale e Regionale.

- Revisore di progetti per la Bioinformatica e Biomedicina per “The welcome Trust Sanger Institute” – UK.
- Revisore di Progetti MIUR in particolare: FIRB, PRIN, Futuro in Ricerca e Ricerca Industriale.
- Revisore per il FRIULI VENEZIA GIULIA per i progetti di ricerca industriale e/o sviluppo sperimentale e/o innovazione nell’ambito del Distretto Tecnologico di Biomedicina Molecolare.
- Revisore dei progetti di ricerca dell’Università degli Studi dell’Insubria, per l’assegnazione dei fondi di Ateneo.

## PARTECIPAZIONE A COMITATI DI REDAZIONE DI RIVISTE E SCIENTIFICI

Il dott. Liuni nel corso della sua carriera ha fatto parte di comitati di redazione e congressi scientifici.

- Editorial Board della rivista Hindawi Publishing Corporation – ISRN Bioinformatics. <http://www.hindawi.com/isrn/bioinformatics/editors/>. La rivista è una peer-reviewed open access journal. Tratta argomenti di Bioinformatica.
- Editorial Board della rivista Hindawi Publishing Corporation – The Scientific World Journal, <http://www.hindawai.com/journals/tswj/editors/bioinformatics>. . La rivista è una peer-reviewed open access journal. Tratta argomenti di Life Science, Tecnologia e Medicina.
- Revisore editore BioMED Central per la rivista *BMC Research, BMC Genomics* and *BMC Bioinformatics*, una peer-reviewed open access journal.
- Editorial Manager editore Elsevier, per la rivista *European Journal of Medicinal Chemistry*.
- Editorial Manager editore Herbert Publications per le riviste: *Applied Scientific Reports* e *Journal Medical Statistics*.
- Editorial Manager per BIOBIO Group per la rivista *OMICS Publishing*.
- Editorial Manager per PLOS ONE. La rivista è una peer-reviewed open access journal
- Membro del comitato scientifico del meeting joint NETTAB and Integrative Bioinformatics, 2015, ottobre – Ruvo di Puglia, Italy
- Membro del Comitato Scientifico – Life Human Being Symposium – A new Humanism for Europe organizzato a Roma nel 2007.
- Coordinatore e membro del comitato scientifico del meeting Bip-Day 2013, rivolto alla comunità privata in relazione ai processi d’innovazione e sviluppo nei settori della biomedicina nella Regione Puglia.
- Membro del Comitato Scientifico “13th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society”, June 15-17, 2016 Salerno, Italy
- Membro comitato scientifico del meeting “The SeqAhead’s Bari 2013” – COST Workshop.

- Membro del comitato scientifico del meeting “*IT solutions for integrating clinical and molecular data to support biomedical research: From Biobanks to knowledge repositories*”, Pavia 2012
- Membro del comitato scientifico del meeting “*Next Generation Sequencing and Epigenomics*”, Bari 2012.
- Membro del comitato scientifico BITS-2012 – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.
- Membro del comitato scientifico BITS-2011 – Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society.

## PRODOTTI DELLA RICERCA

Arianna Consiglio, Corrado Mencar, Giorgio Grillo and Liuni Sabino (2015) “ *Managing NGS differential expression uncertainty with fuzzy sets*”, Proceedings 12<sup>th</sup> International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Naples September 10-12 , ISBN 9788890643798, Published by Department of Informatics, University of Salerno and Istituto Applicazioni del calcolo “Mauro Picone”, CNR

Fuzio P., Napoli A., Ciampolillo A., Lattarulo S., Pezzolla A., Nuzziello N., Liuni S., Giorgino F., Maiorano E. and Perlino E. (2015), “*Clusterin transcript variants expression in thyroid tumour: a potential marker of malignancy.*”, BMC Cancer accepted for publication. **IF=3.32**

Giulietti M, Grillo G, Liuni S, Pesole G., (2015), “*A guideline for the annotation of UTR regulatory elements in the UTRsite collection.*”, Methods Mol Biol.;1269:339-48, **IF = 1,29**

De Caro G., Consiglio A., D'Elia D., Gisel A., Giorgio Grillo 1, Liuni S., Tulipano A., Licciulli F., (2015), “*The NonCode aReNA DB: a non-redundant and integrated collection of non-coding RNAs*”, Atti di convegno: COST Conference "Next Generation Sequencing: a look into the future", Bratislava, Slovakia.

De Caro G., Tulipano A., Consiglio A., D'Elia D1, Grillo G., Marinaro M., Liuni S., Licciulli F. and Gisel A. (2014), “*nc-aReNA: an integrated bioinformatics platform for non-coding RNA-seq data classification and annotation*”, Atti di convegno: Workshop organizzato nell'ambito delle attività del progetto SeqAhead (COST ACTION), Plovdiv, Bulgaria

Calabrese C, Mangiulli M, Manzari C, Paluscio AM, Caratozzolo MF, Marzano F, Kurelac I, D'Erchia AM, D'Elia D, Licciulli F, Liuni S, Picardi E, Attimonelli M, Gasparre G, Porcelli AM, Pesole G, Sbisà E, Tullo A (2013), “*A platform independent RNA-Seq protocol for the detection of transcriptome complexity.*”, **BMC Genomics, IF Valore = 4,40**

Fuzio, P., Valletti, A., Napoli, A ; Napoli, G. ; Cormio, G .; Selvaggi, L. ; Liuni, S. ; Pesole, G.; Maiorano, E.; Perlino, E. (2013), “*Regulation of the expression of CLU isoforms in endometrial proliferative diseases*”, International Journal Of Oncology, **IF =2,657**

D'Elia D. and Liuni S. (2013), “BiP-Day 2013 “*First Day of Regional Puglia Bioinformatics*”, EMBnet.Journal, DOI: <http://dx.doi.org/10.14806/ej.20.0.758>.

Santamaria, M.; Fosso, B.; Consiglio, A.; De Caro, G.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Marzano, M.; Alonso-Aleman, D.; Valiente, G.; Pesole, G. (2012), “*Reference databases for taxonomic assignment in metagenomics*”, Briefings In Bioinformatics Volume: 13 Issue:6 , **IF = 5.298**

Consiglio A., Carella M., De Caro M., Delle Foglie G., Giovannelli C., Grillo G., Ianigro M., Licciulli F., Palumbo O., Piepoli A., Ranieri E., and Liuni S., (2012), “ *BEAT: Bioinformatics Exon Array Tool to store, analyze and visualize Affymetrix GeneChip Human Exon Array data from disease experiments*”, BMC Bioinformatics 13 Suppl 4:S21, **IF = 3,024**

Licciulli F., Consiglio A., De Caro G., Gisel A., Grillo G. and Liuni S. (2012), “*Non-coding RNA bioinformatics platform for full backing of the high-throughput sequencing experiments generated by next-generation sequencing technologies*”, EMBnet.journal 04/2012; 18(A):132. DOI: 10.14806/ej.18.A.461

Consiglio, A; Grillo, G; Licciulli, F; Ceci, LR; Liuni, S; Losito, N.; Volpicella, M; Gallerani, R; De Leo, F. (2011), “ *PlantPIs - An Interactive Web Resource on Plant Protease Inhibitors*”, Current Protein & Peptide Science Volume: 12 Issue: 5 Pages: 448-454 , **IF = 2,86**

Horner, DS.; Pavesi, G.; Castrignano, T.; De Meo, PD.; Liuni, S.; Sammeth, M.; Picardi, E.; Pesole, G., (2011), “*Bioinformatics approaches for genomics and post genomics applications of next-generation sequencing*”, Briefings In Bioinformatics Volume: 11 Issue: 2 Pages: 181-197, **IF = 5,202**

Grillo, G.; Turi, A.; Licciulli, F.; Mignone, F.; Liuni, S.; Banfi, S.; Gennarino, VA.; Horner, DS.; Pavesi, G.; Picardi, E.; Pesole, G., (2010), “*UTRdb and UTRsite (RELEASE 2010): a collection of sequences and regulatory motifs of the untranslated regions of eukaryotic mRNAs*”, Nucleic Acids Research Volume: 38 Supplement: 1 Pages: D75-D80, **IF = 7,836**

Maria Mirto, Italo Epicoco, Sandro Fiore, Massimo Cafaro Alessandro Negro, Daniele Tartarini, Daniele Lezzi, Osvaldo Marra, Antonio Turi, Alessandra Ferramosca, Vincenzo Zara, Giovanni Aloisio ,Giacinto Donvito, Luciana Carota, Guido Cuscela, Giorgio Pietro Maggi, Giuseppe La Rocca, Mirco Mazzucato, Salvatore My, Giovanna Selvaggi, Gaetano Scioscia, Pietro Leo, Luigi Di Pace Graziano Pappada, Vincenzo Quinto, Margherita Berardi, Francesco Falciano , Andrew Emerson ,Elda Rossi, Giovanni Lavorgna, Andrea Vanni ,Lisa Bartoli, Pietro Di Lena, Piero Fariselli, Raffaele Fronza, Luciano Margara, Ludovica Montanucci, Pier Luigi Martelli, Ivan Rossi, Marco Vassura, and Rita Casadio, Tiziana Castrignanò ,Domenica D'Elia, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Andreas Gisel, Monica Santamaria, Saverio Vicario, Cecilia Saccone ,Anna Anselmo, David Horner, Flavio Mignone, Giulio Pavesi, Ernesto Picardi, Viviana Piccolo, Matteo Re, Federico Zambelli, Graziano Pesole, (2009), “*The LIBI Grid Platform for Bioinformatics*”, in Mario Cannataro (Ed.), Handbook of Research on Computational Grid Technologies for Life Sciences, Biomedicine and Healthcare, IGI Global. **DOI: 10.4018/978-1-60566-374-6.ch029**

D'Onorio De Meo, P.; Carrabino, D. ; D'Antonio, M. ; Sanna, N. ; Castrignan, T. ; Maglietta, R. ; D'Addabbo, A. ; Liuni, S. ; Mignone, F. ; Pesole, G. ; Ancona, N., (2008) , “*HT-RLS: High-Throughput web tool for analysis of DNA microarray data using RLS classifiers*”, Cluster Computing and the Grid, 2008. CCGRID '08. 8th IEEE International Symposium , **DOI: 10.1109/CCGRID.2008.108**

Maglietta, R.; Piepoli, A.; Catalano, D.; Licciulli, F.; Carella, M.; Liuni, S.; Pesole, G.; Perri, F.; Ancona, N., (2007), “ *Statistical assessment of functional categories of genes deregulated in pathological conditions by using microarray data* “, Bioinformatics Volume: 23 Issue: 16 Pages: 2063-2072 , **IF = 5,039**

De Meo, PD.; Carrabino, D.; Sanna, N.; Castrignano, T.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Re, M.; Mignone, F.; Pesole, G., (2007), “*A high performance grid-web service framework for the identification of 'conserved sequence tags*”, Future Generation Computer Systems-The International Journal Of Grid Computing Theory Methods And Applications Volume: 23 Issue: 3 Pages: 371-381, **IF = 1,095**

Sbisa, E.; Catalano, D.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Turi, A.; Liuni, S.; Pesole, G.; De Grassi, A.; Caratozzolo, MF.; D'Erchia, AM.; Navarro, B.; Tullo, A.; Saccone, C.; Gisel, A., (2007),

*"P53FamTaG: a database resource of human p53, p63 and p73 direct target genes combining in silico prediction and microarray data"*, Bmc Bioinformatics Volume: 8 Supplement: 1 Article Number: S20, **IF = 3,493**

Maglietta R., D'Addabbo A., Piepoli A., Perri F., Liuni S., Pesole G., and Ancona N., (2007) , *"Selection of relevant genes in cancer diagnosis based on their prediction accuracy"*, Artificial Intelligence In Medicine Volume: 40 Issue: 1 Pages: 29-44, **IF = 1,825**

Ancona, N.; Maglietta, R.; Piepoli, A.; D'Addabbo, A.; Cotugno, R.; Savino, M.; Liuni, S.; Carella, M.; Pesole, G.; Perri, F., (2006), *"On the statistical assessment of classifiers using DNA microarray data"*, Bmc Bioinformatics Volume: 7 Article Number: 87, , **IF = 3,617**

Castrignano, T.; De Meo, PD.; Grillo, G.; Liuni, S.; Mignone, F.; Talamo, IG.; Pesole, G., (2006), *"GenoMiner: a tool for genome-wide search of coding and non-coding conserved sequence tags"*, Bioinformatics Volume: 22 Issue: 4 Pages: 497-499, **IF = 4,894**

Re, M.; Mignone, F.; Iacono, M.; Grillo, G.; Liuni, S; Pesole, G, (2006), *"A new strategy to identify novel genes and gene isoforms: Analysis of human chromosomes 15, 21 and 22"*, Gene Volume: 365 Pages: 35-40, **IF = 2,721**

Ancona, N.; Maglietta, R.; D'Addabbo, A.; Liuni, S.; Pesole, G., (2005), *"Regularized Least Squares cancer classifiers from DNA microarray data"*, Bmc Bioinformatics Volume: 6 Supplement: 4 Article Number: S2 , , **IF = 4,958**

Carninci, P; Kasukawa, T.; Katayama, S.; Gough, J .; Frith, MC.; Maeda, N.; Oyama, R.; Ravasi, T.; Lenhard, B.; Wells, C.; Kodzius, R.; Shimokawa, K.; Bajic, VB.; Brenner, SE.; Batalov, S.; Forrest, ARR.; Zavolan, M.; Davis, MJ.; Wilming, LG.; Aidinis, V.; Allen, JE.; Ambesi-Impimbato, X.; Apweiler, R (Apweiler, R); Aturaliya, RN (Aturaliya, RN); Bailey, TL (Bailey, TL); Bansal, M (Bansal, M); Baxter, L.; Beisel, KW.; Bersano, T.; Bono, H.; Chalk, AM.; Chiu, KP.; Choudhary, V.; Christoffels, A.; Clutterbuck, DR .; Crowe, ML.; Dalla, E.; Dalrymple, BP.; de Bono, B.; Della Gatta, G.; di Bernardo, D.; Down, T.; Engstrom, P.; Fagiolini, M.; Faulkner, G.; Fletcher, CF.; Fukushima, T.; Furuno, M.; Futaki, S.; Gariboldi, M.; Georgii-Hemming, P.; Gingeras, TR .; Gojobori, T.; Green, RE.; Gustincich, S.; Harbers, M.; Hayashi, Y.; Hensch, TK.; Hirokawa, N.; Hill, D.; Huminiecki, L .; Iacono, M.; Ikeo, K .; Iwama, A.; Ishikawa, T.; Jakt, M.; Kanapin, A.; Katoh, M.; Kawasawa, Y.; Kelso, J .; Kitamura, H.; Kitano, H.; Kollias, G.; Krishnan, SPT.; Kruger, A.; Kummerfeld, SK.; Kurochkin, IV.; Lareau, LF.; Lazarevic, D.; Lipovich, L.; Liu, J.; Liuni, S.; McWilliam, S.; Babu, MM.; Madera, M.; Marchionni, L.; Matsuda, H.; Matsuzawa, S.; Miki, H.; Mignone, F.; Miyake, S.; Morris, K .; Mottagui-Tabar, S.; Mulder, N.; Nakano, N.; Nakauchi, H.; Ng, P.; Nilsson, R.; Nishiguchi, S.; Nishikawa, S.; Nori, F.; Ohara, O.; Okazaki, Y.; Orlando, V.; Pang, KC.; Pavan, WJ.; Pavesi, G.; Pesole, G.; Petrovsky, N.; Piazza, S.; Reed, J.; Reid, JF.; Ring, BZ.; Ringwald, M.; Rost, B.; Ruan, Y.; Salzberg, SL.; Sandelin, A.; Schneider, C.; Schonbach, C.; Sekiguchi, K.; Semple, CAM .; Seno, S.; Sessa, L.; Sheng, Y.; Shibata, Y.; Shimada, H.; Shimada, K.; Silva, D.; Sinclair, B.; Sperling, S.; Stupka, E.; Sugiura, K .; Sultana, R.; Takenaka, Y.; Taki, K.; Tammaja, K .; Tan, SL.; Tang, S.; Taylor, MS.; Tegner, J.; Teichmann, SA.; Ueda, HR .; van Nimwegen, E.; Verardo, R.; Wei, CL.; Yagi, K .; Yamanishi, H.; Zabarovsky, E.; Zhu, S .; Zimmer, A.; Hide, W.; Bult, C.; Grimmond, SM.; Teasdale, RD .; Liu, ET.; Brusica, V.; Quackenbush, J .; Wahlestedt, C.; Mattick, JS.; Hume, DA.; Kai, C.; Sasaki, D.; Tomaru, Y.; Fukuda, S.; Kanamori-Katayama, M.; Suzuki, M.; Aoki, J.; Arakawa, T.; Iida, J.; Imamura, K .; Itoh, M.; Kato, T.; Kawaji, H.; Kawagashira, N.; Kawashima, T.; Kojima, M.; Kondo, S.; Konno, H.; Nakano, K.; Ninomiya, N.;

Nishio, T.; Okada, M.; Plessy, C.; Shibata, K.; Shiraki, T.; Suzuki, S.; Tagami, M.; Waki, K.; Watahiki, Okamura-Oho, Suzuki, H.; Kawai, J.; Hayashizaki, Y., (2005), "*The transcriptional landscape of the mammalian genome*", Science Volume: 309 Issue: 5740 Pages: 1559-1563, **IF = 30,927**

Mignone, F.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Iacono, M.; Liuni, S.; Kersey, P.J.; Duarte, J.; Saccone, C.; Pesole, G., (2005), "*UTRdb and UTRsite: a collection of sequences and regulatory motifs of the untranslated regions of eukaryotic mRNAs*", Nucleic Acids Research Volume: 33 Special Issue: SI Pages: D141-D146, **IF = 7,552**

Castrignano T., Canali A., Grillo G., Liuni S, Mignone F., Pesole G., (2005), "*Computational identification of coding and non-coding conserved sequences tags through cross-species genome comparison*", Convegno: Symposium on Structural and Evolutionary Genomics – Genome and RNA: Expression and Functions.

Gisel, A.; Panetta, M.; Grillo, G.; Licciulli, V.F.; Liuni, S.; Saccone, C.; Pesole, G., (2004), "*DNAfan: a software tool for automated extraction and analysis of user-defined sequence regions*", Bioinformatics Volume: 20 Issue: 18 Pages: 3676-3679, **IF = 5,742**

Castrignano, T.; Canali, A.; Grillo, G.; Liuni, S.; Mignone, F.; Pesole, G., (2004), "*CSTminer: a web tool for the identification of coding and noncoding conserved sequence tags through cross-species genome comparison*", Nucleic Acids Research Volume: 32 Supplement: 2 Pages: W624-W627, **IF = 7,260**

Attimonelli M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., Grillo G. Licciulli F., Saccone C, (2004) "Analisi e modifica di biomolecole e di cellule", Libro: Analisi e modifica di biomolecole e di cellule A cura di : Emanuele Biondi, Massimo Grattarola, Magenes Giovanni, Stefanelli Mario e Tagliasco Vincenzo, Editore: Patron ISBN: 8855525565, ISBN-13: 9788855525565

Mignone, F.; Grillo, G.; Liuni, S.; Pesole, G., (2003) "*Computational identification of protein coding potential of conserved sequence tags through cross-species evolutionary analysis*", Nucleic Acids Research Volume: 31 Issue: 15 Pages: 4639-4645 , **IF = 6,575**

Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Sbisà, E.; Pesole, G., (2003), "*PatSearch: a program for the detection of patterns and structural motifs in nucleotide sequences*", Nucleic Acids Research Volume: 31 Issue: 13 Pages: 3608-3612, **IF = 6,575**

Rainaldi, G.; Volpicella, M.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Gallerani, R.; Ceci, L.R., (2003) "*PLMtRNA, a database on the heterogeneous genetic origin of mitochondrial tRNA genes and tRNA in photosynthetic eukaryotes*", Nucleic Acids Research Volume: 31 Issue: 1 Pages: 436-438, **IF = 6,575**

Mignone F, Gissi C, Liuni S, Pesole G., (2002), "*Untranslated regions of mRNAs*", *Genome Biology* 2002, **3:reviews0004-reviews0004.10**, **IF = 6,589**

Attimonelli, M.; Catalano, D.; Gissi, C.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Santamaria, M.; Pesole, G.; Saccone, C., (2002), "*MitoNuc: a database of nuclear genes coding for mitochondrial proteins. Update 2002*", Nucleic Acids Research Volume: 30 Issue: 1 Pages: 172-173 , **IF = 7,051**

Pesole, G.; Liuni, S.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Mignone, F.; Gissi, C.; Saccone, C., (2002) , "*UTRdb and UTRsite: specialized databases of sequences and functional elements of 5' and 3'*

*untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Update 2002*", Nucleic Acids Research Volume: 30 Issue: 1 Pages: 335-340, **IF = 7,051**

De Leo, F.; Volpicella, M.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Gallerani, R.; Ceci, LR, (2002), "*PLANT-PIs: a database for plant protease inhibitors and their genes*", Nucleic Acids Research Volume: 30 Issue: 1 Pages: 347-34, **IF = 7,051**

Pesole, G.; Mignone, F.; Gissi, C.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, (2001), "*Structural and functional features of eukaryotic mRNA untranslated region*", Gene Volume: 276 Issue: 1-2 Special Issue: SI Pages: 73-81, **IF = 3,041**

Damiano, F.; Gallerani, R.; Liuni, S.; Licciulli, F.; Ceci, LR., (2001), "*PLMItRNA, a database for mitochondrial tRNA genes and tRNAs in photosynthetic eukaryotes*", Nucleic Acids Research Volume: 29 Issue: 1 Pages: 167-168, **IF = 6,373**

Pesole G, Grillo G, Larizza A, Liuni S., (2000), "*The untranslated regions of eukaryotic mRNAs: structure, function, evolution and bioinformatic tools for their analysis.*", Brief Bioinform. 2000 Sep;1(3):236-49, **IF = 5,298**

Pesole, G.; Gissi, C.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Saccone, C., (2000), "*Analysis of oligonucleotide AUG start codon context in eukaryotic mRNAs*", Gene Volume: 261 Issue: 1 Pages: 85-91, **IF = 2,461**

Pesole, G.; Liuni, S.; D'Souza, M., (2000), "*PatSearch: a pattern matcher software that finds functional elements in nucleotide and protein sequences and assesses their statistical significance*", Bioinformatics Volume: 16 Issue: 5 Pages: 439-450, **IF = 3,409**

Lanave, C.; Liuni, S.; Licciulli, F.; Attimonelli, M., (2000), "*Update of AMmtDB: a database of multi-aligned Metazoa mitochondrial DNA sequence*", Nucleic Acids Research Volume: 28 Issue: 1 Pages: 153-154, **IF = 5,396**

Volpetti, V.; Gallerani, R.; De Benedetto, C.; Liuni, S.; Licciulli, F.; Ceci, LR., (2000), "*PLMItRNA, a database for tRNAs and tRNA genes in plant mitochondria: enlargement and updating*", Nucleic Acids Research Volume: 28 Issue: 1 Pages: 159-162, **IF = 5,396**

Pesole, G.; Gissi, C.; Catalano, D.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Attimonelli, M.; Saccone, C., (2000), "*MitoNuc and MitoAln: two related databases of nuclear genes coding for mitochondrial proteins*", Nucleic Acids Research Volume: 28 Issue: 1 Pages: 163-165, **IF = 5,396**

Pesole, G.; Liuni, S.; Grillo, G.; Licciulli, F.; Larizza, A.; Makalowski, W.; Saccone, C., (2000), "*UTRdb and UTRsite: specialized databases of sequences and functional elements of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs*", Nucleic Acids Research Volume: 28 Issue: 1 Pages: 193-196, **IF = 5,396**

Pesole, G.; Liuni, S., (1999) , "*Internet resources for the functional analysis of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs*", Trends In Genetics Volume: 15 Issue: 9 Pages: 378-378, **IF = 16,242**

Lanave, C.; Attimonelli, M.; De Robertis, M.; Licciulli, F.; Liuni, S.; Sbisà, E.; Saccone, C., (1999), "*Update of AMmtDB: a database of multi-aligned metazoa mitochondrial DNA sequences*", Nucleic Acids Research Volume: 27 Issue: 1 Pages: 134-137,

Ceci, LR; Volpicella, M; Liuni, S; Volpetti, V.; Licciulli, F.; Gallerani, R., (1999), "*PLMitRNA, a database for higher plant mitochondrial tRNAs and tRNA genes*", Nucleic Acids Research Volume: 27 Issue: 1 Pages: 156-157, **IF = 5,748**

Pesole, G.; Liuni, S; Grillo, G.; Ippedico, M.; Larizza, A.; Makalowski, W.; Saccone, C., (1999), "UTRdb: a specialized database of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs", Nucleic Acids Research Volume: 27 Issue: 1 Pages: 188-1, **IF = 5,748**

Pesole, G.; Liuni, S.; Grillo, G.; Belichard, P.; Trenkle, T.; Welsh, J.; McClelland, M., (1999), "GeneUp: A program to select short PCR primer pairs that occur in multiple members of sequence lists", Biotechniques Volume: 25 Issue: 1 Pages: 112-+, **IF = 1,749**

Pesole G., Liuni S, Larizza A., Makalowski W., Saccone C., (1999), "*Structural and evolutionary analysis of eukaryotic mRNA untranslated regions*", **Titolo Convegno:** 9th International Workshop – "Beyond the Identification of Transcribed Sequences; Functional and Expression Analysis" **Organizzato:** Department of Energy Reston, Virginia

Pesole, G.; Liuni, S.; Grillo, G.; Saccone, C., (1998), "*UTRdb: a specialized database of 5' - and 3' - untranslated regions of eukaryotic mRNAs*", Nucleic Acids Research Volume: 26 Issue: 1 Pages: 192-195, **IF = 5,748**

Attimonelli M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., Saccone C., (1998), "La Bioinformatica e la Moderna Biologia", Rivista: Biochimica in Italia 7:72-90 Editore: SIB – Società Italiana di Biochimica.

Attimonelli M., Ceci LR., Lanave C., Liuni S, Pesole G., Licciulli F., Grillo G., Carone S., Catalano M., D'Elia ., de Robertis MT., Ippedico M., Larizza A., Memeo F., Saccone C., (1998), "*Banche dati biologiche specializzate e algoritmi per l'analisi delle biosequenze: il server BLOWWW*", Atti di Convegno, Conferenza sulla ricerca scientifica delle facoltà di medicina e chirurgia e di scienze – Università degli Studi di Bari.

Pesole G., Liuni S., Grillo G., Brunetta S., Saccone C., (1998), "*Structural and composition features of untranslated regions of eukaryotic mRNAs.*", Atti di Convegno: Human Genome Meeting – HGM'98, Editore: European HUGO.

Pesole G, Liuni S, Grillo G, Saccone C., (1997), "*Structural and compositional features of untranslated regions of eukaryotic mRNAs*", Gene. Dec 31;205(1-2):95-102., **IF = 2,578**

Pesole G.; Attimonelli M., Lanave C., Liuni S, Ianigro M., Brunetta S., Calò D., Carone A., Catalano D., D'Elia D., Grillo G., Larizza A., Licciulli F., Lorusso V., Sasanelli D., Saccone C., (1997), "*BLOWWW: Un pool di banche dati specializzate e algoritmi per l'analisi delle biosequenze.*", Convegno: Bio-NIR '97 – "Applicazioni Internet per la Biologia", Organizzato: Istituto Nazionale per la Ricerca sul Cancro e Centro di Biotecnologie Avanzate – Genova

Pesole G., Liuni S., Grillo G., Belichard P., Trenkle T., McClelland M. (1997), "*GeneUP: a program to select short PCR primer pair that occur in multiple member of sequence list*", 7th International Workshop on the Identification of Transcribed Sequences – "Beyond the identification of transcribed sequences", Asilomar Conference Center – Monterey California, USA.

Pesole, G.; Grillo, G.; Liuni, S., (1996), "*Databases of mRNA untranslated regions for metazoa*", Computers & Chemistry Volume: 20 Issue: 1 Pages: 141-144, **IF = 0,857**

Grillo, G.; Attimonelli, M.; Liuni, S.; Pesole, G., (1996), "*CLEANUP: A fast computer program for removing redundancies from nucleotide sequence databases*", Computer Applications In The Biosciences Volume: 12 Issue: 1 Pages: 1-8, **IF = 2,924**

Muscillo M., Carducci A., La Rosa G., Cantiani L., Marianelli A. Liuni S., (1996), "*Phylogenetic characterization of enteroviruses isolated from Adriatic seawater*", Xth International Congress of Virology, Editore: ICV Jerusalem.

Grillo G., Liuni S., Attimonella M., Pesole G., (1996), "*A computer package to clean sequence collection from redundancies and generate specialised databases*", International Symposium on Theoretical and Computational Genome Research-EMBL,

Attimonelli, M.; Lanave C., Liuni, S.; Pesole, G. and Saccone C., (1994), "*Analisi Linguistica ed evoluzionistica delle sequenze di acidi nucleici*", Atti di Convegno, Editore: CNR e Università degli Studi di Camerino, Titolo Volume: Primo seminario Nazionale di Bioinformatica pag. 160-165.

Grillo G., Liuni, S.; Pesole, G., (1994), "*CLEANUP: un algoritmo veloce in grado di eliminare le ridondanze da un database di biosequenze*", Atti di Convegno, Editore: CNR e Università degli Studi di Camerino, Titolo Volume: Primo seminario Nazionale di Bioinformatica pag. 185-192.

Grillo G., Liuni, S.; Pesole, G., (1994), "*CLEANUP: a fast computer program for cleaning nucleotide sequence collections from redundancies*", An International conference on Bioinformatics, networking and computing in molecular biology., Editore: Genes Proteins & Computer- Chester, UK

Liuni, S.; Prunella, N.; Pesole, G.; Dorazio, T.; Stella, E.; Distanti, A., (1993), "*Simd parallelization of the wordup algorithm for detecting statistically significant patterns in dna-sequences*", Computer Applications In The Biosciences Volume: 9 Issue: 6 Pages: 701-707, **IF = 2,924**

Liuni S., Prunella N., Pesole G., D'Orazio T., Stella E., Distanti A., (1993), "*A new parallel algorithm for computation of statistically significant patterns in DNA sequences*", Atti di convegno - IEEE Computer Society,

Prunella, N.; Liuni, S.; Attimonelli, M.; Pesole, G., (1993), "*Fastpat - a Fast and efficient algorithm for string searching in dna-sequences*", Computer Applications In The Biosciences Volume: 9 Issue: 5 Pages: 541-545, **IF = 2,924**

Pesole G., Prunella N., Liuni S., Attimonella M., Saccone C., (1993), "*A new efficient algorithm for discovering statistically significant patterns in DNA sequences*", Atti convegno: Sixth European Congress on Biotechnology, Editore: European Federation of Biotechnology.

Pesole, G.; Prunella, N.; Liuni, S.; Attimonelli, M.; Saccone, C., (1992), "*Wordup - An Efficient Algorithm For Discovering Statistically Significant Patterns In Dna-Sequences*", Nucleic Acids Research Volume: 20 Issue: 11 Pages: 2871-2875, **IF = 5,748**

Pizzi, E.; Attimonelli, M.; Liuni, S.; Frontali, C.; Saccone, C., (1992), "*A Simple Method For Global Sequence Comparison*", Nucleic Acids Research Volume: 20 Issue: 1 Pages: 131-136, **IF = 5,748**

Attimonelli M., Calò D., Liuni S., Prunella N., Vitale M., Saccone C., (1992), "*Human Mitochondrial genome polymorphisms classified and stored in EMTDB the eukaryotic mitochondrial database*", Atti di Convegno: European HUGO, Human genome Diversity, Porto Conte , Italy

Pizzi E., Liuni, S.; Frontali C., (1991), "*Latent sequence periodicities*", Atti di convegno: Commission of the European Communities National Center for Biotechnological Information, Titolo Volume: Bioinformatics in The 90'S, MECC, Maastricht, The Netherlands.

Pizzi E., Attimonelli M., Liuni, S.; Frontali C., Saccone C., (1991), "*A simple method for global sequence comparison*", Atti di Convegno: Commission of the European Communities National Center for Biotechnological Information, Titolo Volume: Bioinformatics in The 90'S, MECC, Maastricht, The Netherlands.

Prunella N., Liuni, S., Attimonelli M., (1991), "*TRANSFJOIN: a computer program for detecting the EMBL data library exons to be joined into full coding sequence*", Atti di Convegno: Commission of the European Communities National Center for Biotechnological Information, Titolo Volume: Bioinformatics in The 90'S, MECC, Maastricht, The Netherlands.

Prunella N., Pesole G., Liuni, S., Attimonelli M., Saccone C., (1991), "*Wordup: a computer program for detecting significant sequence motifs in ISO-Functional sequences*", Atti di Convegno: The role of Biocomputing in the characterization of human genome sequences., Editore: Università degli Studi Bari, Tecnopolis Novus Ortus Valenzano, Italy.

Pizzi E., Attimonelli M., Liuni, S., Frontali C., Saccone C. (1991), "*The role of Biocomputing in the characterization of human genome sequences*", Atti di Convegno: The role of Biocomputing in the characterization of human genome sequences., Editore: Università degli Studi Bari, Tecnopolis Novus Ortus Valenzano, Italy.

Attolico G., Distanto A., D'Orazio T., Stella E., Attimonella M., Liuni S., Prunella N. (1991), "*A fast parallel algorithm for picking-up significant sequence motifs*", Atti di Convegno: The role of Biocomputing in the characterization of human genome sequences., Editore: Università degli Studi Bari, Tecnopolis Novus Ortus Valenzano, Italy.

Attimonella M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., Pizzi E., Prunella N., Saccone C., Sbisà E., Nardelli M., Tullo A., (1991), "*Work-station per l'analisi off-line/on-line dei dati prodotti da sistemi di sequenziamento automatico*", Atti di Convegno: Convegno del Progetto Finalizzato C.N.R. "Biotecnologie e Biostrumentazione, Editore: CNR, Genova, Italy.

Pizzi, E.; Liuni, S; Frontali, C., (1990), "*Detection Of Latent Sequence Periodicities*", Nucleic Acids Research Volume: 18 Issue: 13 Pages: 3745-3752 , **IF = 5,748**

Tullo A, Liuni S, Attimonelli M., (1990), "*Reorganization and merging of the EMBL and GenBank keyword indexes in a tree structure for more efficient retrieval of nucleic acid sequences*", Protein Seq Data Anal. 1990 Sep;3(4):327-334. **IF = 1,567**

Saccone C., Attimonelli M.; Liuni S., (1990), "*La bioinformatica per le biotecnologie: il nodo italiano di EMBnet*", BIOTEC Vol.5 n. 5 pag: 40-46

Attimonelli M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., Prunella N., Saccone C., (1990), "*Characterization of nonynous sequences produced in the Human Genome project*", Atti di Convegno: Joint Symposia Italian Biochemical Society Dutch Biochemical Society Union of Biochemical Societies of Yugoslavia, Editore: Edizione Minerva Medica, ISSN : 1827-1782, Torino , Italy

Attimonelli M., Liuni S., Pizzi E., Prunella N. Saccone C., (1990), "*Biosequence databases: present problems and new developments*", Atti di Convegno: Computer Application in Biosciences, Editore: MIPS, MPI Fur Biochemie Martinsried, FRG

Attimonella M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., Prunella N., Saccone C., (1990), "*Storage and characterization of neosequenced human genes with the aid of an Expert System*", Atti di Convegno: An International conference on computing molecular biology, Editore: Genes Proteins & Computer, Chester, UK.

Attimonelli M., Liuni S., Sbisà E. Tullo A. Saccone C., (1989), "*Sequence motives: a cryptic superimposed genetic code in mitochondrial DNA.*", Atti di Convegno: International symposium on structure function and biogenesis of energy transfer systems., Editore: Università degli studi di Bari, Rosa Marina , Italy

Attimonelli M., Liuni S., Pesole g., Sbisà E. Tullo A., (1989), "*Studio del linguaggio nei genomi mitocondriali animali*", Atti di Convegno: Convegno Congiunto SIBBM-AGI, Editore: SIBBM-AGI, Verona , Italy

Saccone C., Attimonelli M., Lanave C., Liuni S., Pesole G., (1989), "*Progetto EMBnet: Network per la biologia Molecolare*", Atti di Convegno: Convegno Congiunto SIBBM-AGI, Editore: SIBBM-AGI, Verona , Italy.

Attimonelli M., Lanave C., Liuni S., Pesole G. Saccone C., (1989), "*Information technologies ad a tool for classifying and analysis biosequences.*", Atti di Convegno: : Biotecnologies in Medicine, Editore: National Institute for Cancer Research, Castello Brown Portofino, Italy

Attimonelli, M; Lanave, C.; Liuni, S.; Pesole, G. (1988), "*Merge - A Software Package For Generating A Single Data-Base Starting From Embl And Genbank Collections*", Nucleic Acids Research Volume: 16 Issue: 5 Pages: 1681-1682 , **IF = 5,748**

Pesole, G.; Attimonelli, M.; Liuni, S. (1988) , "*A Backtranslation Method Based On Codon Usage Strategy*", Nucleic Acids Research Volume: 16 Issue: 5 Pages: 1715-1728, **IF = 5,748**

**DOTT. LIUNI SABINO**