

MARIO CANNATARO

**(Professore Ordinario di
Sistemi di Elaborazione delle Informazioni,
presso l'Università degli Studi *Magna Graecia* di Catanzaro)**

CURRICULUM VITAE

INDICE

1	CONTATTI	3
2	SINTESI INDICI BIBLIOMETRICI	3
3	SINTESI CARRIERA ACCADEMICA.....	3
4	POSIZIONE ATTUALE.....	4
4.1	PROFESSORE ORDINARIO, UNIVERSITÀ DI CATANZARO.....	4
5	POSIZIONI PASSATE.....	6
5.1	PROFESSORE ASSOCIATO, UNIVERSITÀ DI CATANZARO.....	6
5.2	PRIMO RICERCATORE, CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE	6
5.3	RICERCATORE, CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE	6
5.4	QUADRO PROFESSIONAL, TELECOM ITALIA SPA.....	7
5.5	BORSISTA E SPECIALISTA INFORMATICO, CRAI.....	7
6	ATTIVITÀ DI RICERCA SCIENTIFICA.....	7
6.1	LINEE DI RICERCA	7
6.2	ATTIVITÀ DI RICERCA IN BIOINFORMATICA, BIostatistica E INFORMATICA MEDICA	9
6.3	APPARTENENZA A SOCIETÀ SCIENTIFICHE	17
6.4	RESPONSABILITÀ DI PROGETTI DI RICERCA E SVILUPPO.....	17
6.5	ATTIVITÀ EDITORIALE E LETTURE INVITATE.....	18
6.6	DIREZIONE DI RIVISTE, COLLANE EDITORIALI, ENCICLOPEDIA	21
6.7	PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE, COLLANE EDITORIALI, ENCICLOPEDIA.....	21
6.8	COLLABORAZIONI SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI	21
7	ATTIVITÀ DIDATTICA, DI DIDATTICA INTEGRATIVA E DI SERVIZIO AGLI STUDENTI.....	21
7.1	RELATORE TESI DI DOTTORATO.....	22
7.2	RESPONSABILITÀ DI PROGETTI DIDATTICI	23
7.3	RESPONSABILITÀ DI ACCORDI DI MOBILITÀ ERASMUS.....	23
7.4	INSEGNAMENTI TENUTI PRESSO L'UNIVERSITÀ DI CATANZARO	23
7.5	PARTECIPAZIONE COMMISSIONI ESAMI - UNIVERSITÀ DI CATANZARO	27
7.6	INSEGNAMENTI TENUTI PRESSO ALTRE UNIVERSITÀ	27
7.7	PARTECIPAZIONE COMMISSIONI ESAMI - ALTRE UNIVERSITÀ	28
7.8	VALUTAZIONE DELLA DIDATTICA.....	28
8	CONSEGUIMENTO DI PREMI E RICONOSCIMENTI PER L'ATTIVITÀ SCIENTIFICA.....	28
9	ACQUISIZIONE DI FINANZIAMENTI SU BANDI COMPETITIVI	29
10	COMPETENZE GESTIONALI	29
10.1	INCARICHI GESTIONALI PRESSO L'UNIVERSITÀ DI CATANZARO	29
11	PUBBLICAZIONI.....	30

CURRICULUM VITAE DEL PROF. MARIO CANNATARO

1 CONTATTI

Nome e Cognome: Mario CANNATARO
Data di nascita: ██████████
Lui di nascita: ██████████
Nazionalità: Italiana
Telefono: +39 0961 3694100
Fax: +39 0961 3694073
Mobile: ██████████
Email: cannataro@unicz.it
Web: <http://dsmc.unicz.it/personale/docente/mariocannataro>
Google Scholar: <http://scholar.google.it/citations?user=maA8fKEAAAAJ>
Scopus Author ID: 6603766091
ORCID ID: 0000-0003-1502-2387

AFFILIAZIONE

Università "Magna Græcia" di Catanzaro,
Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche,
Viale Europa (Località Germaneto), 88100 Catanzaro, ITALY,

2 SINTESI INDICI BIBLIOMETRICI

Mario Cannataro è Professore Ordinario di Ingegneria Informatica e direttore del centro di ricerca Data Analytics dell'Università di Catanzaro. I suoi attuali interessi di ricerca includono bioinformatica, informatica medica/sanitaria, intelligenza artificiale, data mining, calcolo parallelo, sentiment analysis.

È autore di oltre 400 articoli pubblicati su riviste internazionali e atti di conferenze.

È stato citato nel 2% dei migliori scienziati secondo l'indice composite citation index (career):

<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000918>

Google Scholar

H-Index: 41,
#publications: 400,
#citations: 6280,

Scopus

H-index: 34,
#publications: 309 (115 published on journals),
#citations: 3657,

ISI WoS

H-Index: 25,
#publications: 250,
#citations: 2230,

TOTAL IMPACT FACTOR: 310,748

3 SINTESI CARRIERA ACCADEMICA

2016-oggi: Professore Ordinario (S.C. 09/H1, S.S.D. ING-INF/05), Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro;

2002 - 2016: Professore Associato (S.C. 09/H1, S.S.D. ING-INF/05), Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro;

2001 - 2002: Primo Ricercatore, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Calcolo e Reti ad Alte Prestazioni (ICAR), fino al 15/06/2002 denominato Istituto per la Sistemistica e l'Informatica (ISI), Rende.

1998 - 2001: Ricercatore, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto per la Sistemistica e l'Informatica (ISI), Rende;

1996 - 1998: Quadro Professional - (livello G del CCNL telefonici), Telecom Italia SpA, Direzione Generale di ROMA, Roma;

1988 - 1996: Specialista Informatico (Ricercatore), the CRAI (Consorzio per la Ricerca e le Applicazioni di Informatica), Rende.

4 POSIZIONE ATTUALE

4.1 PROFESSORE ORDINARIO, UNIVERSITÀ DI CATANZARO

(28/07/2016 - oggi) Professore Ordinario (S.C. 09/H1 - Sistemi di Elaborazione delle Informazioni, S.S.D. ING-INF/05 - Sistemi di Elaborazione delle Informazioni)
Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro,
Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche.

Mario Cannataro è Professore Ordinario presso l'Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro dal 29/07/2016 dove dirige il Centro di Ricerca "Data Analytics" e coordina il Gruppo di Ricerca in Ingegneria Informatica, Bioinformatica e Informatica Medica che comprende, oltre al sottoscritto, 1 Professore Associato, 1 Ricercatore RTD-B, 2 Ricercatori RTD-A, 1 Assegnista di Ricerca, 5 Dottorandi di Ricerca.

Di seguito sono indicati i suoi principali incarichi presso l'Università di Catanzaro:

- Consigliere di Amministrazione dell'Università di Catanzaro (dal 19/12/2017 ad oggi);
- Responsabile del Protocollo di Intesa PA 110 e Lode (dal 2022 ad oggi);
- Responsabile del Centro di Ricerca "Data Analytics" dell'Università di Catanzaro (dal 2017 ad oggi);
- Coordinatore del CdL in Ingegneria Informatica e Biomedica (Classe L8) (2018-2021)
- Responsabile del Laboratorio di Bioinformatica dell'Università di Catanzaro (dal 2002 ad oggi);
- Responsabile dei seguenti Accordi Erasmus tra l'Università di Catanzaro e
 - Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid (SP) dall'A.A. 2017/2018 ad oggi;
 - University of Reading, Reading (UK), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
 - University of Groningen, Groningen (NL), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
 - University of Vilnius, Vilnius (LT), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
 - AGH University of Science and Technology, Cracovia (PL) dall'A.A. 2012/2013 ad oggi;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato di Ricerca in "Ricerca Traslazionale e tecnologie innovative applicate alla nutrizione ed alla medicina predittiva e di precisione" (dal 2022 ad oggi, ciclo XXXVIII), dove è anche responsabile del curriculum Tecnologie innovative, nutraceutica e alimenti funzionali;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato di Ricerca in "Biomarcatori delle malattie croniche e complesse" (dal 2013 ad oggi, cicli XXIX - XXXVII), dove è anche responsabile del curriculum Metodi e tecniche dell'ingegneria informatica per la modellazione, gestione ed analisi efficiente dei dati;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato di Ricerca in "Ingegneria Biomedica e Informatica" (dal 2007 al 2012, cicli XXIII-XXVIII);
- Membro del Comitato dei Garanti Interateneo tra l'Università di Napoli "Federico II" e l'Università di Catanzaro che coordina le attività del Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (dal 2010 al 2014);
- Membro del Consiglio di oltre 10 Scuole di Specializzazione mediche e chirurgiche dell'Università di Catanzaro;
- Docente del Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (L8), dove tiene il corso di Bioinformatica (III anno, 6 CFU) e Sistemi Operativi e Reti (3 CFU);
- Docente del Corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica (LM21), dove tiene il corso di Infrastrutture di calcolo e algoritmi efficienti per la biologia e medicina (I anno, 9 CFU);
- Access Port Administrator (APA) GARR per l'Università di Catanzaro (dal 2008 ad oggi);

Egli inoltre è Membro dell'Albo degli esperti MIUR di cui all'articolo 7, comma 1, D.L. 27 luglio 1999, n. 297 (<http://roma.cilea.it/sirio>). Decreto MIUR n° 1176 del 2 agosto 2002;

Egli inoltre è stato:

- Delegato del Rettore per i Sistemi Informatici di Ateneo nel periodo 2004-2007.
- Associato di Ricerca dell'Istituto del CNR, ICAR-CNR, dal 1/7/2006 al 31/12/2015;

Mario Cannataro coordina il Gruppo di Ricerca in Ingegneria Informatica e Bioinformatica dell'Università di Catanzaro ed ha coordinato, in qualità di Responsabile Scientifico, oltre 10 progetti di ricerca finanziati dal MIUR e dalla Regione Calabria.

Presso l'Università di Catanzaro, afferendo alla Facoltà di Medicina e Chirurgia (poi Scuola di Medicina e Chirurgia), ha avuto la possibilità di attivare numerose collaborazioni scientifiche con ricercatori nei settori della biologia e della medicina, che hanno dato luogo a numerose pubblicazioni e progetti di ricerca multidisciplinari con impatto scientifico e ricadute applicative sia nel settore dei sistemi di elaborazione delle informazioni, sia in alcuni settori della biologia molecolare (in particolare genomica e proteomica) e della medicina (in particolare oncologia).

I suoi interessi di ricerca attuali sono la bioinformatica, l'informatica medica ed il calcolo parallelo. Mario Cannataro ha prodotto contributi innovativi riguardanti l'applicazione del calcolo parallelo alla bioinformatica e lo sviluppo di nuovi algoritmi ed ambienti software per la gestione ed analisi di dati omici (genomici, proteomici ed interattomici) e biomedici (gestione ed analisi di segnali vocali) resi disponibili ed utilizzati dalla comunità scientifica internazionale.

Durante la sua attività presso il CRAI ed il CNR, Mario Cannataro si è occupato della definizione, progettazione e prototipazione di ambienti di problem solving per applicazioni distribuite di data mining su Grid (Knowledge Grid). I risultati di tali attività di ricerca sono stati pubblicati su prestigiose riviste internazionali (Communication of the ACM, IEEE Intelligent Systems, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Future Generation Computer Systems) e hanno dato luogo alla monografia "Handbook of research on computational grid technologies for life sciences, biomedicine, and healthcare" pubblicata nel 2009 da IGI Global, di cui ha curato l'edizione.

Durante la sua attività presso l'Università di Catanzaro, in collaborazione con i gruppi di ricerca in Biologia Molecolare e Oncologia Medica dell'Università di Catanzaro, si è occupato del preprocessing e dell'analisi di dati genomici e proteomici generati da microarray e spettrometria di massa. I risultati della ricerca sono stati pubblicati sia su riviste informatiche ad alto impatto (es. IEEE Transaction on Computers, IEEE/ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics, ACM Computing Surveys, BMC Bioinformatics, Briefings in Bioinformatics, Future Generation Computer Systems, Plos Computational Biology, Plos One), sia su prestigiose riviste di area biomedica (Proteomics, Cancer Research, British Journal of Haematology), testimoniando come gli strumenti software sviluppati siano stati un fattore abilitante per alcune delle ricerche nel settore biomedico condotte insieme con i gruppi di biologia molecolare ed oncologia. I risultati della ricerca sono stati inoltre pubblicati nelle 2 monografie "Data Management of Protein Interaction Networks" edita da Wiley-IEEE Computer Society Press, e "Artificial Intelligence in Bioinformatics" edita da Elsevier, di cui è coautore.

Ha inoltre svolto attività di ricerca nel settore dell'informatica medica avente per oggetto l'estrazione e l'analisi di dati clinici provenienti da cartelle cliniche elettroniche distribuite (in collaborazione con l'Unità Operativa di Oncologia Medica dell'Ateneo), l'analisi del segnale vocale per l'identificazione di possibili patologie dell'apparato vocale (in collaborazione le Unità Operative di Otorinolaringoiatria e Neurologia dell'Ateneo), il preprocessing e l'analisi data mining di bioimmagini (risonanze magnetiche del cervello) per lo studio di varie patologie neurologiche (in collaborazione con l'Unità Operativa di Neurologia e l'ISN-CNR), l'analisi di dati in ginecologia per la costruzione di modelli predittivi dell'età ovarica (in collaborazione con l'Unità Operativa di Ginecologia e Ostetricia).

Nel settore dell'informatica medica ha stabilito una prestigiosa collaborazione scientifica nell'ambito del consorzio 4CE, guidato da Harvard Medical School di Boston. Il Consortium for Clinical Characterization of COVID-19 by EHR (4CE): è una rete collaborativa internazionale, coordinata da Harvard Medical School, che coinvolge 342 ospedali e policlinici universitari in Europa, Stati Uniti e Asia, per lo studio del COVID-19 tramite tecniche di Intelligenza Artificiale e Data Science applicate ai dati delle cartelle cliniche elettroniche, a cui il Prof. Mario Cannataro partecipa in collaborazione con il Prof. Carlo Torti.

Sono stati pubblicati i risultati scientifici di uno studio multicentrico internazionale, retrospettivo osservazionale, sulle caratteristiche della popolazione affetta COVID-19, il cui obiettivo è confrontare, a livello internazionale, le traiettorie dei principali valori di laboratorio di pazienti ospedalizzati con COVID-19 che sviluppano una forma grave della malattia e identificare i tempi ottimali della raccolta dei valori di laboratorio per prevedere la gravità tra ospedali e regioni. Lo studio ha dimostrato che i valori dei test di laboratorio al momento del ricovero possono essere utilizzati per prevedere la gravità nei pazienti con COVID-19 e ha evidenziato la necessità di sviluppare nuovi modelli predittivi da applicare durante l'intero corso della malattia nei pazienti ospedalizzati.

Il progetto 4CE è un esempio di condivisione intelligente dei dati delle cartelle cliniche elettroniche sotto forma di Big Data che, tramite opportuni algoritmi di Intelligenza Artificiale e Data Science, permette di comprendere meglio le differenti tipologie di gravità dei pazienti COVID-19 e di offrire un'arma in più per combattere il COVID-19.

Nello specifico, l'Università di Catanzaro e il Policlinico Universitario "Mater Domini" partecipano alla rete 4CE tramite

l'Unità Operativa di "Malattie Infettive e Tropicali" diretta dal Prof. Carlo Torti e il Centro di Ricerca "Data Analytics" - Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, diretto dal Prof. Mario Cannataro. Nell'ambito del progetto 4CE sono stati pubblicati nel 2020 n. 3 articoli su rivista e/o medRxiv e nel 2021 sono proseguite le attività di ricerca congiunte che hanno dato luogo a pubblicazioni scientifiche sulle seguenti riviste: Scientific Reports, BMC Medicine, Journal of Medical Internet Research, Journal of AMIA, JAMA network open, e vari preprints medRxiv.

Mario Cannataro ha stabilito differenti collaborazioni scientifiche con docenti e ricercatori, sia di area informatica sia di area biomedica, afferenti ad Università e Centri di Ricerca italiani e stranieri. La sua produzione scientifica comprende 6 libri ed oltre 300 lavori scientifici, pubblicati su riviste (molte delle quali con impatto superiore al valore mediano dell'area informatica) e negli atti di conferenze internazionali. Egli è stato Guest Editor di oltre 10 Special Issues molti dei quali su temi riguardanti la bioinformatica, la proteomica computazionale e l'informatica medica, pubblicati rispettivamente sulle riviste Future Generation Computer Systems, Briefings in Bioinformatics e Journal of Computational Sciences.

È membro delle seguenti società scientifiche: IEEE (Senior Member), IEEE Computer Society, ACM (Senior Member), ACM SIGBio (dal 2012 è Referente Europeo per SIGBio e dal Luglio 2015 è Member del Board of Directors per il triennio 2015-2018), BITS (Società Italiana di Bioinformatica), SIBIM (Società Italiana di Informatica Biomedica), ed è membro dell'Editorial Board di varie riviste ed enciclopedie:

Riguardo l'attività didattica, egli ha coordinato dal 2018 al 2021 il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (Classe L8), su designazione del Senato Accademico e del Consiglio di Amministrazione. Egli ha inoltre tenuto numerosi insegnamenti e presieduto le relative commissioni di esame sia nell'ambito dei corsi di laurea in ingegneria, sia nell'ambito dei corsi di laurea in medicina e professioni sanitarie.

5 POSIZIONI PASSATE

5.1 PROFESSORE ASSOCIATO, UNIVERSITÀ DI CATANZARO

(1/11/2002 - 27/07/2016) Professore Associato confermato (S.C. 09/H1 - Sistemi di Elaborazione delle Informazioni, S.S.D. ING-INF/05 - Sistemi di Elaborazione delle Informazioni)
Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro,
Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche.

Mario Cannataro è stato Professore Associato confermato presso l'Università degli Studi "Magna Graecia" di Catanzaro dal 1/11/2002 al 27/07/2016.

5.2 PRIMO RICERCATORE, CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE

(12/2001 - 10/2002) Primo Ricercatore – (secondo livello professionale)
Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Calcolo e Reti ad Alte Prestazioni (ICAR)
di Rende, fino al 15/06/2002 denominato Istituto per la Sistemistica e l'Informatica (ISI).

Presso l'ICAR ha coordinato, in qualità di Responsabile Scientifico, numerosi progetti di ricerca ed ha consolidato le sue competenze scientifiche su calcolo parallelo, data mining e grid computing. I risultati delle attività di ricerca sono stati pubblicati in numerose riviste di calcolo parallelo, quali Parallel Computing, Future Generation Computer Systems e Concurrency: Practice and Experience e nella monografia "Programmazione Logica e Architetture Parallele", pubblicata nel 1993 da Franco Angeli. Inoltre, ha erogato numerosi corsi come Professore a contratto presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università della Calabria, presso la Facoltà di SS.MM.FF.NN dell'Università degli Studi "Federico II" di Napoli e presso l'Università di Catanzaro.

5.3 RICERCATORE, CONSIGLIO NAZIONALE DELLE RICERCHE

(03/1998 - 12/2001) Ricercatore – (terzo livello professionale)
Consiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto per la Sistemistica e l'Informatica (ISI) di Rende.

Presso l'ISI ha proseguito le sue attività di ricerca su "Calcolo parallelo e distribuito" avviate al CRAI e ha avviato una nuova linea di ricerca su "Sistemi web adattativi e Compressione dati". In tale periodo consolida la sua attività di

ricerca avviando una proficua collaborazione con il Prof. Domenico Talia dell'Università della Calabria e rafforza la sua attività didattica erogando numerosi corsi come Professore a contratto presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università della Calabria. In particolare egli è il Principal Investigator del progetto di ricerca Knowledge Grid.

5.4 QUADRO PROFESSIONAL, TELECOM ITALIA SPA

(04/1996 - 03/1998) Quadro Professional - (livello G del CCNL telefonici)

Telecom Italia SpA, Direzione Generale di ROMA, Direzione Clienti Privati, Strategic Business Unit Telecom Italia Net, Via di Val Cannuta, Roma.

Mario Cannataro ha fatto parte della Strategic Business Unit per la realizzazione e distribuzione dei servizi Internet alle famiglie, sino ad allora utilizzati prevalentemente in ambito professionale. Si è occupato degli aspetti tecnici relativi ad alcuni accordi di collaborazione stipulati da Telecom Italia e varie aziende leader nei servizi e piattaforme per Internet, quali Netscape e Sun Microsystems, e della sperimentazione di nuovi servizi e software Internet, quali WebTV, Internet via satellite, Network Computer. E' stato responsabile tecnico-scientifico di un programma di sperimentazione dei Network Computer nelle scuole italiane, condotto congiuntamente dal Ministero della Pubblica Istruzione e da Telecom Italia.

5.5 BORSISTA E SPECIALISTA INFORMATICO, CRAI

(07/1988 - 04/1996) Specialista Informatico

Consorzio per la Ricerca e le Applicazioni di Informatica (CRAI) di Rende (CS)

Ha svolto attività di ricerca nel settore del "Calcolo parallelo e distribuito", partecipando a numerosi progetti di ricerca finanziati dal MIUR e da Enti pubblici e privati e pubblicando numerosi lavori scientifici su riviste e in atti di conferenze internazionali, inclusa la monografia "Programmazione Logica ed Architetture Parallele" (Franco Angeli, 1993) di cui è coautore. In tale periodo ha iniziato a svolgere attività didattica come Professore a contratto per il corso di Reti di Calcolatori, presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università degli Studi della Calabria, ciò gli ha consentito di seguire in qualità di relatore, numerosi tesisti della stessa Facoltà.

(06/1986-12/1987) Borsa di Studio per Specialista Informatico (Fellowship in Computer Science)

Consorzio per la Ricerca e le Applicazioni dell'Informatica (CRAI) di Rende (CS)

Mario Cannataro ha vinto una selezione per la frequenza di una Borsa di Studio specialistica in Informatica presso il Consorzio per la Ricerca e le Applicazioni dell'Informatica (CRAI) di Rende (CS), borsa che ha frequentato con profitto dal 30 giugno 1986 al 31 dicembre 1987. La Borsa di Studio per la formazione di 30 Specialisti Informatici nel settore dell'Informatica (Ricercatori), finanziata dal FSE e dal Fondo di Rotazione e coordinata dal Prof. Giorgio Ausiello (Università la Sapienza - Roma), ha consentito a Mario Cannataro di costruire le basi metodologiche e tecniche per la sua futura attività di ricerca. In particolare, il percorso di studio ha compreso 12 mesi di formazione in aula riguardante le principali tematiche dell'informatica e 6 mesi di training-on-the-job, coordinato dal Prof. Marco Vanneschi e in parte fruito presso l'Università di Pisa, avente per oggetto le architetture parallele.

6 ATTIVITÀ DI RICERCA SCIENTIFICA

L'attività di ricerca scientifica di Mario Cannataro si inserisce nell'ambito dei Sistemi di Elaborazione delle Informazioni e dell'Informatica, con particolare riferimento al calcolo parallelo e distribuito, agli ambienti software per il data mining distribuito, ai sistemi web adattativi, alla bioinformatica e all'informatica medica.

6.1 LINEE DI RICERCA

(1988 - 2002). Durante la sua permanenza presso il CRAI (1988-1996) e il CNR (1998-2002), l'attività di ricerca di Mario Cannataro ha riguardato sia argomenti metodologici, quali lo sviluppo di algoritmi per il routing dei messaggi ed il bilanciamento del carico nei sistemi paralleli e la modellazione parallela di programmi logici, sia argomenti applicativi, quali l'implementazione parallela del supporto a tempo di esecuzione di linguaggi logici su architetture a parallelismo massiccio e la progettazione e sviluppo di ambienti software distribuiti per l'analisi data mining su Grid. Un'ulteriore attività ha riguardato la modellazione di sistemi web adattativi, ovvero sistemi web capaci di raccogliere informazioni sulle attività e preferenze degli utenti di un sistema web ed in grado di adattare i contenuti erogati sulla base di tali preferenze e di altre caratteristiche quali il terminale utente utilizzato e la banda di trasmissione della rete. I risultati di tali attività di ricerca sono stati pubblicati in numerose riviste di calcolo parallelo, quali Parallel Computing, Future Generation Computer Systems e Concurrency: Practice and Experience e nella monografia "Programmazione Logica e Architetture Parallele", pubblicata nel 1993 da Franco Angeli di cui è coautore.

(2002 - oggi). Durante la sua permanenza presso l'Università di Catanzaro, egli ha proseguito la sua attività di ricerca nei settori del calcolo parallelo e distribuito ed ha avviato un nuovo filone di ricerca riguardante la bioinformatica e l'informatica medica. Si è occupato della definizione, progettazione e prototipazione di ambienti di problem solving, rispettivamente per applicazioni distribuite di data mining su Grid (Knowledge Grid) e per applicazioni distribuite di bioinformatica (MS-Analyzer). Un aspetto unificante di tali attività è stato l'utilizzo di ontologie di dominio (in particolare utilizzate per modellare il dominio del data mining e della proteomica) per la modellazione semantica delle sorgenti dati e degli algoritmi utilizzati ed il loro utilizzo per guidare la composizione di workflow applicativi. I risultati di tali attività di ricerca sono stati pubblicati su prestigiose riviste internazionali (Communication of the ACM, IEEE Intelligent Systems, IEEE Transaction on Computers, IEEE/ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Future Generation Computer Systems) e hanno dato luogo alla monografia **"Handbook of research on computational grid technologies for life sciences, biomedicine, and healthcare"** pubblicata nel 2009 da IGI Global, di cui ha curato l'edizione.

In tale attività di ricerca interdisciplinare, le solide competenze nel settore del calcolo parallelo e distribuito, arricchite dalle competenze su ambienti di problem solving basati su ontologie, sono state proficuamente applicate su varie problematiche nel settore biomedico, tra cui analisi di dati genomici e proteomici e ambienti software distribuiti per la bioinformatica. In collaborazione con i gruppi di ricerca in Biologia Molecolare e Oncologia Medica dell'Università di Catanzaro, si è occupato di genomica, proteomica ed interattomica ed in particolare della definizione e prototipazione di algoritmi e ambienti software distribuiti per la:

- gestione, preprocessing ed analisi di dati genomici (micro-CS, DMET-Analyzer, DMET-Miner) e proteomici (EIPEPTIDI) provenienti da microarray o spettrometro di massa;
- predizione di complessi proteici (IMPREGO), annotazione e interrogazione di basi di dati di interazioni proteiche (OntoPIN) e per l'allineamento tra reti di interazioni di differenti organismi (AlignNemo).
- estrazione di regole associative da dati biologici annotati con informazione estratta da ontologie (GO-WAR);

I risultati della ricerca sono stati pubblicati sia su riviste informatiche e bioinformatiche ad alto impatto (es. ACM Computing Surveys, BMC Bioinformatics, Briefings in Bioinformatics, Future Generation Computer Systems, IEEE Transaction on Computers, IEEE/ACM Transaction on Computational Biology and Bioinformatics, Plos One,) sia su prestigiose riviste di area biomedica (Oncotarget, Proteomics, Cancer Research, British Journal of Haematology), sia nella monografia **"Data Management of Protein Interaction Networks"** edita da Wiley-IEEE Computer Society Press, testimoniando come gli strumenti software sviluppati siano stati un fattore abilitante per alcune delle ricerche nel settore biomedico condotte insieme con i gruppi di biologia molecolare ed oncologia.

Ha inoltre svolto attività di ricerca nel settore dell'informatica medica avente per oggetto l'estrazione e l'analisi di dati clinici provenienti da cartelle cliniche elettroniche distribuite (in collaborazione con l'Unità Operativa di Oncologia Medica dell'Ateneo), l'analisi del segnale vocale per l'identificazione di possibili patologie dell'apparato vocale (in collaborazione con le Unità Operative di Otorinolaringoiatria e Neurologia dell'Ateneo), il preprocessing e l'analisi data mining di bioimmagini (risonanze magnetiche del cervello) per lo studio di varie patologie neurologiche (in collaborazione con l'Unità Operativa di Neurologia e l'ISN-CNR), l'analisi di dati in ginecologia per la costruzione di modelli predittivi dell'età ovarica (in collaborazione con l'Unità Operativa di Ginecologia e Ostetricia).

Anche in tal caso i risultati della ricerca sono stati pubblicati su riviste informatiche e di informatica medica ad alto impatto (Computer Methods and Programs in Biomedicine, Journal of Biomedical Informatics) sia su riviste mediche di rilevanza nel settore clinico (Oncotarget, Cancer Chemotherapy and Pharmacology, Journal of Ovarian Research, Journal of Neuroscience Methods).

Schematicamente, la sua attività di ricerca può essere suddivisa nelle linee di ricerca descritte di seguito. In particolare, le attività della linea 1) sono iniziate presso il CRAI e sono proseguite presso il CNR e l'Università di Catanzaro, interessando tutta la sua carriera, quelle della linea 2) e 4) sono iniziate presso l'Università di Catanzaro e proseguono tuttora, mentre quelle della linea 3) sono iniziate presso il CNR e sono proseguite presso l'Università di Catanzaro sino al 2002.

1) Calcolo parallelo e distribuito (1988 - oggi)

2) Bioinformatica, Bistatistica e Informatica Medica (2002 - oggi)

3) Sistemi web adattativi e Compressione dati (1998 - 2002)

4) Intelligenza artificiale, Data Mining e Sentiment Analysis (2016 - oggi)

1) Calcolo parallelo e distribuito (1988 - oggi)

1a) Algoritmi e strumenti per architetture parallele

1b) Ambienti software paralleli per la programmazione logica

- 1c) Ambienti software paralleli per automi cellulari
- 1d) Ambienti software distribuiti per il data mining su Grid

- 2) Bioinformatica, Biostatistica e Informatica Medica (2002 - oggi)
 - 2a) Preprocessing ed analisi di dati genomici
 - 2b) Preprocessing ed analisi di dati proteomici
 - 2c) Preprocessing ed analisi di dati interattomici
 - 2d) Gestione ed analisi di dati clinici per applicazioni biomediche

- 3) Sistemi web adattativi e Compressione dati (1998 - oggi)
 - 3a) Compressione e sintesi di dati semistrutturati
 - 3b) Modelli e ambienti per sistemi web adattativi

- 4) Intelligenza artificiale, Data Mining e Sentiment Analysis (2016 - oggi)
 - 4a) Sentiment Analysis e Text Mining per l'analisi di questionari e blog in medicina
 - 4b) Data Mining in bioinformatica e informatica medica
 - 4c) Intelligenza artificiale in bioinformatica e informatica medica

Nello specifico, la attività della linea Bioinformatica, Biostatistica e Informatica Medica sono riportate di seguito

6.2 ATTIVITA DI RICERCA IN BIOINFORMATICA, BIostatistica E INFORMATICA MEDICA

Le principali scienze omiche, quali la genomica, la proteomica e l'interattomica, riguardano rispettivamente lo studio del genoma, del proteoma e dell'insieme di interazioni molecolari all'interno di un organismo. La disponibilità di piattaforme di analisi high-throughput, quali microarray, spettrometria di massa e next-generation sequencing, consente di esplorare il funzionamento delle cellule e di scoprire i meccanismi molecolari alla base di molte malattie, ma sta producendo una grande quantità di dati sperimentali grezzi che necessitano di nuovi strumenti ed approcci per una gestione ed analisi efficiente. La grande disponibilità di dati sperimentali pone infatti una serie di problemi riguardanti la rappresentazione, memorizzazione, preprocessing ed analisi dei dati omici, che possono essere affrontati utilizzando il calcolo parallelo e distribuito, le infrastrutture Grid e Cloud e, non ultimo, tecniche di annotazione e integrazione di dati memorizzati in diverse basi di dati biologiche.

L'obiettivo di tale linea di ricerca è duplice: sviluppare nuovi algoritmi e strumenti bioinformatici per la gestione ed analisi di dati biomedici e supportare l'attività di ricerca biomedica in tutte le fasi connesse alla gestione efficiente dei dati, al loro preprocessing ed infine alla loro analisi con tecniche statistiche e data mining.

Le attività di ricerca effettuate hanno prodotto significativi risultati scientifici nel settore dei Sistemi di Elaborazione delle Informazioni e sono stati un fattore cruciale della ricerca biomedica nella quale le metodologie e gli strumenti sviluppati sono stati usati. Questo duplice risultato è testimoniato dalle numerose pubblicazioni apparse in prestigiose riviste internazionali di bioinformatica, di informatica medica, di medicina e di biologia, nonché nell'utilizzo e diffusione degli strumenti bioinformatici realizzati nella comunità scientifica, testimoniata ad esempio dalla integrazione di tali strumenti in piattaforme largamente utilizzate nella comunità della biologia computazionale.

Principali prototipi software sviluppati nel Laboratorio di Bioinformatica

Di seguito sono brevemente elencati alcuni prototipi software nell'area della bioinformatica o dell'informatica medica, sviluppati nel Laboratorio di Bioinformatica dell'Università di Catanzaro, di cui Mario Cannataro ha coordinato la definizione e lo sviluppo.

Elaborazione parallela e distribuita per il preprocessing ed analisi di dati genomici e proteomici;

Gli algoritmi ed i prototipi software elencati comprendono algoritmi bioinformatici paralleli e piattaforme software per il preprocessing ed analisi data mining di dati genomici (gene expression e SNP microarray) e proteomici (mass spectrometry). Alcuni degli algoritmi sono basati sull'uso di ontologie biologiche (Gene Ontology), web services e workflows.

Prototipi:

- DMET-Miner: software per l'estrazione di regole associative da dati di dati genotyping DMET SNP (Single Nucleotide Polymorphism) per la farmacogenomica;
- DMET-Analyzer: software per il preprocessing e l'analisi statistica semiautomatica di dati genotyping DMET SNP (Single Nucleotide Polymorphism) per la farmacogenomica;
- coreSNP: una versione parallela multi-thread di DMET-Analyzer;
- Cloud4SNP: una versione Cloud di DMET-Analyzer;
- micro-CS: software per il preprocessing e l'annotazione di dati microarray di tipo gene expression, disponibile in modalità standalone o integrato con il software TMEV;
- micro-Analyzer: software per il preprocessing e l'analisi di dati microarray miRNA;
- MS-Analyzer: software basato su workflow di servizi per il preprocessing e l'analisi data mining di dati proteomici provenienti da spettrometria di massa MALDI-TOF e LC/MS/MS;
- EIPEPTIDI: software per migliorare l'identificazione di proteine in dati proteomici provenienti da spettrometria di massa LC/MS-MS ICAT.

Rappresentazione, analisi e visualizzazione efficiente di reti di interazione proteica (protein interaction networks).

Gli algoritmi ed i prototipi software elencati comprendono algoritmi bioinformatici e piattaforme software per la scoperta di complessi proteici, l'allineamento di reti di interazione proteica e la loro visualizzazione, nonché software per l'annotazione, l'interrogazione e la visualizzazione di reti di interazione proteica e pathways. Alcuni degli algoritmi sono basati sull'uso di annotazioni estratte da ontologie biologiche (Gene Ontology) e sull'applicazione di misure di similarità semantica (semantic similarity measures).

Prototipi:

- GO-WAR: software per l'estrazione di regole associative pesate (con l'Information Content dei termini ontologici usati nell'annotazione) da Gene Ontology;
- AlignNemo: software per l'allineamento di reti di interazione proteica (in collaborazione con Università Padova);
- cytoMCL e cytoSevis: plug-in di Cytoscape rispettivamente per il clustering basato sull'algoritmo MCL e la visualizzazione basata su ontologie, di reti di interazione proteica;
- IMPRECO: meta-predittore di complessi proteici basato sull'invocazione parallela di più predittori e sull'integrazione dei loro risultati;

Gestione, interrogazione ed analisi di dati clinici e sanitari per applicazioni in medicina e sanità;

I prototipi software elencati comprendono sistemi informativi e piattaforme software per la gestione ed analisi di dati medici e clinici di supporto alla diagnosi, terapia e follow-up di pazienti in varie discipline ed includono: il preprocessing ed analisi di immagini di risonanza magnetica del cervello (Magnetic Resonance Images) di tipo strutturale o diffusivo (structural MRI o DTI) per applicazioni nelle neuroscienze; la raccolta via Internet e l'analisi con tecniche di signal processing del segnale vocale di supporto alla diagnosi precoce di patologie del tratto vocale; il posizionamento semi-automatico di stents in cardiologia; l'analisi spaziale di dati epidemiologici; l'estrazione di conoscenza da cartelle cliniche elettroniche (Electronic Patient Records).

Prototipi:

- K-Surfer (KNIME-Surfer): un insieme di plug-ins della piattaforma di data mining KNIME per rendere automatico il preprocessing e l'analisi data mining di caratteristiche volumetriche e diffuse estratte da immagini di risonanza magnetica del cervello con FreeSurfer and FSL;
- OvAge: uno strumento software per la predizione dell'età ovarica nelle donne basato sull'uso dei Modelli Lineari Generalizzati (Generalized Linear Models) e che combinano dati elettri-sonografici e dati di analisi biochimiche),
- ReVA (Remote Voice Analysis): uno strumento software per la raccolta via Internet e l'analisi di campioni vocali di supporto alla diagnosi precoce di patologie del tratto vocale o di supporto alla diagnosi e monitoraggio delle apnee notturne (Obstructive Sleep Apnea Syndrome - OSA);
- Geomedica: uno strumento software per l'analisi basata su GIS di dati epidemiologici georeferenziati al fine di trovare correlazioni tra informazioni geografiche e patologie;
- Cartesio: uno strumento software di supporto al posizionamento semi-automatico di stents in cardiologia
- SIGMCC: uno strumento software per l'estrazione di conoscenza da dati estratti da cartelle cliniche

elettroniche da diversi ospedali, in oncologia;

- SYSQ: uno strumento software per la definizione e la gestione di questionari via Internet in medicina.

2a) Preprocessing ed analisi di dati genomici

Una delle principali tecnologie sperimentali per esaminare il genoma di un organismo è costituita dai microarray, che consentono di valutare sia il livello di espressione genica (gene expression microarray) sia la presenza di modifiche nel DNA (Single Nucleotide Polymorphism, SNP microarray). Tali informazioni sono tipicamente usate in esperimenti caso/controllo, per discriminare tra diverse condizioni (es. malato/sano) o per trovare associazioni tra presenza di SNP e risposta ai farmaci. Il tipico workflow di analisi di dati microarray comprende varie fasi, spesso eseguite con differenti strumenti software: preprocessing, che comprende operazioni specifiche quali summarisation e normalization; annotazione, che associa ad ogni gene informazioni funzionali, es. i processi biologici in cui i geni sono coinvolti, e riferimenti a database esterni; analisi statistica e data mining; interpretazione biologica dei risultati.

La dimensione dei dataset microarray cresce continuamente, sia perchè la tecnologia consente di investigare un sempre maggior numero di geni o polimorfismi (es. due comuni microarray quali Human Gene 1.0 st o Human Exon, generano rispettivamente 10 MBytes o 100 MBytes di dati per singolo campione), sia perchè aumenta il numero di soggetti arruolati negli esperimenti medici (es. Gene Wide Association Studies). Quindi la gestione e l'analisi dei dati omici è di fatto il maggior collo di bottiglia nella pipeline di analisi, mentre la disponibilità di differenti software bioinformatici non integrati, rende le attività di analisi inefficienti, poco ripetibili e con elevate possibilità di errore. La ricerca svolta affronta tali problematiche utilizzando il calcolo parallelo e distribuito per far fronte alla crescente dimensione dei dati omici e un approccio a servizi e una gestione esplicita dei metadati e di informazioni semantiche estratte da ontologie di dominio (es. Gene Ontology), per integrare le varie fasi del workflow di analisi in un'unica piattaforma.

La ricerca effettuata ha prima prodotto micro-CS (Microarray Cel file Summarizer), un ambiente software distribuito che automatizza la pipeline di analisi di dati microarray di tipo gene expression (BMC BIOINFORMATICS, 2010, SOFT COMPUTING, 2011). In particolare, una componente del sistema, realizzata come Web Service, aggiorna automaticamente le librerie necessarie per le fasi di preprocessing, nascondendo all'utente la loro localizzazione fisica ed evitando la possibilità che egli utilizzi librerie non aggiornate o errate (e.g. relative a diversi chip microarray). La componente client invece offre le funzionalità di preprocessing (normalization, summarization e annotation) di microarray Affymetrix tramite il wrapping di strumenti di preprocessing open source. Il client è disponibile sia in versione standalone, sia come plugin della piattaforma di analisi TIGR M4 MeV.

Le metodologie definite in tale attività di ricerca e il software micro-CS sono state proficuamente utilizzate in alcune ricerche mediche nel settore dell'oncologia i cui risultati sono stati pubblicati in riviste internazionali ad elevato impatto (ANNALS OF ONCOLOGY, 2008, CANCER RESEARCH, 2009), che hanno quindi validato da un punto di vista medico-clinico la ricerca effettuata. Nei lavori (Guzzi PH, Cannataro M, 2011-CBMS, Guzzi PH, Cannataro M, 2011-Euro-Par, Cannataro M, Guzzi PH, 2012-Euro-Par) è stata invece investigata la possibilità di parallelizzare il preprocessing dei dati microarray utilizzando un approccio Single Program Multiple Data. Tale approccio è stato successivamente esteso anche al preprocessing ed analisi di dati genotyping (Single Nucleotide Polymorphism - SNP).

Successivamente, è stato definito, realizzato e validato da un punto di vista medico-clinico, il software bioinformatico DMET-Analyzer, per il preprocessing e l'analisi statistica semiautomatica di dati genotyping SNP (Single Nucleotide Polymorphism) generati dalla piattaforma Affymetrix DMET (Drug Metabolism Enzymes and Transporters) per studi di farmacogenomica. DMET è una tipologia di microarray per la genotipizzazione di 255 geni umani che hanno un ruolo nel metabolismo dei farmaci (Absorption, Distribution, Metabolism, and Elimination - ADME).

Occorre notare che gli approcci per l'analisi di dati SNP (stringhe di testo che denotano le varianti del DNA) sono completamente diversi da quelli usati nei dati gene expression (numeri reali). In particolare, DMET-Analyzer esegue l'analisi di dati SNP DMET (una classe di microarray che investiga le relazioni tra stato del genoma e risposta ai farmaci) per correlare varianti del genoma dei pazienti (SNP) con le condizioni cliniche dei pazienti stessi (es. una differente risposta ai farmaci antitumorali). Il sistema automatizza il preprocessing e l'analisi statistica di dati DMET basata sulla computazione massiva del test di Fisher e l'eventuale correzione statistica Bonferroni o False Discovery Rate; esegue l'annotazione automatica degli SNP statisticamente significativi con informazioni estratte da altri database (es. dbSNP), e associa tali SNP con i pathway coinvolti nel metabolismo dei farmaci, disponibili nel database PharmaGKB, uno dei principali database per gli studi di farmacogenomica.

Anche i risultati di tale ricerca sono stati pubblicati in una prestigiosa rivista bioinformatica (BMC BIOINFORMATICS, 2012) e DMET-Analyzer è stato usato dai ricercatori dell'Unità Operativa di Oncologia in alcune ricerche mediche nel

settore dell'oncologia e farmacogenomica (CANCER CHEMOTHERAPY AND PHARMACOLOGY 2015, BRITISH JOURNAL OF HAEMATOLOGY, 2011, CANCER BIOLOGY & THERAPY, 2011).

Occorre sottolineare che DMET-Analyzer è stato anche usato da vari gruppi di ricerca in Italia e all'estero come riportato nei lavori (LOMBARDI ET AL. AMERICAN JOURNAL OF CLINICAL ONCOLOGY: CANCER CLINICAL TRIALS 2015, HERTZ ET AL. CLINICAL CANCER RESEARCH 2014, RUMIATO ET AL. CANCER CHEMOTHERAPY AND PHARMACOLOGY 2013).

Poiché i dati coinvolti negli studi di farmacogenomica possono crescere notevolmente (es. aumento della popolazione di pazienti o del numero di geni investigati dai microarray), gli algoritmi core di DMET-Analyzer sono stati parallelizzati sia su macchine multi-core (coreSNP) che in ambienti Cloud (Cloud4SNP) e i primi risultati sperimentali usando vari dataset di dati reali, hanno mostrato speed-up lineare fino a 16 core (o macchine virtuali nel caso Cloud) e una altrettanto buona scalabilità rispetto al numero di pazienti. I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati nella prestigiosa rivista (IEEE TRANSACTION ON COMPUTERS, 2014).

Una significativa evoluzione di DMET-Analyzer è costituito da DMET-Miner, un software per l'estrazione di regole associative da dati SNP DMET. In particolare, lo strumento converte i dati di input in un formato di tipo Transaction Database (dove una transazione è rappresentata dall'insieme di SNP presenti nei geni di un paziente) e utilizza una versione modificata dell'algoritmo FP-Growth adattata ai dati SNP, consentendo l'estrazione di regole associative che correlano la contemporanea presenza di più SNP con lo stato dei pazienti (es. pazienti che rispondono o meno ad un farmaco). I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati su alcune riviste di bioinformatica (JOURNAL OF BIOMEDICAL INFORMATICS 2015, BIBM 2014) e lo strumento è in fase di validazione da parte dell'Unità Operativa di Oncologia.

Un ulteriore tema di ricerca in corso di investigazione è l'analisi di dati miRNA (micro RNA). I miRNA sono frammenti di RNA non codificante che hanno un ruolo chiave nella regolazione del RNA messaggero (mRNA) e che sembra abbiano un ruolo nello sviluppo di numerose malattie in oncologia. Nei lavori (EMBNET NEWS, 2012) e (Guzzi PH, Veltri P, Cannataro M, 2012-ACM BCB) sono rispettivamente proposti un ambiente software (Micro-Analyzer) per il preprocessing ed analisi di differenti dati microarray inclusi i dati miRNA e nuovi algoritmi per determinare l'esistenza di associazioni tra miRNA e mRNA. Lo studio del livello di espressione dei miRNA e lo studio delle associazioni tra miRNA e mRNA rappresentano una linea di ricerca di frontiera della medicina molecolare e la realizzazione di strumenti bioinformatici efficienti potrà fortemente accelerare la ricerca medica. Ad esempio, il lavoro (EXPERT REVIEW OF PRECISION MEDICINE AND DRUG DEVELOPMENT 2016) discute ad il ruolo dei miRNA e dei software per la loro analisi, nella terapia del Mieloma Multiplo.

Una recente attività di ricerca avviata in collaborazione con l'Unità di Oncologia riguarda la cosiddetta P4 Medicine (Predictive, Preventive, Personalized and Participatory medicine) che ha assunto particolare enfasi mediatica dopo il recente discorso del Presidente Obama sul tema della Precision Medicine (che ha una forte sovrapposizione con la Personalized Medicine). E' indubbio che l'analisi del genotipo del singolo paziente è uno dei fattori chiave per lo sviluppo di terapie personalizzate e le ricerche svolte nell'ambito dei progetti DMET-Analyzer e DMET-Miner ricadono nel filone più generale della P4 Medicine. In particolare, il lavoro (BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS 2016) riassume i più recenti approcci per l'analisi di dati omici di supporto alla P4 Medicine.

2b) Preprocessing ed analisi di dati proteomici

La proteomica è lo studio del proteoma, l'intero complesso delle proteine espresse da un organismo. In questi ultimi anni, una delle tecniche maggiormente utilizzate in proteomica per identificare le macromolecole costituenti un campione biologico è la spettrometria di massa. L'analisi spettrometrica produce una grande quantità di dati, spesso rappresentati da grandi insiemi di coppie di valori (Intensità, m/Z), detti picchi, dove m/Z misura il rapporto massa/carica di una macromolecola, mentre Intensità è una misura che tiene conto dell'abbondanza relativa di tale macromolecola nel campione. Poiché i campioni biologici sono estremamente ricchi di composti e proteine, il numero di misure è di solito molto elevato, dell'ordine delle centinaia di migliaia di coppie di valori. Inoltre, a causa di vari fattori, entrambe le misure sono di solito affette da errori e dalla presenza di elevato rumore. La proteomica computazionale è l'insieme di algoritmi, metodologie e basi di dati utilizzate ed applicate a partire dai dati generati in esperimenti di proteomica. Esempi di applicazioni di proteomica computazionale sono (i) la scoperta di biomarcatori di malattia (biomarker discovery) tipicamente condotta tramite studi di classificazione basati su analisi data mining degli spettri, e (ii) l'identificazione e la quantificazione di peptidi/proteine a partire da spettri di massa.

L'esperienza maturata nel progetto KNOWLEDGE GRID è stata alla base per la definizione di un ambiente software

per la risoluzione di problemi di bioinformatica e proteomica su griglie computazionali, denominato PROTEUS, che ha nell'utilizzo delle ontologie uno degli aspetti innovativi. PROTEUS fa uso di ontologie per la modellazione delle componenti di base che realizzano una applicazione di bioinformatica (e.g. strumenti software quali BLAST e sorgenti dati quali PDB), e fa uso delle tecniche di workflow per la loro composizione ed esecuzione. I risultati di tale attività sono stati pubblicati su varie riviste internazionali quali (THE IEEE INTELLIGENT INFORMATICS BULLETIN, 2004), (PARALLEL PROCESSING LETTERS, 2004), (JOURNAL OF DIGITAL INFORMATION MANAGEMENT, 2004), (METHODS OF INFORMATION IN MEDICINE, 2005).

Le attività di ricerca condotte nel settore della proteomica hanno riguardato inizialmente la definizione e lo sviluppo di algoritmi di preprocessing dei dati spettrometrici, aventi l'obiettivo di ridurre il rumore presente nei dati e la dimensionalità degli stessi, in modo da migliorare le successive fasi di analisi data mining, sia in termini di prestazione che di qualità dell'analisi. Quindi l'architettura generale di PROTEUS è stata specializzata al dominio dell'analisi di dati proteomici dando luogo al sistema MS-Analyzer, un ambiente software distribuito per la gestione, preprocessing ed analisi di dati proteomici provenienti da spettrometria di massa.

Le caratteristiche innovative dell'ambiente MS-Analyzer sono la modellazione mediante ontologie degli algoritmi e delle sorgenti dati e l'utilizzo di tale conoscenza per guidare la composizione di un'applicazione di analisi dei dati, funzione offerta da un editor di workflow guidato da una ontologia di dominio che descrive la spettrometria di massa ed i principali processi di analisi. L'ontologia modella i task, i metodi, gli algoritmi ed i software di data mining, le varie tipologie di preprocessing sviluppate, ed infine modella i vincoli di input/output sull'esecuzione degli algoritmi: ad es. un algoritmo di binning riceve in input un dataset grezzo e genera un dataset preprocessato, mentre un algoritmo di data mining riceve in input un file ARFF (dataset i cui dati sono opportunamente riorganizzati) e genera un modello di conoscenza (es. un albero di decisione). Tali relazioni sono utilizzate durante la composizione del workflow per segnalare eventuali incompatibilità, nell'esempio, tra l'algoritmo di binning e quello di data mining deve essere frapposto uno strumento di trasformazione dei dati. L'ambiente, che utilizza un'architettura a Web Services, consente di utilizzare, incapsulati come Web Services, gli algoritmi di preprocessing sopracitati e gli algoritmi di data mining offerti dalla piattaforma open source Weka; inoltre esso utilizza una base di dati specializzata per la gestione degli spettri nelle loro diverse configurazioni (dati grezzi, dati preprocessati, dati preparati e organizzati per l'analisi data mining).

Le attività di ricerca sono state in parte svolte nell'ambito del progetto MIUR COFIN-2003 "Studio del profilo di espressione proteomica nel carcinoma ereditario della mammella". Gli algoritmi e gli strumenti software realizzati hanno consentito di far fronte alle esigenze di gestione ed analisi dei dati proteomici del progetto, generati da spettrometria di massa. I risultati di tale attività di ricerca sono riportati in (CONCURRENCY AND COMPUTATION 2007) ed in varie pubblicazioni su atti di conferenza e capitoli di libri. L'ambiente MS-Analyzer è stato inoltre integrato, su una infrastruttura Grid, con un ambiente di classificazione sviluppato presso l'ITC-IRST di Trento ed il sistema integrato ed i risultati di tale sperimentazione sono riportati in (IEEE TRANSACTIONS ON NANOBIOSCIENCE, 2007).

Mario Cannataro ha inoltre partecipato alla definizione un ulteriore strumento per l'analisi di dati proteomici, l'ambiente software EIPETIDI, per l'identificazione di peptidi/proteine in campioni analizzati con spettrometria di massa (BMC BIOINFORMATICS, 2007). EIPETIDI migliora fortemente l'identificazione di proteine in esperimenti di proteomica ed è utilizzato nel Laboratorio di Proteomica e Spettrometria di Massa dell'Università di Catanzaro.

L'attività svolta nel settore della proteomica computazionale ha avuto sintesi nell'organizzazione ed edizione del numero speciale su Computational Proteomics della rivista "Briefings in Bioinformatics", che è ormai un punto di riferimento per la diffusione della ricerca in bioinformatica (BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS, 2008). Il numero speciale comprende 7 lavori scientifici peer-reviewed sottomessi da gruppi di ricerca nazionali ed internazionali su vari temi della Computational Proteomics, tra i quali algoritmi, basi di dati, metodologie e standards, per la gestione ed analisi di dati proteomici.

Tale attività scientifica-organizzativa arriva a valle di un'intensa attività di ricerca e di collaborazione che comprende l'organizzazione, in questi ultimi anni, della "Special Track on Computational Proteomics" presso l'International Symposium on Computer-Based Medical System, e del "Workshop on Bioinformatics' Challenges to Computer Science" presso l'International Conference on Computational Science.

2c) Preprocessing ed analisi di dati interattomici

L'interattomica si occupa di studiare le interazioni tra le proteine e altre molecole all'interno di un organismo ed è particolarmente importante perchè molte delle funzioni vitali delle proteine sono svolte quando esse interagiscono tra loro, ad es. per formare complessi proteici. Da un punto di vista informatico, l'interattomica riguarda la modellazione, memorizzazione ed analisi delle interazioni proteina-proteina (Protein-to-Protein Interactions - PPI), i database dei dati PPI e gli algoritmi per l'analisi delle reti di interazione proteica (Protein Interaction Networks - PIN), ovvero dell'insieme di tutte le interazioni proteiche di un organismo, usualmente rappresentato come un grafo. Le interazioni

possono coinvolgere 2 o più proteine e possono essere più o meno stabili nel tempo, formando i cosiddetti complessi proteici.

Gli algoritmi tipici dell'interattomica riguardano la predizione di interazioni non note, la scoperta di complessi proteici non noti, l'interrogazione di basi di dati PPI, la ricerca nelle reti PIN di motif biologicamente significativi (ad es. i complessi proteici possono essere scoperti ricercando sottografi densamente connessi nella rete PIN), l'allineamento di reti PIN di diversi organismi (es. per inferire, sotto determinate condizioni, interazioni non note in un organismo A, che sono presenti in un organismo B).

Una prima attività di ricerca è stata l'analisi delle principali tecnologie e metodologie riguardanti l'interattomica, ed in particolare le tecnologie per generare i dati PPI e gli standard informatici per rappresentare tali dati, le principali basi di dati PPI e relative interfacce di interrogazione, i modelli per le reti PIN ed i principali algoritmi di analisi. Il principale risultato di tale attività è stato la definizione di una pipeline di analisi dei dati PPI, dalla loro generazione, rappresentazione, memorizzazione efficiente sino all'analisi. La metodologia di analisi sviluppata in questo lavoro è stata alla base delle successive attività di ricerca sull'interattomica. I risultati di tale attività di ricerca sono stati pubblicati su ACM Computing Surveys (2010), una delle più prestigiose riviste di informatica.

Una successiva attività di ricerca ha riguardato la definizione e sviluppo di un ambiente distribuito per la predizione di complessi proteici denominato IMPRECO (Improving the Prediction of Protein Complexes), un meta-predittore di complessi proteici basato sull'attivazione parallela di più predittori (MCL, MCODE, RNSC) e sull'integrazione delle rispettive predizioni (FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS, 2010).

Successivamente sono state definite metodologie per l'annotazione di basi di dati di interazione proteica con informazioni semantiche estratte da ontologie (in particolare Gene Ontology) e delle opportune interfacce di interrogazione che estendono i meccanismi classici basati su semplici parole chiavi, con meccanismi di interrogazione che fanno uso delle annotazioni. Infatti, sebbene una notevole mole di conoscenza sui dati biologici sia presente in varie ontologie, in particolare Gene Ontology, essa non è automaticamente associata alle basi di dati di interazioni proteiche.

Nella ricerca effettuata il database di interazioni DIP è stato esteso definendo un sistema (denominato OntoPIN) che automaticamente estrae termini da Gene Ontology e li associa alle interazioni di DIP. Opportune interfacce di querying permettono la formulazione di interrogazioni semantiche che associano le informazioni topologiche della rete di interazione con informazioni funzionali fornite da Gene Ontology, ad es. "Ritrovare tutti i geni o tutte le interazioni proteiche che siano associabili alla funzione F". I risultati di tale ricerca sono riportati in (CANNATARO M, PH GUZZI, P VELTRI, 2009-CBMS-2009) e (Guzzi PH, Veltri P, Cannataro M, 2011-ACM-BCB-2011).

In una attività di ricerca più recente, alcune misure di similarità semantica o strutturale, basate su informazioni estratte da ontologie e da altre sorgenti (es. basi di dati sulla struttura di proteine), sono state usate per arricchire le informazioni a disposizione negli studi di interattomica ed in particolare per migliorare l'allineamento tra le reti di interazione proteica di differenti organismi. Il lavoro (BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS, 2012) introduce le principali metodologie per l'annotazione di dati omici con conoscenza biologica pregressa, contenuta in varie sorgenti informative ed in particolare in ontologie quali Gene Ontology. Quindi illustra le principali misure di similarità semantica utilizzabili per esprimere in maniera quantitativa le relazioni tra termini ontologici costituenti le annotazioni. Infine valuta, attraverso una estensiva sperimentazione delle misure di similarità disponibili, la bontà di tali misure in relazione agli aspetti biologici. Questo è il lavoro di Mario Cannataro più citato nel settore della bioinformatica.

In tale settore la ricerca è proseguita nell'ambito dell'analisi data mining di dati biologici (es. proteine o geni esaminati) arricchiti da annotazioni estratte da Gene Ontology, dove le annotazioni, dette GO Terms, rappresentano informazioni sulla funzione o localizzazione ad es. delle proteine.

Una delle tecniche di data mining più usata in tale settore è l'estrazione di regole associative. L'applicazione di algoritmi standard di Association Rule Mining (ARM) basati sulla ricerca di frequent itemsets a tali dati annotati presenta però due ordini di problemi. La ricerca di frequent itemsets tende ad escludere regole che includono termini poco presenti nel dataset in esame, anche se altamente rilevanti e specifici, e ad enfatizzare regole che includono termini molto frequenti, che potrebbero essere poco significativi. Un secondo inconveniente riguarda l'efficienza di tali algoritmi, specialmente quelli basati su Apriori.

Per tener conto di quelle annotazioni che anche se poco frequenti possono essere molto significative, nella ricerca effettuata, che ha dato luogo al prototipo GO-WAR (Gene Ontology-based Weighted Association Rules), le annotazioni (GO Terms) sono opportunamente pesate usando una misura, detta Information Content, che tiene conto della rilevanza e della specificità dei termini ontologici e quindi delle risultanti annotazioni. Inoltre, è stato opportunamente ottimizzato l'algoritmo FP-Growth che produce l'estrazione di regole associative pesate.

Pertanto GO-WAR è sia una metodologia che uno strumento software capace di estrarre regole associative pesate con un alto valore di IC, ma senza perdita di Supporto e Confidenza da un dataset di dati annotati. Il lavoro (COMPUTER METHODS AND PROGRAMS IN BIOMEDICINE 2015) presenta tale strumento e dimostra la sua superiorità rispetto allo stato dell'arte tramite diverse sperimentazioni su dataset annotati disponibili pubblicamente.

Successivamente, tenuto conto che Gene Ontology è formata da tre distinte ontologie, Molecular Function (MF), Biological Process (BP) e Cellular Component (CC), GO-WAR è stato adattato per poter estrarre regole associative dette cross-ontology association rules, tra termini appartenenti a differenti ontologie di Gene Ontology.

L'algoritmo adattato all'estrazione di cross-ontology association rules è stato recentemente pubblicato su una prestigiosa rivista di bioinformatica (IEEE/ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS 2016).

Usando dataset annotati disponibili pubblicamente per tre diversi organismi, è stato possibile estrarre nuove regole associative, non rilevate dagli altri algoritmi correntemente disponibili in letteratura, aventi un alto contenuto informativo (IC). Il sistema è stato validato manualmente cercando in letteratura l'evidenza biologica delle regole trovate. La validazione ha rivelato che le regole scoperte avevano evidenza in vari lavori scientifici, ma d'altra parte queste evidenze non erano immediatamente accessibili perchè a livello ontologico i processi evidenziati erano apparentemente non connessi. Pertanto, l'utilizzo di GO-WAR per l'estrazione di cross-ontology association rules può aiutare sia i ricercatori nel campo biomedico sia i curatori di ontologie, suggerendo l'esistenza di relazioni tra termini ontologici di diverse ontologie, attualmente scorrelati.

Un ulteriore settore di ricerca dove trovano applicazione le annotazioni estratte da ontologie e le misure di similarità semantica tra annotazioni è la cosiddetta prioritizzazione di geni rispetto alle malattie. Spesso i risultati degli esperimenti basati sull'uso di piattaforme omiche (es. microarray) restituiscono una lunga lista di geni o proteine di interesse. L'interpretazione di tali risultati può essere un processo complesso e lungo, soprattutto quando i ricercatori sono interessati al comportamento di pochi geni/proteine in relazione a qualche specifica malattia. Il filtraggio e la prioritizzazione dei geni/proteine candidati consente una più agevole interpretazione dei risultati, ma richiede l'uso di conoscenza del dominio che è spesso codificata in ontologie.

Per rispondere a questa esigenza la ricerca effettuata ha portato alla definizione e sviluppo di un nuovo algoritmo per prioritizzazione di geni/proteine rispetto ad una malattia, denominato GoD (Gene ranking based on Diseases), che assegna una priorità (ranking) ad una lista di geni sulla base di annotazioni estratte da ontologie (JOURNAL OF COMPUTATIONAL SCIENCE 2015).

In particolare l'algoritmo ordina un insieme i geni calcolando la similarità semantica tra le annotazioni di ogni gene e le annotazioni di una specifica malattia. Il sistema è stato validato utilizzando varie liste di geni annotati a partire da tre diverse ontologie, Human Phenotype Ontology (HPO), Gene Ontology (GO) e Disease Ontology (DO), ed usando diverse misure di similarità semantica. Gene Ontology (GO) è una delle principali risorse in bioinformatica ed è strutturata in tre ontologie non sovrapposte: Molecular Function (MF), Biological Process (BP) e Cellular Component (CC). Human Phenotype Ontology (HPO) contiene informazioni fenotipiche riguardanti i geni ed i prodotti di geni con riferimento a circa 7354 malattie descritte nel database di malattie denominato OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man). La Disease Ontology (DO) contiene informazioni su circa 8043 malattie.

Nell'ambito dell'attività di ricerca su analisi di reti biologiche, il lavoro (PLOS ONE, 2012) presenta un nuovo algoritmo per l'allineamento tra reti di interazioni proteiche di differenti organismi che utilizza informazioni sulla similarità strutturale delle proteine in aggiunta alle informazioni topologiche delle reti da allineare. Date le reti di due organismi, AlignNemo scopre sottoreti di proteine che sono simili sia da un punto di vista topologico che da un punto di vista funzionale. I numerosi esperimenti effettuati hanno mostrato la superiorità di AlignNemo rispetto ad altri metodi di allineamento in termini di precision e recall.

Successivamente, la ricerca in tale settore ha riguardato un aspetto molto importante dello studio delle reti biologiche, ovvero la loro visualizzazione efficiente. Infatti, le reti biologiche possono avere migliaia di nodi ed archi per cui la visualizzazione efficiente e capace di evidenziare aspetti biologici è un problema aperto.

Il lavoro (BMC BIOINFORMATICS 2013) analizza le principali metodologie per la visualizzazione delle reti biologiche ed effettua una rassegna dei principali algoritmi e strumenti software disponibili in letteratura. Il lavoro considera 4 criteri principali: tecnologia, interoperabilità, algoritmi di layout e rendering, funzionalità di analisi.

Sempre in tale ambito, il lavoro (PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY 2013) illustra una metodologia utile per integrare, analizzare e visualizzare dati che provengono da differenti sorgenti.

I principali risultati delle attività di ricerca su interattomica sono stati sistematizzati nella monografia di cui sono coautore: "Data Management of Protein Interaction Networks", pubblicata nel 2011 da Wiley-IEEE Computer Society Press nell'ambito della collana scientifica "Wiley Book Series on Bioinformatics". Tale monografia introduce le tecnologie per generare i dati PPI, le principali basi di dati PPI (derivati sperimentalmente o da esperimenti in

silico), i modelli per le reti PIN, gli algoritmi per analizzare, allineare e visualizzare le reti PIN, le tecniche basate su ontologie per analizzare le reti PIN ed infine alcuni casi studio in biologia.

2d) Gestione ed analisi di dati clinici per applicazioni biomediche

L'attività di ricerca nel settore dell'informatica medica trae spunto dalle numerose collaborazioni attivate con i ricercatori di varie Unità Operative cliniche (Oncologia, Biochimica clinica, Otorinolaringoiatria, Neurologia, Ginecologia, ecc.) dell'Università di Catanzaro (Policlinico Mater Domini e Fondazione T. Campanella) e con l'Università di Salerno (Prof. A. Weisz, Unità Operativa Patologia Clinica).

L'attività di ricerca ha riguardato la definizione di algoritmi ed ambienti software per l'estrazione e l'analisi di dati clinici provenienti da cartelle cliniche elettroniche distribuite (in collaborazione con l'Unità Operativa di Oncologia Medica dell'Ateneo), l'analisi del segnale vocale per l'identificazione di possibili patologie dell'apparato vocale (in collaborazione le Unità Operative di Otorinolaringoiatria e Neurologia dell'Ateneo), il preprocessing e l'analisi data mining di bioimmagini (risonanze magnetiche del cervello) per lo studio di varie patologie neurologiche (in collaborazione con l'Unità Operativa di Neurologia e l'ISN-CNR), l'analisi di dati in ginecologia per la costruzione di modelli predittivi dell'età ovarica (in collaborazione con l'Unità Operativa di Ginecologia e Ostetricia).

I risultati della ricerca effettuata sono stati pubblicati su riviste e atti di conferenza nei settori dell'ingegneria informatica e della bioingegneria ed hanno prodotto vari ambienti software tra i quali si segnalano:

- SIGMCC, un ambiente distribuito di tipo Peer-to-Peer che permette la condivisione e l'aggregazione tra diversi ospedali delle principali informazioni cliniche presenti nelle cartelle cliniche oncologiche gestite dai rispettivi reparti di Oncologia Medica; i dati di rilievo per la gestione del follow-up (e per misurare vari indici quali progressione, mortalità, sopravvivenza a 5 anni, ecc.) sono mappati in uno schema XML che forma una meta-cartella clinica oncologica (meta-Electronic Patient Record) che contiene i dati estratti da diverse cartelle sparse sul territorio. Utilizzando il sistema SIGMCC, gli operatori sanitari possono formulare delle interrogazioni sullo schema della meta-cartella clinica, queste interrogazioni sono inviate agli ospedali connessi al sistema, usando un'infrastruttura Peer-to-Peer, in tal modo l'indisponibilità di un ospedale non pregiudica le funzionalità del sistema (FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS, 2008). SIGMCC è stato sperimentato nell'ambito di un progetto regionale, coinvolgendo vari reparti di oncologia in Calabria.
- REVA (Remote Voice Analysis), un software accessibile via Internet per la raccolta di campioni vocali e la diagnosi precoce di patologie dell'apparato vocale (screening) e per la gestione del follow-up di pazienti che hanno subito interventi chirurgici al tratto vocale; il sistema consente la raccolta via Internet di registrazioni del segnale vocale, la loro memorizzazione in una cartella clinica centralizzata e quindi una pre-analisi automatica per evidenziare voci patologiche, utilizzando diversi algoritmi di signal processing disponibili in letteratura implementati in Matlab e richiamati dal sistema. I risultati di tale ricerca sono pubblicati in (F. Amato, Cannataro M, et al. 2008-ACM-SAC-2008) e (BIOMEDICAL SIGNAL PROCESSING AND CONTROL, 2009). Una naturale evoluzione di tale ricerca, svolta in collaborazione con il gruppo di Bioingegneria dell'Università di Catanzaro, è l'implementazione del sistema su dispositivi embedded DSP. I lavori (PALUMBO A et al. 2009) e (Palumbo A et al. 2011) presentano i primi risultati.
- Un software per l'analisi semiautomatica di segnali acustici russatori, raccolti durante il sonno dei pazienti, di supporto alla diagnosi di patologie OSAS (Obstructive Sleep Apnea Syndrome); il sistema ha l'obiettivo di discriminare il russamento patologico identificando ed analizzando con tecniche di signal processing basate su wavelet, gli eventi di russamento (snore) post-apneici, e quindi misurando la durata complessiva delle apnee che si sono manifestate durante il sonno, in alternativa ai metodi diagnostici più costosi e invasivi quali la polissonnografia (Calabrese B et al. 2011).
- K-Surfer, un insieme di plug-ins della piattaforma di data mining KNIME per rendere automatico il preprocessing e l'analisi data mining di caratteristiche volumetriche e diffuse estratte da immagini di risonanza magnetica del cervello con FreeSurfer and FSL, due software open source largamente usati da ricercatori delle neuroscienze per l'estrazione di features da risonanze magnetiche del cervello. K-Surfer (FRONTIERS IN NEUROINFORMATICS 2014, JOURNAL OF NEUROSCIENCE METHODS 2014) è stato utilizzato per competere al CAD (Computer Aided Diagnosis) Dementia workshop 2014 (<http://caddementia.grand-challenge.org/workshop/>), tenuto nell'ambito della conferenza Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI)
- OvAge: uno strumento software per la predizione dell'età ovarica nelle donne basato sull'uso dei Modelli Lineari Generalizzati (Generalized Linear Models) e che combinano dati elettri-sonografici e dati di analisi biochimiche). Il metodo ideato congiuntamente dal Laboratorio di Bioinformatica e dell'Unità Operativa di Ostetricia e Ginecologia, ha dato luogo ad un brevetto (WO2015044751A1. Apparatus and method for processing clinical and biochemical data and three-dimensional ultrasound images for predicting ovarian age of the woman, and corresponding diagnostic ultrasound equipment. <https://patents.google.com/patent/WO2015044751A1>) e a varie pubblicazioni nel settore medico (JOURNAL OF OVARIAN RESEARCH 2015, ULTRASOUND IN OBSTETRICS &

GYNECOLOGY 2014, FERTILITY AND STERILITY 2014, JOURNAL OF MINIMALLY INVASIVE GYNECOLOGY 2013).

Inoltre, nell'ambito di un'attività di ricerca svolta in collaborazione con l'Università di Salerno (Prof. A. Weisz, Unità Operativa Patologia Clinica), è stata definita una metodologia di analisi di dati proteomici ottenuti mediante spettrometria di massa e di interazioni proteina-proteina. Essa ha come elemento centrale la ricostruzione delle sottoreti di interazione associate alle proteine identificate e la successiva analisi di tali reti sulla base della loro topologia delle annotazioni funzionali estratte da Gene Ontology. Tale innovativa analisi bioinformatica dei dati è una attività centrale dell'intera pipeline di analisi ed i risultati scientifici sono stati pubblicati in prestigiose riviste di proteomica (PROTEOMICS 2011, PROTEOMICS-CLINICAL APPLICATIONS 2011, MOLECULAR BIOSYSTEMS 2011).

6.3 APPARTENENZA A SOCIETÀ SCIENTIFICHE

Mario Cannataro è membro delle seguenti società scientifiche.

- IEEE (Senior Member),
- IEEE Computer Society,
- ACM (Senior Member),
- ACM SIGBio: dal 2012 è Referente Europeo per SIGBio e dal Luglio 2015 è Member del Board of Directors per il triennio 2015-2018 (<http://www.sigbioinformatics.org/Main/Officers>); egli si occupa del collegamento tra SIGBio e le società bioinformatiche europee nonché della definizione di curricula nel settore bioinformatico,
- BITS (Società Italiana di Bioinformatica)
- SIBIM (Società Italiana di Informatica Biomedica)
- AITIM (Associazione di Telemedicina e Informatica Medica)

6.4 RESPONSABILITÀ DI PROGETTI DI RICERCA E SVILUPPO

Mario Cannataro è stato Responsabile Scientifico per vari progetti di ricerca internazionali e nazionali, ammessi al finanziamento sulla base di bandi competitivi che prevedano la revisione tra pari. Di seguito è indicato il periodo del progetto, il nome del progetto, la durata del progetto, il ruolo svolto nel progetto.

- 2022-2025, **TECH4YOU** (Ecosistema dell'innovazione-Tech4you-technologies for climate change adaptation and quality of life improvement" Missione 4, Componente 2, Investimento 1.5. Codice progetto ECS 00000009. Spoke 6), Durata 36 mesi. Resp. Scientifico UniCZ per le attività nell'ambito dello Spoke6.
- 2017-2019, **SELINA "Smart ELectronic INvoices Accounting"** - POR Calabria 2014-2020
- Settembre 2013 - Dicembre 2015 (esteso a Dicembre 2016), PON **PON03PE_00001_1 "BA2Know - Business Analytics to Know"** - DD 1542 del 30/04/2014: Decreto di concessione agevolazione, Durata 32 mesi, Resp. scientifico UniCZ.
- Novembre 2012 - Maggio 2015 (Esteso a Ottobre 2015), PON Smart Cities **PON04a2_D "Culture e Turismo DICET - INMOTO - (OR.C.HE.S.T.R.A.)"** - DD 623/Ric. 8 ottobre 2012, Durata 36 mesi, Resp. scientifico UniCZ.
- Ottobre 2013 - Settembre 2015, Progetto **CAPTUREDOC** (già EASYDOC) - Bando POR Calabria FESR 2007/2013 - Delibera n. 17198 del 30/11 /2010 - Avviso pubblico "Pacchetti Integrati di Agevolazioni" PIA 2010, graduatoria DD n. 14 del 3/1/2013 - Burc n. 5, parte III, del 1/2/2013, Durata 24 mesi, Responsabile UniCZ della Convenzione tra Calìo Informatica S.r.L. e Università di Catanzaro.
- Novembre 2011 - Dicembre 2012, Progetto C: **Health Knowledge Mining Suite (HKMS)** - "Piano di Sviluppo Interaziendale composto da un Piano Interaziendale Innovazione e un Piano di Formazione" presentato da ICT-SUD e finanziato dalla Regione Calabria (Decreto Direttoriale Dip. Attività Produttive, n. 117 del 13/01/2011), Durata 12 mesi, Resp. scientifico UniCZ
- 2009-2012, Convenzione stipulata con ICT-SUD s.c.a.r.l., nell'ambito del progetto denominato **"Rete dei Centri di Competenza ICT-SUD"** cofinanziato dal MUR nell'ambito del PON 2000-2006, Durata 36 mesi, Resp. scientifico UniCZ
- Gennaio 2007 - Dicembre 2008, Progetto Distretto Tecnologico Beni Culturali (**Lab. Tecnologico MESSIAH, Azione 4**), finanziato dalla Regione Calabria - Accordo Programma Quadro Ricerca Scientifica. Resp. Unità di Ricerca informatica Università di Catanzaro, Durata 24 mesi.
- Dicembre 2005 – Dicembre 2007, Progetto Distretto Tecnologico Beni Culturali (**Lab. Tecnologico MESSIAH, Azione 2**), finanziato dalla Regione Calabria - Accordo Programma Quadro Ricerca Scientifica.

- Resp. Unità di Ricerca informatica Università di Catanzaro, Durata 24 mesi.
- Dicembre 2005 – Dicembre 2007, Progetto Distretto Tecnologico della Logistica e Trasformazione - **Progetto Azione 2: Laboratori Tecnologici**, finanziato dalla Regione Calabria - Accordo di Programma Quadro Ricerca Scientifica. Resp. Unità di Ricerca informatica dell'Università di Catanzaro, Durata 24 mesi.
 - Luglio 2003 - Ottobre 2005, Progetto MIUR FIRB GRID.IT: **"Piattaforme abilitanti per griglie computazionali ad elevate prestazioni orientate ad organizzazioni virtuali scalabili"**. L'Università di Catanzaro partecipa come sottocontraente ICAR-CNR. Resp. scientifico convenzione stipulata tra ICAR-CNR e Università di Catanzaro. Durata 28 mesi, Resp. scientifico UniCZ
 - Apr. 2004 - Set. 2005, Progetto POR-Regione Calabria **P2P-CKMS-SSDS "Modelli e tecnologie collaborativi a supporto di sistemi sanitari distribuiti"**. Durata 18 mesi, Resp. scientifico UniCZ
 - Marzo 2002 - Ottobre 2002, Progetto **"Evoluzione di un Sistema di Front Office Multicanale per Banche on-line - Sistema per la Profilazione e Server Adattativo"**, finanziato dal MIUR (contraente CARISIEL SpA). Durata 9 mesi, Resp. scientifico ICAR-CNR
 - Gennaio 2001 - Ottobre 2002, Progetto e Linea di Ricerca ISI-CNR **"Tecnologie, protocolli e ambienti per applicazioni evolute su rete"**, finanziato sulla dotazione ordinaria ISI-CNR. Durata 22 mesi, Resp. scientifico ISI-CNR
 - Gennaio 2000 - Dicembre 2001, Progetto **"Sviluppo di tecnologie digitali di grafica avanzata per applicazioni industriali e commerciali"** - Finanziamento Fondi Strutturali 1994-1999 - Programma Operativo MURST – CNR, svolto in collaborazione con le unità CNR IRSIP e CPS di Napoli, e CERE e IFCAI di Palermo. Durata 24 mesi, Resp. scientifico ISI-CNR
 - Aprile 1998 - Dicembre 2000, Progetto POP Calabria 94/99 **Pb/077 "Un Sistema Integrato sul Territorio di Sportelli Tecnologici di Ingegneria dell'Informazione per il Supporto alla Produzione delle Piccole e Medie Imprese"**, svolto in collaborazione con l'Università della Calabria e l'Università di Reggio Calabria. Durata 33 mesi, Resp. scientifico ISI-CNR

6.5 ATTIVITÀ EDITORIALE E LETTURE INVITATE

Mario Cannataro ha svolto, soprattutto nel periodo di permanenza presso l'Università di Catanzaro, un'intensa attività scientifica comprendente: l'organizzazione di numerosi workshops su calcolo parallelo e bioinformatica, la redazione di **6 libri** (2 enciclopedie, 3 monografie e 1 libro editato) su calcolo parallelo e bioinformatica, l'edizione di oltre **10 special issue** prevalentemente su temi di bioinformatica e informatica medica, la partecipazione ai comitati editoriali di numerose riviste, la partecipazione al comitato tecnico di varie conferenze internazionali e l'edizione dei relativi proceedings, la revisione di numerosi articoli scientifici sottomessi a riviste e conferenze internazionali, nonché la partecipazione, in qualità di chair, ai workshop da egli organizzati e, in qualità di relatore o invited speaker, a numerose conferenze.

Dal 2022 è Editor-in-Chief della Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, 2nd Edition, Elsevier.

LIBRI:

1. Cannataro M. et al. (co-Editor-in-Chief), **Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, 2nd Edition**, Elsevier, (in preparazione)
2. Cannataro M. et al. **Artificial Intelligence in Bioinformatics**, Elsevier, 2022.
3. Cannataro M. et al. (Editor), **Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, 1st Edition**, Elsevier, 2018.
4. Cannataro M, Pietro Hiram Guzzi, **Data Management of Protein Interaction Networks**, Wiley-IEEE Computer Society Press, Wiley Book Series on Bioinformatics, USA, 2011.
5. Cannataro M. (Editor), **Computational Grid Technologies for Life Sciences, Biomedicine and Healthcare**, Medical Information Science Reference, IGI Global Press, Hershey, USA, May 2009.
6. Cannataro M, Spezzano G, Talia D, **Programmazione Logica e Architetture Parallele**, Franco Angeli, 1993.

GUEST EDITOR DI SPECIAL ISSUES:

- (2022) Briefings in Bioinformatics, **"Network Models in Bioinformatics"**;
- (2022) IJERPH, **"Enhancement of Public Health Professionals via Machine Learning, Artificial Intelligence and Bioinformatics"**;
- (2021) Briefings in Bioinformatics, **"Bioinformatics to help mitigate the impact of Covid-19"**;
- (2021) Biotech, **"Bioinformatics and High-Performance Computing Methods for Deciphering and Fighting"**

COVID-19";

- (2018-2019) Data, "**High Performance Bioinformatics and Biomedicine**";
- (2018) High-Throughput, "**Parallel and Cloud-Based Bioinformatics and Biomedicine**";
- (2017) Microarrays, "**Next Generation Microarray Bioinformatics**";
- (2017) Computers, "Selected Papers from BBC 2017"; (2016) Microarrays Journal (MDPI AG, Basel, Switzerland), Special Issue on "**Next Generation Microarray Bioinformatics**", Guest Editors: M. Cannataro,
- (2012) Journal of Computational Science (Elsevier), Special Issue on "**Advanced Computing Solutions for Health Care and Medicine**", Guest Editors: M. Cannataro, J. Sundnes, R. Weber Dos Santos, P. Veltri;
- (2010) Future Generation Computer Systems (Elsevier), Special Issue on "**Biomedical and bioinformatics challenges to computer science**", Guest Editors: M. Cannataro, M. Romberg, J. Sundnes, R. Weber Dos Santos;
- (2008) Briefings in Bioinformatics (Oxford University Press), Special Issue on "**Computational Proteomics: management and analysis of proteomics data**", Guest editor: M. Cannataro.

CHAIR/CO-CHAIR DI WORKSHOPS/SPECIAL TRACKS:

- Workshop "**High Performance Bioinformatics and Biomedicine**" (**HiBB**), in congiunzione con International European Conference on Parallel and Distributed Computing (Euro-Par) negli anni: 2010, 2011, 2012, 2013 (Atti pubblicati sui proceedings dei workshop - Lecture Notes on Computer Science, Springer-Verlag) e in congiunzione con International Conference on Bioinformatics and Biomedicina (BIBM) (Atti IEEE Press) negli anni 2014, 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021.
- Workshop on "**Parallel and Cloud-based Bioinformatics and Biomedicine**" (**ParBio**), in congiunzione con ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM-BCB), anni: 2012, 2013, 2014, 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021, 2022. Atti pubblicati sui proceedings della conferenza (ACM Press).
- Workshop "**Bioinformatics' Challenges to Computer Science**" (**BBC**), in congiunzione con International Conference on Computational Science (ICCS), anni: 2008, 2009, 2010, 2011, 2012, 2013, 2014, 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021, 2022. Atti pubblicati su Procedia Computer Science (Elsevier).
- Workshop on "**High Performance Computing Systems for Biomedical, Bioinformatics and Life Sciences**" (**BILIS**), in congiunzione con International Conference on High Performance Computing & Simulation (HPCS), negli anni 2014, 2015, 2016. Atti pubblicati sui proceedings della conferenza (IEEE Press).
- Special Track "**Computational Proteomics and Genomics**" in congiunzione con IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS), negli anni: 2006, 2007, 2008, 2009, 2010, 2011, 2012, 2013. Atti sui proceedings della conferenza (IEEE Press).
- Special Track "**Adaptive Web System**", in congiunzione con IEEE International Conference on Information Technology: Coding and Computing (ITCC), negli anni: 2002, 2003, 2004, 2005. Atti pubblicati sui proceedings della conferenza (IEEE Press).

RELAZIONI INVITATE A CONFERENZE INTERNAZIONALI

Di seguito sono elencate le conferenze/workshop dove Mario Cannataro ha tenuto relazioni invitate (keynote speaker/invited talk):

- 2022 - University of Twente, Enschede, NL, 11 May 2022. **High Performance Statistical and Data Mining Analysis of Omics Data: Experiences at University Magna Graecia of Catanzaro**
- 2022 - SANO Seminar: Cracovia. Monday, 28 February 2022. **High Performance Statistical and Data Mining Analysis of Omics Data: Experiences at University Magna Graecia of Catanzaro**
- 2021 - ECM Webinar "Machine Learning and Artificial Intelligence: which application in infectious diseases", Milano, 3 Dicembre 2021. **4CE: an international experience**
- HIGH PERFORMANCE COMPUTING: STATE OF THE ART, EMERGING DISRUPTIVE INNOVATIONS AND FUTURE SCENARIOS - HPC 2021 Workshop - July 26 – 30, 2021, Cetraro, Italy, **High Performance Computing for Bioinformatics**
- 2020 - 20° Congresso Nazionale Associazione Italiana di Telemedicina ed Informatica Medica. Online. 18 Dicembre 2019. **Sentiment Analysis and Text Mining of Questionnaires to Support Telemonitoring Programs**
- 2019 - 19° Congresso Nazionale Associazione Italiana di Telemedicina ed Informatica Medica. Matera e Potenza – 11 e 12 Novembre 2019. **Statistical and Data Mining Analysis of Omics and Clinical Data for**

Cancer Research

- 2019 - Data Analytics Talk – The Graduate Center, City University of New York, September 10th, 2019, **High Performance Statistical and Data Mining Analysis of Omics Data: Experiences at University Magna Graecia of Catanzaro**
- 2019 - Opening the Black Box seminar - Brunel University, London, March 13th, 2019. **Can Explainable models and Sentiment Analysis improve Clinical Decision Support System?**
- 2019 - Opening the Black Box seminar - Brunel University, London, March 13th, 2019. **Efficient Analysis of Omics and Clinical Data: Experiences and Applications at University Magna Graecia of Catanzaro**
- 2019 - GDPR 1 anno dopo: luci e ombre - Privacy, Cyber security e Protezione dei Dati Medici - Applicazioni in Sanità - 21 Febbraio 2019 Università Milano Bicocca, Dipartimento Informatica - Milano, **Sentiment Analysis e Affective Computing in Sanità**
- 2018 - 74° Congresso Nazionale della SIP (Società Italiana di Pediatria), Roma 12-16 giugno 2018, **Sentiment Analysis and Affective Computing: methods, techniques and applications**
- 2017 - International Workshop on Brain-inspired computing, Computational models, algorithms and applications, 12-16 June 2017, Cetraro, Italy. **Methods and techniques for recognizing emotions: sentiment analysis and biosignal analysis with applications in neurosciences;**
- 2017 - International Conference on High Performance Computing & Simulation (HPCS 2017), July 17 - 21, 2017, Genoa, Italy. **High-Performance Preprocessing and Analysis of Omics Data.**
- 2016 - Erasmus lectures on "**High Performance Management and Analysis of Omics Data**" and on "**Statistical and data mining analysis of genomics data**", September 20-21, 2016, University of Groningen, The Netherland.
- 2016 - Erasmus lectures on "**High Performance Management and Analysis of Omics Data**", April 18, 2016, University of Vilnius, Lituania.
- 2015 - Faculty of Mathematics and Informatics, Vilnius University, Vilnius (LT), 18 Aprile 2016; Relazione invitata: **High-Performance Management and Analysis of Omics Data: Experiences at University Magna Graecia of Catanzaro;**
- 2015 - School on Bioinformatics for Proteomics (B4P) held at Istituto Nazionale per la Ricerca sul Cancro, Genova, 24-27 November 2015; Relazione invitata: **Annotazione di proteine e misure di similarità semantica;**
- 2015 - The 8th Int. Conf. on Internet and Distributed Computing Systems (IDCS 2015), Windsor, United Kingdom, September 2-4, 2015. Relazione invitata: **Cloud Computing in Healthcare and Biomedicine;**
- 2012 - Cracow Grid Workshops, AGH University of Science and Technology, Krakow, Poland, October 22-24, 2012. Relazione invitata: **High Performance Management and Analysis of Omics Data.**
- 2010 - Seventh International Meeting On Computational Intelligence Methods For Bioinformatics And Biostatistics, Palermo September 16-18, 2010. Tutorial on **Protein to Protein Interactions: data management and analysis;**
- 2010 - School on Bioinformatics for Proteomics (B4P) held at Istituto Nazionale per la Ricerca sul Cancro, Genova, October 2010; **Management and Analysis of Proteomics Data;**
- 2009 - School on Bioinformatics for Proteomics (B4P) held at Istituto di Scienze dell'Alimentazione, CNR, Avellino, November 2009; **Management and Analysis of Proteomics Data;**
- 2006 - Scientific Opening of The Microsoft Research - University of Trento Centre for Computational and Systems Biology, 3-5 Aprile 2006, Trento, Italy. Relazione invitata: **Management, Preprocessing and Data Mining Analysis of Mass Spectrometry Proteomics Data.**
- 2005 - Schloss Dagstuhl – Leibniz-Zentrum für Informatik GmbH, Dagstuhl Seminar 05271 - Semantic Grid: the Convergence of Technologies - Invited Lessons on **Knowledge (discovery)-based Grid Middleware Services**
- 2004 - HealthGrid Association, con sede a Clermont-Ferrand, francia. Invito a partecipare alla stesura del documento "HealthGrid White Paper", a cui Mario Cannataro ha contribuito con il capitolo "**Genomic Medicine and Grid Computing**", in collaborazione con P. Veltri.
- 2004 - Workshop "The state-of-the-art of Computational Chemistry in the Universities of Calabria and Basilicata", Catanzaro 5-6 Febbraio 2004. Relazione invitata: **PROTEUS: A Grid-based Problem Solving Environment for Bioinformatics Applications.**
- 2003 - IST Workshop "Metadata Management in Grid and P2P Systems: Models, Services and Architectures" (MMGPS), December 16, 2003. Senate House, University of London, London. Relazione invitata: **Architecture, Metadata and Ontologies in the Knowledge Grid.**

- 2003 - Ninth Global Grid Forum, Semantic Grid Research Group Workshop, October 5-8, 2003, Chicago. Relazione invitata: **Knowledge Discovery and Ontology-based services on the Grid.**

6.6 DIREZIONE DI RIVISTE, COLLANE EDITORIALI, ENCICLOPEDIA

- (2022 - oggi) - **co-Editor-in-Chief - Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, 2nd Edition**, Elsevier, USA
- (2016 - 2018) - **Volume Editor - Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology, 1st Edition**, Elsevier, USA
- (05/2010 - oggi) - **Volume Editor - Encyclopedia of Systems Biology**, (ISBN 978-1-4419-9864-4), Springer, <http://www.springerreference.com/docs/board/174.html>

6.7 PARTECIPAZIONE A COMITATI EDITORIALI DI RIVISTE, COLLANE EDITORIALI, ENCICLOPEDIA

Mario Cannataro partecipa all'Editorial Board delle seguenti riviste internazionali in qualità di **Associate Editor**:

- (2018 - oggi) **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**
- (2012 - oggi) **Briefings in Bioinformatics**, (ISSN: 1467-5463), Oxford University Press,
- (2017 - oggi) **BioTech** (in passato denominato High-Throughput) (ISSN 2571-5135) MDPI,
- (01/2016 - 06/2017) **Microarrays** (ISSN 2076-3905) ,
- (09/2012 - 04/2016) **Future Generation Computer Systems**, (ISSN: 0167-739X), Elsevier,
- (01/2009 - oggi) **The International Journal of Web Portals** (ISSN: 1938-0194), IGI Global,
- (01/2008 - oggi) **The Open Proteomics Journal** (ISSN 1875-0397), Bentham Science .
- (03/2008 - oggi) **The Open Medical Informatics Journal** (ISSN: 1874-4311), Bentham Science.

6.8 COLLABORAZIONI SCIENTIFICHE INTERNAZIONALI

Mario Cannataro ha instaurato diverse collaborazioni scientifiche con docenti e ricercatori di Università e Centri di Ricerca internazionali, nei settori della bioinformatica e bioinformatica medica, tra i quali:

- Prof. Bernardo Innocenti (Université Libre de Bruxelles, École polytechnique de Bruxelles, Belgio): bioengineering, biomedical informatics and IoT sensors;
- Prof. Igor Jurisica (Ontario Cancer Institute and University of Toronto, Canada): efficient visualization and analysis of protein interaction networks and pathways;
- Prof. Nicolai Petkov (University of Groningen, Nederland), sentiment analysis and affective computing for neurosciences;
- Prof. Giuseppe Di Fatta (University of Reading, UK): mining of MR brain images data;
- Prof. Concettina Guerra (Georgia Institute of Technology, Atlanta, USA): algorithms and tools for the analysis of protein interaction networks;
- Prof. Angela Shiflet (Wofford College, USA): methodologies for teaching computational sciences;
- Prof. Marian Bubak (University of Amsterdam (UwA) and AGH, Krakow, Poland): Scientific workflow environments;

7 ATTIVITA' DIDATTICA, DI DIDATTICA INTEGRATIVA E DI SERVIZIO AGLI STUDENTI

Mario Cannataro è stato Coordinatore (precedente denominazione del Presidente di Corso di Laurea), nel quadriennio 2018 - 2021, del Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (Classe L8), su designazione del Senato Accademico e del Consiglio di Amministrazione dell'Università di Catanzaro.

E' stato eletto Presidente del Consiglio di Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (Classe L8) per il periodo Maggio 2023-Ottobre 2024.

Mario Cannataro ha svolto attività didattica in insegnamenti universitari con continuità a partire dall'A.A. 1998/1999. L'attività didattica è stata svolta prevalentemente presso l'Università di Catanzaro e in parte presso l'Università della Calabria e l'Università di Napoli "Federico II". Per ognuno degli insegnamenti tenuti egli ha presieduto la Commissione di Esame e ha svolto gli esami di profitto.

Attualmente, Mario Cannataro svolge la sua attività didattica prevalentemente presso il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica, erogato prima in collaborazione con il Politecnico di Milano e l'Università della Calabria, poi in collaborazione con l'Università di Napoli "Federico II" e attualmente erogato dalla sola Università di Catanzaro. Inoltre negli ultimi anni è stato anche attivato il Corso di laurea Magistrale [LM21] in Ingegneria Biomedica. Infine, Mario Cannataro ha svolto attività didattica anche presso alcuni Corsi di Laurea di area biomedica della Facoltà di Medicina e Chirurgia (ora Scuola di Medicina e Chirurgia)

Mario Cannataro svolto attività di assistenza agli studenti ed ha coordinato i tutor messi a disposizione dalla Facoltà di Medicina e Chirurgia per gli insegnamenti ricadenti nei SSD INF/01 e ING-INF/05. Inoltre egli è stato relatore di numerose di Laurea e di Dottorato di Ricerca ed ha partecipato alle commissioni di esame per la valutazione della prova finale.

Attualmente, Mario Cannataro svolge la sua attività didattica prevalentemente presso il Corso di Laurea [L8] in Ingegneria Informatica e Biomedica e il Corso di laurea Magistrale [LM21] in Ingegneria Biomedica dell'Università di Catanzaro e presso alcuni Corsi di Laurea della Scuola di Medicina e Chirurgia.

Il suo impegno didattico medio in tali corsi di laurea è valutabile in 4 insegnamenti tenuti annualmente per complessivi 18 CFU erogati annualmente.

Egli è stato relatore di oltre 100 tesi di laurea triennale e magistrale e relatore di 6 tesi di Dottorato di Ricerca nei settori Informatica e Bioinformatica.

7.1 RELATORE TESI DI DOTTORATO

Mario Cannataro è stato relatore di 4 tesi di Dottorato di Ricerca in **Ingegneria Biomedica e Informatica**, riportate di seguito:

COGNOME	NOME	CICLO	DATA CONSEGUIMENTO DOTTORATO	TITOLO TESI
GUZZI	PIETRO HIRAM	XX	gen-08	Modelling, data management and analysis in Proteomics and Interactomics
CALABRESE	BARBARA	XXIV	lug-12	Application of signal processing techniques in medicine: towards embedded systems for assistive technology and diagnosis
AGAPITO	GIUSEPPE	XXV	set-13	Integration, Analysis and Efficient Visualization of Biological Data
SARICA	ALESSIA	XXVII	mar-15	Advanced Machine Learning and Data Mining techniques for Knowledge Discovery from Neuroimaging

E' stato relatore di 2 tesi di Dottorato di Ricerca in **Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse**, riportate di seguito:

COGNOME	NOME	CICLO	DATA CONSEGUIMENTO DOTTORATO	TITOLO TESI
ZUCCO	CHIARA	XXXII	26/03/2020	SENTIMENT ANALYSIS: METHODS, TECHNIQUES AND APPLICATIONS IN HEALTHCARE
SETTINO	MARZIA	XXXIII	29/04/2021	NOVEL METHODS AND TOOLS FOR INTEGRATIVE BIOINFORMATICS

7.2 RESPONSABILITA' DI PROGETTI DIDATTICI

Mario Cannataro è stato Responsabile Scientifico per vari progetti didattici, ammessi al finanziamento sulla base di bandi competitivi che prevedano la revisione tra pari. Di seguito è indicato il periodo del progetto, il nome del progetto, la durata del progetto, il ruolo svolto nel progetto.

- 2022-2023, **Responsabile del Protocollo di Intesa tra l'Università di Catanzaro e il Ministero della Funzione Pubblica, per la realizzazione del progetto PA 110 e Lode**, che consente iscrizione semplificata degli studenti dipendenti pubblici ai corsi di laurea e alta formazione;
- 2018-2019, **INGEGNERIA.POT -Extended to 2020/2021**. Piani Orientamento e Tutorato 2018-2019, Fina ziato dal MUR.
- 10-28 Gennaio 2015, **FULBRIGHT SPECIALIST PROGRAM, Project ID: 6289**, Discipline: Information Technology-Computer Science. Referente scientifico per il progetto di mobilità internazionale Fulbright, nell'ambito del quale la Prof.ssa Angela Shiflet (Wofford College, Spartanburg, SC USA), FULBRIGHT SPECIALIST nel settore Computational Sciences, è stata ospite presso l'Università di Catanzaro, Laboratorio di Bioinformatica, dove ha tenuto varie riunioni di ricerca e numerosi corsi/seminari rivolti agli studenti di Dottorato e dei Corsi di Laurea in Ingegneria. Durata 1 mese. Referente Scientifico UniCZ
- Giugno 2013 - Settembre 2014, Piano di azione coesione (PAC) del MIUR - Programma Messaggeri della Conoscenza. Referente Scientifico per il progetto didattico ID 443 - **"Calcolo scientifico parallelo basato su Grid e Cloud Computing per applicazioni di bioingegneria, bioinformatica e biomedicina."**, Durata 16 mesi. Referente Scientifico UniCZ
- 2004-2005, Coordinatore per l'Università di Catanzaro e componente del Comitato Tecnico Scientifico del progetto di formazione IFTS **"Sicurezza delle reti ICT"**, attuato da Istituto IPSIA 'G. Ferraris' di Catanzaro. Durata 12 mesi. Resp. scientifico UniCZ
- 2004-2005, Coordinatore per l'Università di Catanzaro e componente del Comitato Tecnico Scientifico del progetto di formazione IFTS **"Tecnico superiore per le telecomunicazioni"**, Istituto Professionale Maresca di Catanzaro. Durata 12 mesi. Resp. scientifico UniCZ
- 1996-1997, E' stato responsabile tecnico-scientifico di un programma di **Sperimentazione dei Network Computer nelle scuole italiane**, condotto congiuntamente dal Ministero della Pubblica Istruzione e da Telecom Italia.

7.3 RESPONSABILITA' DI ACCORDI DI MOBILITA' ERASMUS

Mario Cannataro è responsabile dei seguenti Accordi Erasmus tra l'Università di Catanzaro e le Università:

- Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid (SP) dall'A.A. 2017/2018 ad oggi;
- University of Reading, Reading (UK), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
- University of Groningen, Groningen (NL), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
- University of Vilnius, Vilnius (LT), dall'A.A. 2015/2016 ad oggi;
- AGH University of Science and Technology, Cracovia (PL) dall'A.A. 2012/2013 ad oggi;

7.4 INSEGNAMENTI TENUTI PRESSO L'UNIVERSITA' DI CATANZARO

A.A. 2021/2022 (4 insegnamenti, 19 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)
- Sistemi Operativi e Reti di Calcolatori nel C.I. Sistemi Operativi, Reti e Programazione (3 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica (1 CFU)

A.A. 2020/2021 (4 insegnamenti, 19 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)
- Sistemi Operativi e Reti di Calcolatori nel C.I. Sistemi Operativi, Reti e Programazione (3 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica (1 CFU)

A.A. 2019/2020 (3 insegnamenti, 16 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica (1 CFU)

A.A. 2018/2019 (4 insegnamenti, 17 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica (1 CFU)

[L/SNT2] Professioni Sanitarie della Riabilitazione - Fisioterapia

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Mezzi Fisici e Tecnologici in Riabilitazione (1 CFU)

A.A. 2017/2018 (3 insegnamenti, 17 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica (1 CFU)

[L/SNT2] Professioni Sanitarie della Riabilitazione - Fisioterapia

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Mezzi Fisici e Tecnologici in Riabilitazione (1 CFU)

A.A. 2016/2017 (3 insegnamenti, 16 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM9] CdLM in Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche (1 CFU)

- Sistemi di elaborazione delle informazioni nel C.I. Genomica, proteomica e metabolomica

A.A. 2015/2016 (2 insegnamenti, 15 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

A.A. 2014/2015 (4 insegnamenti, 21 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (III anno, 6 CFU)

[LM21] CdLM in Ingegneria Biomedica

- Infrastrutture di Calcolo e Algoritmi Efficienti per la Biologia e Medicina (9 CFU)

[LM-41] CdLM in Medicina e Chirurgia

- C.I. Fisica, Informatica e Statistica (Corso A-L), Modulo di Informatica (6 CFU su un totale di 9)

[LM-46] CdLM in Odontoiatria e Protesi Dentaria

- C.I. Scienze fisiche, informatiche e statistiche, Modulo di Informatica (2 CFU su un totale di 7, mutuato dal corso di Medicina)

A.A. 2013/2014 (4 insegnamenti, 15 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)

- Bioinformatica (III anno, 6 CFU)

[L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE 2):

- C.I. Abilità' informatico linguistiche o competenze medico linguistiche - Modulo di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni III anno (3 CFU su totale 8 CFU) -
- [L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE 3):
- C.I. Abilità' informatico linguistiche o competenze medico linguistiche - Modulo di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni III anno (3 CFU su totale 8 CFU) -
- [L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE 4):
- C.I. Abilità' informatico linguistiche o competenze medico linguistiche - Modulo di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni III anno (3 CFU su totale 8 CFU) -

A.A. 2012/2013 (2 insegnamenti, 12 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04)
 Fondamenti di Informatica II (I anno, 6 CFU)
 Bioinformatica (III anno, 6 CFU)

A.A. 2011/2012 (6 insegnamenti, 19 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04):

- Fondamenti di Informatica II (6 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):

- Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

[LM-41] Medicina e chirurgia (D.M. 270/04):

- Informatica II anno (2 CFU su totale 6 CFU)

[46/S] Specialistica in Medicina e Chirurgia (D.M. 509/99): -

- Informatica e Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (2 CFU su totale 6 CFU)

[L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE):

- Informatica I anno (1 CFU su totale 3 CFU)
- Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU)

A.A. 2010/2011 (6 insegnamenti, 19 CFU)

[L-8] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04):

- Fondamenti di Informatica II (6 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99): -

- Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU) -
- Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

[L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE): -

- Informatica I anno (1 CFU su totale 3 CFU) -
- Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU)

[L-2] Biotecnologie delle Produzioni Animali: -

- Informatica I anno (1 CFU su totale 3 CFU)

A.A. 2009/2010 (8 insegnamenti, 20 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):

- Fondamenti di Informatica II (5 CFU)
- Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU)
- Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

[46/S] Specialistica in Medicina e Chirurgia (D.M. 509/99): -

- Informatica e Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (1 CFU su totale 3 CFU)

[L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE): -

- Informatica I anno (1 CFU su totale 3 CFU) -
- Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU) [1]

[1] Corso di Laurea in Biotecnologie (D.M. 509/99):

- Informatica II anno (1 CFU su totale 3 CFU) -
- Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU)

A.A. 2008/2009 (8 insegnamenti, 24 CFU)

[26/S] Specialistica in Ingegneria Biomedica:

- Bioinformatica (5 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):

- Fondamenti di Informatica II (5 CFU) -
- Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU) -

- Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)
- [L/SNT2] Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE):
- Informatica I anno (1 CFU su totale 3 CFU) -
 - Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU)
- [1] Corso di Laurea in Biotecnologie:
- Informatica II anno (1 CFU su totale 3 CFU) -
 - Informatica III anno (1 CFU su totale 3 CFU)

A.A. 2007/2008 (7 insegnamenti, 31 CFU)

- [35/S] Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari:
- Bioinformatica (5 CFU):
 - Laboratorio di Bioinformatica (3 CFU)
 - Griglie e Sistemi di Elaborazione Ubiqui (8 CFU)
- [26/S] Specialistica in Ingegneria Biomedica:
- Bioinformatica (5 CFU, mutuato dal corso di Ingegneria 35/S)
- [9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):
- Fondamenti di Informatica II (5 CFU)
 - Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU)
 - Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

A.A. 2006/2007 (7 insegnamenti, 31 CFU)

- [35/S] Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari:
- Bioinformatica (5 CFU):
 - Laboratorio di Bioinformatica (3 CFU)
 - Griglie e Sistemi di Elaborazione Ubiqui (8 CFU)
- [26/S] Specialistica in Ingegneria Biomedica:
- Bioinformatica (5 CFU, mutuato dal corso di Ingegneria 35/S)
- [9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):
- Fondamenti di Informatica II (5 CFU)
 - Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU)
 - Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

A.A. 2005/2006 (7 insegnamenti, 31 CFU)

- [35/S] Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari:
- Bioinformatica (5 CFU):
 - Laboratorio di Bioinformatica (3 CFU)
 - Griglie e Sistemi di Elaborazione Ubiqui (8 CFU)
- [26/S] Specialistica in Ingegneria Biomedica:
- Bioinformatica (5 CFU, mutuato dal corso di Ingegneria 35/S)
- [9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):
- Fondamenti di Informatica II (5 CFU)
 - Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU)
 - Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

A.A. 2004/2005 (6 insegnamenti, 23 CFU)

- [35/S] Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari
- Bioinformatica (5 CFU) -
 - Laboratorio di Bioinformatica (3 CFU)
- [26/S] Specialistica in Ingegneria Biomedica:
- Bioinformatica (5 CFU, mutuato dal corso di Ingegneria 35/S)
- [9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99): -
- Fondamenti di Informatica II (5 CFU) -
 - Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU) -
 - Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

A.A. 2003/2004 (3 insegnamenti, 15 CFU)

- [9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99):
- Fondamenti di Informatica II (5 CFU) -

- Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU) -
- Impianti di Elaborazione e Laboratorio (7 CFU)

A.A. 2002/2003 (2 insegnamenti, 8 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99): -

- Fondamenti di Informatica II (5 CFU) -
- Fondamenti di telecomunicazioni e Reti (3 CFU su totale 10 CFU)

A.A. 2001/2002 (1 insegnamenti, 5 CFU)

[9] Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 509/99): -

- Fondamenti di Informatica II (5 CFU) - In qualità di Professore a contratto, essendo dipendente CNR.

7.5 PARTECIPAZIONE COMMISSIONI ESAMI - UNIVERSITA' DI CATANZARO

Per ognuno degli insegnamenti tenuti presso l'Università di Catanzaro, Mario Cannataro ha presieduto la Commissione di Esame e ha svolto gli esami di profitto.

7.6 INSEGNAMENTI TENUTI PRESSO ALTRE UNIVERSITA'

A.A. 2009/2010

Università della Calabria, Facoltà di SS.MM.FF.NN.,
[LM-18] Magistrale in Informatica

- Reti e sicurezza informatica (3 CFU) - Supplenza

A.A. 2008/2009

Università della Calabria, Facoltà di SS.MM.FF.NN.,
[23/S] Specialistica in Informatica

- Reti e sicurezza informatica (3 CFU) - Supplenza

A.A. 2007/2008

Università della Calabria, Facoltà di SS.MM.FF.NN.,
[23/S] Specialistica in Informatica

- Reti e sicurezza informatica (3 CFU) - Supplenza

A.A. 2006/2007

Università della Calabria, Facoltà di SS.MM.FF.NN.,
[23/S] Specialistica in Informatica -

- Reti e sicurezza informatica (3 CFU) - Supplenza

A.A. 2005/2006

Università della Calabria, Facoltà di SS.MM.FF.NN.,
[23/S] Specialistica in Informatica -

- Reti e sicurezza informatica (3 CFU) - Supplenza

A.A. 2002/2003

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
[9] Ingegneria Elettronica (D.M. 509/99): -

- Calcolatori Elettronici (5 CFU) - Supplenza

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
[9] Ingegneria Gestionale (D.M. 509/99): -

- Sistemi di Elaborazione in Rete (4 CFU) - Supplenza

A.A. 2001/2002

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
[9] Ingegneria Elettronica (D.M. 509/99): -

- Calcolatori Elettronici (5 CFU) - Professore a contratto

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,

Corso di Diploma Universitario in Ingegneria Informatica -
• Reti di Calcolatori - Professore a contratto
Università di Napoli "Federico II", Facoltà di SS.MM.FF.NN,
Corso di Diploma in Informatica: -
• Basi di Dati e Sistemi Informativi - Professore a contratto

A.A. 2000/2001

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
Corso di Diploma Universitario in Ingegneria Informatica -
• Reti di Calcolatori - Professore a contratto

A.A. 1999/2000

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
Corso di Diploma Universitario in Ingegneria Informatica -
• Reti di Calcolatori - Professore a contratto

A.A. 1998/1999

Università della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
Corso di Diploma Universitario in Ingegneria Informatica -
• Reti di Calcolatori - Professore a contratto

A.A. 1994/1995

Università degli Studi della Calabria, Facoltà di Ingegneria,
Diploma di Ingegneria Informatica ed Automatica: -
• Tutor per il corso di Sistemi Operativi

7.7 PARTECIPAZIONE COMMISSIONI ESAMI - ALTRE UNIVERSITA'

Per ognuno degli insegnamenti tenuti presso l'Università della Calabria o l'Università "Federico II" di Napoli, Mario Cannataro ha partecipato o ha presieduto la Commissione di Esame e ha svolto gli esami di profitto.

7.8 VALUTAZIONE DELLA DIDATTICA

La valutazione delle attività didattiche del prof. Mario Cannataro, comunicata dagli uffici preposti, è mediamente in linea alla valutazione media di Ateneo.

8 CONSEGUIMENTO DI PREMI E RICONOSCIMENTI PER L'ATTIVITÀ SCIENTIFICA

2013 - Best Poster Award conferito al seguente poster presentato alla ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics (ACM BCB 2013), 22-25 September 2013, Bethesda, Washington D.C., USA. <http://www.cse.buffalo.edu/ACM-BCB2013/>

- Guzzi PH, Truglia S, Milano M, Veltri P, Cannataro M (2013). Modularity and community detection in Semantic Similarity Networks through Spectral Based Transformation and Markov Clustering. In: BCB'13: Proceedings of the International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics. p. 652, New York:ACM, ISBN: 9781450324342, Washington DC, 2013, doi: 10.1145/2506583.2506658

2010: Winner of the C.R.E.S.C.I.T.A. Competition, project idea EASYANALYSIS (Making Biomedical Analysis Simpler).

2009: 7th place (out of 38 ideas admitted to final selection) at StartCupCalabria-2009, project idea VASCUSIM (Vascular Simulation and Imaging).

2008: Winner of the C.R.E.S.C.I.T.A. Competition, project idea "VASCUSIM (Vascular Simulation and Imaging): a

software for the characterization and simulation of blood flow".

9 ACQUISIZIONE DI FINANZIAMENTI SU BANDI COMPETITIVI

TOTALE FINANZIAMENTI ACQUISITI: 3.381.369 Euro;

- 2022-2025, PNRR - Ecosistemi per l'Innovazione - Tech4You - Technologies for climate change adaptation and quality, Spoke 6 - Digital transformation and technology transfer. Budget UNICZ: 700.000 €
- 2018-2019, SENTIMENT ANALYSIS. Budget UNICZ: 20.000 €
- 2018-2019, INGEGNERIA.POT -Extended to 2020/2021. Budget UNICZ: 40.000 €
- 2017-2019, POR SELINA; 24 months. Budget UNICZ: 133.761 €
- 2013-2016, PON BA2Know - "Business Analytics to Know" PON03PE_00001_1 27 months extended up to 36 months. Budget UNICZ: 149.951 €
- 2012-2015, PON04a2_D - "DICET - INMOTO - (OR.C.HE.S.T.R.A.)", 36 months. Budget UNICZ: 2.085.257 €
- 2013-2015, POR EASYDOC, 24 months. Budget UNICZ: 108.000 €
- 2013-2014, PAC MIUR - Project ID 443, 15 months, Budget UNICZ: 53.200 €.
- 2011-2012, POR Health Knowledge Mining Suite, 12 months. Budget UNICZ: 20.000 €
- 2009-2012, ICT-SUD, 36 months. Budget UNICZ: 40.000 €
- 2015 - Fulbright Specialist Prof. Angela Shiflet (USA), spent a month at University of Catanzaro where she held several courses on Computational Sciences to Ph.D and M.Sc. students.
- 2007-2008, Lab. Tecnologico MESSIAH, Azione 4, 18 months, 32.000 €
- 2005-2007, Lab. Tecnologico LOGICA, 24 months, 73.500 €
- 2005-2007, Lab. Tecnologico MESSIAH, Azione 2, 24 months, 45.000 €
- 2004-2005, P2P-CKMS-SSDM, 18 months, 27.000€
- 2002-2005, MIUR-FIRB GRID.IT, 24 months (extended 12 months), 39.000 €

10 COMPETENZE GESTIONALI

Mario Cannataro ha acquisito notevoli competenze gestionali, sia in virtù di incarichi gestionali presso l'Università di Catanzaro, presso alcune aziende spin-off nel settore ICT e presso l'ICAR-CNR, sia in quanto responsabile scientifico di numerosi progetti di ricerca e didattica descritti in apposite sezioni del curriculum.

10.1 INCARICHI GESTIONALI PRESSO L'UNIVERSITÀ DI CATANZARO

Anno	Tipologia di incarico gestionale
Dal 19/12/2017 ad oggi	Consigliere di Amministrazione dell'Università di Catanzaro
Dal 7/3/2017 ad oggi	Responsabile del Centro di Ricerca "Data Analytics" dell'Università di Catanzaro
Dall'A.A. 2017/2017 ad oggi	Responsabile Accordo Erasmus tra l'Università di Catanzaro e Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid (SP)
2022-oggi	Responsabile del Protocollo di Intesa PA 110 e Lode tra l'Università di Catanzaro e il Ministero della Funzione Pubblica.
Dall'A.A. 2012/2013 ad oggi	Responsabile Accordo Erasmus tra l'Università di Catanzaro e AGH University of Science and Technology, Cracovia (PL);
Dall'A.A. 2015/2016 ad oggi	Responsabile Accordo Erasmus tra l'Università di Catanzaro e University of Reading, Reading (UK)
Dall'A.A. 2015/2016 ad oggi	Responsabile Accordo Erasmus tra l'Università di Catanzaro e University of Groningen, Groningen (NL)

Dall'A.A. 2015/2016 ad oggi	Responsabile Accordo Erasmus tra l'Università di Catanzaro e University of Vilnius, Vilnius (LT)
2007 – oggi	Access Port Administrator (APA) GARR per l'Università di Catanzaro ; Nota Rettore 5/9/2014 e Nota Direttore GARR Prot. U/24-15/CG del 13/1/2015.

11 PUBBLICAZIONI

Le pubblicazioni di Mario Cannataro indicizzate su Scopus comprendono i seguenti libri

1. Mario Cannataro et al. (Eds) **Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology**, Elsevier, USA
2. - M. Cannataro et al., **Artificial Intelligence in Bioinformatics**, Elsevier, 2022
3. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, **Data Management of Protein Interaction Networks**, Wiley-IEEE Computer Society Press, Wiley Book Series on Bioinformatics, USA (December 2011). <http://eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-0470770406.html>. ISBN-10: 0470770406, ISBN-13: 978-0470770405.
4. Cannataro M. (Editor), **Computational Grid Technologies for Life Sciences, Biomedicine and Healthcare**, Medical Information Science Reference, IGI Global Press, Hershey, USA, May 2009. <http://www.igi-global.com/book/handbook-research-computational-grid-technologies/450>. ISBN: 978-1-60566-374-6
5. Cannataro M., Spezzano G., Talia D., **Programmazione Logica e Architetture Parallele**, Franco Angeli (MI), 1993. http://www.francoangeli.it/Ricerca/Scheda_Libro.asp?ID=920, ISBN 10: 8820480417, ISBN 13: 9788820480417. (IN ITALIAN)

La lista complete delle pubblicazioni di è disponibile su:

- <http://scholar.google.it/citations?user=maA8fKEAAAAJ>
- <https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=6603766091>

Il sottoscritto Prof. Mario Cannataro, ai sensi degli artt. 46 e 47 del D.P.R. n. 445/2000 e consapevole che le dichiarazioni mendaci sono punite ai sensi del codice penale e delle leggi speciali in materia, secondo le disposizioni richiamate dall'art. 76 del D.P.R. 445/00, dichiara che quanto rappresentato e dichiarato nel proprio Curriculum Vitae corrisponde al vero.

Catanzaro, 18 Luglio 2023

Prof. Mario Cannataro



Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Reg. (UE) n. 679/2016.

Catanzaro, 18 Luglio 2023

Prof. Mario Cannataro

