

Curriculum Vitae et Studiorum di **Pietro Hiram Guzzi**

Professore Ordinario SSD IINF-05/A G.S.D. 09/IINF-05, Sistemi di Elaborazione delle
Informazioni (gia ING-INF/05 S.C. 09/H1)
AUTOCERTIFICAZIONE (rilasciata ai sensi del D.P.R. n. 445 del 28.12.2000 e ss.mm.ii.)

1 Dichiarazioni

Il sottoscritto Pietro Hiram Guzzi, nato a [REDACTED] consapevole, ai sensi dell'art. 76 del D.P.R. n. 445/2000, delle responsabilità e sanzioni, previste dal codice penale e dalle leggi speciali in materia, in caso di dichiarazioni mendaci e formazione o uso di atti falsi, ed assumendone piena responsabilità ai sensi degli artt. 46 e 47 del citato D.P.R. n. 445/200; con riferimento alla richiesta di partecipazione per la nomina fintre componenti in seno al Consiglio di Amministrazione per la parte residua del triennio, DICHIARA:

- che le informazioni rese nel seguente curriculum corrispondono al vero
- di impegnarsi a rimuovere eventuali cause di incompatibilità che dovessero essere segnalate
- di ricoprire attualmente la posizione di esperto sistemista per ANVUR (incarico temporaneo)
- di essere consigliere comunale del comune di Miglierina

Informazioni Personali

Nome e Cognome	Pietro Hiram Guzzi
Data di Nascita	28 Febbraio 1980
Luogo di Nascita	Civitavecchia
Cittadinanza	Italiana
Residenza	via Indipendenza, 11 88068 Soverato
Indirizzo professionale	Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche (DSMC), viale Europa, Università Magna Graecia di Catanzaro
tel.	+393478635096
email	hguzzi@unicz.it
Lingue straniere	Inglese e Francese (entrambe parlato e scritto)

2 Esperienze Gestionali

- Sindaco del comune di Miglierina (2019-2024)
- consigliere di amministrazione del GAL Due Mari
- Membro Autorità Idriva Calabria (2020-2024)
- Membro del Consiglio Regionale delle Autonomie Locali della Calabria (2016-2020)

- Esperto disciplinare Anvur
- Esperto Sistemista anvur (incarico in corso)

3 Breve Presentazione

Il Prof. Guzzi dirige le attività di Ricerca principalmente inerenti la modellazione e l'uso di Grafi e Reti e Network Science applicate in particolare a dati di interesse biomedicale. Il Prof. Guzzi nelle sue attività scientifiche è responsabile di un gruppo di ricerca che include un professore associato (Marianna Milano) e quattro dottorandi di ricerca (Annamaria De Filippo, II anno, Ugo Lomoio III anno, Fabiola Boccuto III anno, Valentina Carbonari I anno), i quali contribuiscono attivamente agli obiettivi di ricerca e sviluppo del gruppo.

Il team ha conseguito risultati innovativi in diversi ambiti chiave della network analysis. Tra questi, spiccano: (i) lo sviluppo di nuove metodologie per l'allineamento delle reti; (ii) l'introduzione di algoritmi avanzati per l'analisi di reti biologiche, (iii) l'integrazione di dati eterogenei tramite modelli basati su grafi. Queste ricerche hanno contribuito in maniera significativa nel panorama di ricerca internazionale, soprattutto nelle tematiche di applicazione e manipolazione di complessi sistemi biologici a livello molecolare, con evidenti ricadute applicative proprie del SSD di appartenenza nell'ambito del scienze della vita.

Il gruppo guidato dal Prof Guzzi sta contribuendo, inoltre, allo studio ed applicazione di modelli di Graph Neural Networks (GNNs) e di intelligenza artificiale, per l'analisi delle reti biologiche anche attraverso approcci di apprendimento profondo. Questa nuova direzione di ricerca mira a sviluppare modelli che possono predire con maggiore precisione le interazioni tra i diversi componenti biologici, migliorando così le strategie di diagnosi e trattamento.

Infine, grazie all'esperienza ed alle collaborazioni pluriennali anche attraverso la partecipazione nell'organizzazione di eventi internazionali, il Prof. Guzzi garantisce al gruppo di ricerca, partnership con istituzioni accademiche nazionali ed internazionali (tra i quali, Università di Notre Dame, Sikkim University, Nuclear Science Institute - IRAN- l'Università di Cambridge, l'Università della Georgia Tech) che garantiscono agli studenti di dottorato la possibilità di poter trascorrere periodi all'estero presso centri prestigiosi. Inoltre, grazie alle collaborazioni in ambito medico clinico e biologico in atto presso i dipartimenti dell'Università di Catanzaro ed il policlinico universitario, il gruppo guidato dal Prof Guzzi mantiene collaborazioni ad esempio con l' Unità operative di Cardiologia, di Oncologia e Biologia Molecolare.

4 Indicatori bibliometrici, titoli e posizioni ricoperte (sintesi)

Indicatori Scopus: 304 Pubblicazioni; 3.687 Citazioni totali; h-index: 35.

Indicatori Google Scholar: 452 Pubblicazioni; 5310 Citazioni totali; H-Index: 41.

Orcid ID: <https://orcid.org/0000-0001-5542-2997>

26 Luglio 2018 Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di professore universitario di prima fascia nel Settore Concorsuale 09/H1 - SISTEMI DI ELABORAZIONE DELLE INFORMAZIONI (oggi SSD GSD IINF-05A.)

23 Gennaio 2015 Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di professore universitario di seconda fascia nel Settore Concorsuale 09/H1 - Sistemi di Elaborazione delle Informazioni.

Pubblicazioni Scientifiche Autore di 304 articoli scientifici indicizzati sulla banca dati SCOPUS, di cui 125 articoli su riviste internazionali tutti di interesse del SSD di appartenenza, 15 articoli review su giornali prestigiosi e propri del settore, 144 articoli pubblicati in atti di convegno internazionale soggetti sempre a peer review. E' autore di 3 libri di interesse internazionale su tematiche proprie del SSD, ha curato come editore 3 libri con visibilità internazionale. E' autore di 10 capitoli di libri, 4 Editoriali di riviste internazionali.

Relatore di oltre cento tesi per i corsi di laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica, Ingegneria Biomedica, ed alcune anche per laureandi dei corsi di laurea in Infermieristica e Biotecnologie.

5 Curriculum in breve

- **Posizione Attuale**, Professore Ordinario di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (IINF-05) presso il Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, Università di Catanzaro;
- **Dicembre 2016** , Professore Associato di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (IINF-05) presso il Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, Università di Catanzaro;
- **Ottobre 2008 - Dicembre 2016**, Ricercatore a tempo indeterminato, SSD Ing-Inf/05 di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (oggi IINF-05) presso il Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, Università di Catanzaro;
- **Aprile 2024 - ad oggi** Membro designato dal MUR per il Comitato *IGF Italia (Internet Governance Forum)*;
- **Ottobre 2024- ad oggi** Componente della commissione ANVUR - Agenzia Nazionale Valutazione Universitaria - per la valutazione delle performance degli Atenei Italiani;
- **30 Gennaio 2025** Esperto di Sistema per ANVUR - Agenzia Nazionale Valutazione Universitaria - per la valutazione delle performance degli Atenei Italiani;
- **Novembre 2022 - ad oggi** Componente del Collegio dei Docenti del corso di Dottorato di Ricerca in Intelligenza Artificiale Ingegneria Biomedica ed Informatica (XXXIX e XL ciclo), attualmente Responsabile Scientifico di 2 dottorandi (XXXIX ciclo e XL Ciclo);
- **Novembre 2015-Ottobre 2022** Componente del Collegio dei Docenti del corso di Dottorato di Ricerca in Medicina Digitale (tutor di due dottorandi e co-tutor di due dottorandi per il XXXVIII ciclo);
- **Novembre 2023 - ad oggi** Coordinatore del Presidio della Qualità dell' Università di Catanzaro;
- **Marzo 2013 - Novembre 2023** Componente del Presidio della Qualità dell'Università di Catanzaro;

- **Febbraio 2024 - ad oggi** Coordinatore della Commissione Assicurazione della Qualità del Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche;
- **Dicembre 2022 - Aprile 2023** Vicepresidente del Consiglio di Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica Università di Catanzaro;
- **Gennaio 2020 -Dicembre 2022** Membro del Consiglio direttivo dello SBA, Sistema Bibliotecario di Ateneo Università di Catanzaro;
- **Dall’A.A. 2008-2009 ad oggi** Docente di corsi propri del SSD di appartenenza nei corsi di laurea in Ingegneria Biomedica (LM21), Ingegneria Informatica e Biomedica (classe L8), quali: Tecniche Avanzate di Bionformatica (6CFU), Fondamenti di Informatica (9CFU), Data Mining ed Intelligenza Artificiale (la lista completa dei corsi è riportata nella Sezione 8);
- **Dall’A.A. 2008-2009 - ad oggi** Docente di Informatica di base e per la medicina nei corsi di Laurea in Medicina e Chirurgia, Professioni Sanitarie e Biotecnologie;
- **Dal 2021 ad oggi** IEEE Senior Member, ACM Professional Member, Socio della SICC, Società di Complessità e Caos; Socio della Società Network Science Society dal 2020; Socio SIBIM, Società Scientifica Italiana Informatica Biomedica dal 2020; Socio BITS, Società Italiana di Bioinformatica dal 2010;
- **2007 - Dottorato di Ricerca in Ingegneria Informatica e Biomedica** conseguito nel 2007 presso Università di Catanzaro con una tesi dal titolo *Modelling, Data Management and Analysis in Proteomics and Interactomics*
- **2004** Laurea cum Laude in Ingegneria Informatica presso Università della Calabria, titolo della tesi, *Algoritmi in Bioinformatica, Stato dell’Arte e sperimentazione dell’algoritmo di Smith e Waterman.*
- Responsabile scientifico di progetti di ricerca finanziati su bandi competitivi nazionali e regionali insieme ad aziende in ambito ICT ed in ambito informatica medica e biomedicale;
- Co-fondatore di Easyanalysis s.r.l., una società start-up innovativa per il trasferimento tecnologico dei risultati della ricerca in ambito bioinformatico.

6 Principali risultati nel Settore Scientifico Disciplinare

L’attività di ricerca di il Prof. Guzzi è stata supportata quasi sempre dallo sviluppo di sistemi a supporto dei risultati scientifici ma anche a disposizione della comunità accademica e medico clinica. Si riportano alcuni dei sistemi sviluppati a supporto dei risultati scientifici propri nel dominio proprio del settore scientifico disciplinare di appartenenza:

- Algoritmi di allineamento locale di reti eterogenee biologiche e sociali sviluppati anche in collaborazione con gruppi di ricerca internazionali, quali: algoritmo L-HETNETALIGNER; algoritmo k-Densest -Alignment; algoritmo GL-ALIGN; algoritmo DCS-Extraction;
- Algoritmi e metodi di analisi di reti differenziali e la loro applicazione nel dominio biomedicale disponibili su piattaforma githubc [https://github.com/hguzzi/DiabetesAging.](https://github.com/hguzzi/DiabetesAging;);

- Software basato su algoritmi innovativi sviluppati per l'analisi di reti differenziali causali (DCN Differential Causal Networks) disponibili su piattaforma github: <https://github.com/hguzzi/DifferentialCausalNetworks>.;
- Algoritmi e soluzioni basati su reti per la modellazione dei pazienti e la stratificazione delle loro condizioni cliniche mediante graph neural networks <https://github.com/hguzzi/iatriage>.git.;
- Modelli per la prioritizzazione delle campagne vaccinali basate su diffusione delle malattie rappresentate mediante grafi, sviluppati in un prototipo di ricerca disponibile su piattaforma GitHub all'indirizzo <https://github.com/mazzalab/playgrounds>;
- Algoritmi efficienti per l'analisi di dati e l'estrazione di regole associative nel dominio della farmacogenomica;
- Algoritmi per l'estrazione di regole associative pesate da annotazioni di dati biologici estratte da ontologie di dominio;

Le attività di ricerca svolte nella lunga carriera scientifica hanno portato inoltre allo sviluppo di prototipi di ricerca messi a disposizione della comunità scientifica, e validati anche da altri ricercatori che hanno usufruito dei software dimostrando l'efficacia dei risultati scientifici conseguiti. Tra questi :

- **DCAE-SR**: che implementa i risultati di un articolo scientifico pubblicato su Artificial Intelligence in medicine, che riguarda l'uso di autoencoder basato su reti neurali profonde per l'analisi di Dati Elettrocardiografici mediante super-risoluzione, in collaborazione con l'Università di Cambridge, disponibile al link <https://github.com/UgoLomoio/DCAE-SR>;
- **ECG_DSS_CAE**, che implementa i risultati pubblicati sulla rivista Helyon nel 2025 e che riguarda l'uso di un sistema per l'analisi di dati elettrocardiografici a 12 canali per l'analisi di segnali ECG. Tool sviluppato anche in collaborazione l'unità di Cardiologia dell'Università di Catanzaro;
- **PCN-MINER** che implementa i risultati scientifici pubblicati sulla rivista Bioinformatics, e che mette a disposizione della comunità uno strumento per l'estrazione di conoscenza e l'analisi delle strutture tridimensionali delle proteine basate su reti per la modellazione di strutture, algoritmi su grafi e network embedding per l'analisi, disponibile all'indirizzo <https://github.com/hguzzi/ProteinContactNetworks>.
- **GTEX-Visualiser**, un sistema web per l'analisi di dati trascrittomici e l'individuazione di meccanismi differenziali per età e sesso, che implementa i risultati scientifici inerenti la correlazione tra fasce di età e patologie genomiche, disponibile all'indirizzo <https://gtexvisualizer.herokuapp.com/>
- I risultati della ricerca su patologie dismetaboliche sono stati implementati in un prototipo basato su Gated Recurrent Neural Networks per la predizione dei valori di glicemia nei pazienti affetti da diabete mellito di tipo 1 https://github.com/rafgia/attention_to_glycemia).

7 Principali Linee di Ricerca

L'attività di ricerca si contraddistingue in attività di tipo multidisciplinare, grazie a collaborazione con biologi, medici e altri scienziati computazionali, sottolineando l'importanza di un approccio interdisciplinare nella ricerca biomedica moderna.

Le ricerche del professore Guzzi, si posizionano all'incrocio tra la scienza delle reti e la bioinformatica, con un forte impatto sulle applicazioni biomedicale, contribuendo significativamente alla comprensione delle complesse interazioni biologiche e al loro impatto sulla salute umana.

Le linee di ricerche si sviluppano su diverse tematiche di ricerca proprie del SSD di appartenenza. Di seguito si riportano alcune linee con relativi risultati scientifici.

7.1 Analisi di Reti e Grafi

Il Prof. Guzzi ha apportato contributi significativi nel campo dell'analisi delle reti, particolarmente rilevanti nei settori dell'allineamento locale di reti, dell'integrazione di dati tramite reti e dello sviluppo di algoritmi di analisi di reti [1, 2, 3]. La sua ricerca ha avuto ricadute nell'ambito della biologia computazionale e della medicina [4, 5], contribuendo a nuove comprensioni e metodi innovativi per l'analisi delle complesse interazioni biologiche [6].

Uno dei principali contributi del Prof. Guzzi è stato nello sviluppo di tecniche per l'allineamento locale di reti, anche in collaborazione con i gruppi di ricerca della Georgia Tech University di Atlanta, dell'Università di Notre Dame, della Università della California, che permettono di identificare regioni omologhe tra diverse reti biologiche. Questo approccio ha facilitato la scoperta di similitudini funzionali tra organismi che non sono immediatamente evidenti a livello genetico o proteico. I suoi lavori in questo ambito hanno permesso di mappare le interazioni proteiche trasversali tra specie diverse, offrendo nuove prospettive sulla funzionalità evolutiva e sulla co-evoluzione delle reti biologiche. Inoltre, il Prof. Guzzi ha sviluppato metodologie per l'uso delle reti nell'integrazione di dati eterogenei, un'area di crescente interesse nella ricerca biomedica. Le sue tecniche permettono di combinare diverse tipologie di dati, come espressioni geniche, dati proteomici e interazioni molecolari, in un unico framework analitico. Questo ha migliorato significativamente la capacità di interpretare vasti dataset biologici e di identificare modelli complessi che sono cruciali per la comprensione delle malattie e la loro trattazione.

Il lavoro del Prof. Guzzi sullo sviluppo di algoritmi di analisi di reti ha anche portato a significativi miglioramenti nella capacità di analizzare e manipolare grandi reti biologiche. Alcuni degli algoritmi risultanti dalle attività di ricerca sono stati fondamentali per identificare percorsi biologici chiave e per prevedere le interazioni tra diversi componenti cellulari, con importanti implicazioni per la ricerca sul cancro e altre malattie complesse. Questi algoritmi non solo aumentano la precisione delle analisi, ma offrono anche nuovi strumenti per esplorare la dinamica delle reti biologiche in condizioni normali e patologiche.

Nell'ambito dello studio ed applicazione di modelli basati su reti, una proposta innovativa che ha trovato riscontro nella comunità scientifica [7], riguarda l'uso di meccanismi differenziali per investigare le differenze nei meccanismi sia causali che di associazione tra diversi gruppi [8], ad esempio, confrontando i dati utilizzando il fattore "gender" ovvero condizioni patologiche nel contesto dei dati trascrittomici.

Inoltre, l'applicazione di tecniche di integrazione di diversi tipi di dati biomedici, come dati genetici, trascrittomici e proteomici, per costruire modelli più accurati e dettagliati delle malattie, trovano riscontro nella ricerca nel miglioramento della diagnosi, del trattamento e della prognosi

di varie malattie, anche utilizzando i modelli proposti per l'identificazione di potenziali bersagli terapeutici o biomarcatori.

Un ulteriore contributo riguarda l'interazione proteina-proteina attraverso l'uso di modelli di reti. Questa linea di ricerca si concentra principalmente sull'uso di metodi computazionali per migliorare la comprensione delle reti biologiche e potenziare la robustezza degli allineamenti di rete, sia locali che globali. In questo ambito le attività di ricerca hanno portato a contributi teorici pubblicati su riviste internazionali di prestigio e ad applicazioni degli stessi in collaborazioni con gruppi nazionali ed internazionali. In questo ambito gli interessi di ricerca di il Prof. Guzzi hanno riguardato:

- la definizione e sviluppo di nuovi modelli di *networks of networks* per rappresentare dati multiscale in biologia e medicina [9, 1];
- la definizione di framework a supporto della prioritizzazione dei pazienti basati su reti e graph neural networks [10, 11];
- lo sviluppo di algoritmi basati su reti duali e la loro applicazione in biologia e medicina [12, 13];
- lo sviluppo di algoritmi basati su analisi di reti per la predizione dell'evoluzione delle proteine coinvolte nella infezione da coronavirus [14, 15];
- lo sviluppo di metodologie basate su reti differenziali per la predizione dei diversi fenomeni di invecchiamento e o di progressione di malattie nei diversi sessi [6, 16, 8, 17, 18, 19, 20];
- lo sviluppo di metodologie basate su reti per lo studio di meccanismi causali differenziali [10];

Attraverso la sua ricerca, il Prof. Guzzi ha arricchito il campo dell'analisi delle reti. Le sue collaborazioni con istituzioni accademiche e centri di ricerca internazionali hanno ulteriormente amplificato il suo impatto, rendendo i suoi metodi e scoperte accessibili a un vasto pubblico scientifico globale. Come riconoscimento delle attività svolte, il Prof Guzzi ha curato, il white paper, per l'anno 2024, della Network Science Society. I risultati computazionali conseguiti dall'attività di ricerca hanno trovato applicazione nei seguenti domini biologici.

7.1.1 Definizione di metodologie di analisi di reti per lo studio dei meccanismi filogenetici, evolutivi ed epidemiologici nella pandemia da SARS-CoV-2.

In questo ambito le applicazioni di metodologie di teoria delle reti hanno portato il Prof. Guzzi ad importanti risultati applicativi nei domini dell'epidemiologia e della ricerca bioinformatica sulle malattie infettive.

Analisi dei Meccanismi di Infezione ed Evolutivi

In questo ambito il Prof. Guzzi si è occupato di studiare, all'inizio della pandemia, le possibili origini evolutive del virus e ricostruire le sue relazioni genetiche con altri coronavirus, monitorando come le varianti emergano nel tempo e si diffondano tra popolazioni diverse. L'uso di tecniche filogenetiche, come l'analisi di sequenze genomiche virali, e l'analisi comparativa mediante tecniche di Network Alignment che ha permesso di ricostruire i meccanismi di infezione

pubblicando uno dei primi lavori su scala mondiale che ricostruisce i meccanismi regolatori interessati dai meccanismi di infezione [18, 21], e la costruzione di modelli di analisi delle varianti (ad esempio la variante inglese) [22]. Infine il Prof. Guzzi è stato responsabile delle attività di ricerca inerente la scoperta di relazioni associative tra l'evoluzione della sequenza e quella della struttura [14, 23, 24].

I principali risultati sono stati riportati in :

- Master regulator analysis of the SARS-CoV-2/human interactome PH Guzzi, D Mercatelli, C Ceraolo, FM Giorgi Journal of clinical medicine 9 (4), 982 **Scimago Q1 Highly Cited Publication in web of science**
- Structural genetics of circulating variants affecting the SARS-CoV-2 spike/human ACE2 complex F Ortuso, D Mercatelli, PH Guzzi, FM Giorgi Journal of Biomolecular Structure and Dynamics 40 (14), 6545-6555 **Scimago Q1**;

Analisi Dati in ambito Epidemiologico

In questa fase il Prof. Guzzi ha studiato, in collaborazione con gruppi nazionali ed internazionali, modelli basati su reti per modellare i meccanismi di diffusione del virus si diffonde nelle popolazioni umane e quali fattori (quali ad esempio sesso ed età) influenzano i tassi di infezione, recupero e mortalità [25, 26, 27].

In collaborazione con l'IRCSS Casa Sollievo della Sofferenza e l'Università di Bologna, il Prof. Guzzi ha sviluppato dei modelli matematici basati su reti di contatto per simulare la dinamica di diffusione del virus integrando i modelli i modelli topologici con genomici ed epidemiologici per una comprensione più completa delle dinamiche di trasmissione [17, 28, 29, 30].

Metodologie di Monitoraggio e Sorveglianza Genomica

In questo ambito il Prof. Guzzi si è occupato dello studio di tecniche per monitorare in tempo reale la comparsa di nuove varianti e prevedere potenziali ondate epidemiche future. In collaborazione con l'università Campus Biomedico è stato analizzato il pattern di evoluzione sequenza-struttura della proteina Spike del coronavirus al fine di valutare l'introduzione si potrebbero utilizzare sistemi di intelligenza artificiale e network embedding per analizzare grandi volumi di dati [14, 23, 24]. In questa fase sono stati anche realizzati dei prototipi di ricerca per l'analisi delle strutture delle proteine mediante tecniche indicate come Protein Contact Networks (PCN) pubblicati sulla rivista Bioinformatics [15]. Le PCN sono un formalismo compatto per la rappresentazione mediante un grafo non orientato della struttura tridimensionale delle proteine. Il prototipo sviluppato permette la creazione delle PCN a partire dalle strutture presenti nei database biologici e la loro analisi mediante algoritmi di estrazione di comunità, di clustering e di graph representation learning.

I principali risultati sono condensati nelle seguenti pubblicazioni:

- Guzzi, Pietro Hiram, et al. "Computational analysis of the sequence-structure relation in SARS-CoV-2 spike protein using protein contact networks." Scientific reports 13.1 (2023): 2837. **Scimago Q1**
- Guzzi, P. H., Di Paola, L., Giuliani, A., Veltri, P. (2022). PCN-Miner: An open-source extensible tool for the Analysis of Protein Contact Networks. Bioinformatics, 38(17), 4235-4237. **Scimago Q1**

7.1.2 Definizione di metodologie di analisi dei processi di invecchiamento a livello molecolare modellati usando reti complesse.

In questo campo, le attività di Pietro Hiram Guzzi si sono concentrate sulla definizione di metodologie per l'analisi dei processi di invecchiamento a livello di reti di interazione molecolare e sulle modificazioni della topologia delle reti che contribuiscono all'invecchiamento e sulle variazioni molecolari correlate. Particolare attenzione é stata data alle differenze di tali processi a livello tissutale e a livello di genere [31, 32].

Il Prof. Guzzi ha sviluppato strumenti bioinformatici per analizzare dati omici complessi, come trascrittomica, proteomica e genomica, al fine di identificare biomarcatori di invecchiamento e comprendere l'evoluzione dei processi cellulari nel tempo. In collaborazione con l'Unità operativa di Medicina Interna del Policlinico Universitario, tali metodologie sono state applicate allo studio del Diabete Mellito di Tipo 2 [33, 6]. L'approccio multidisciplinare integra biologia, medicina e informatica, fornendo strumenti per migliorare la comprensione dei cambiamenti molecolari legati all'invecchiamento e rafforzare le strategie di prevenzione e intervento.

La ricerca di Pietro Hiram Guzzi sulla definizione di metodologie per l'analisi dei processi di invecchiamento a livello molecolare si concentra sull'identificazione di meccanismi cellulari e genetici che contribuiscono all'invecchiamento e sulle variazioni molecolari correlate. Guzzi ha sviluppato strumenti bioinformatici per analizzare dati omici complessi, come trascrittomica, proteomica e genomica, al fine di identificare biomarcatori di invecchiamento e comprendere l'evoluzione dei processi cellulari nel tempo [34].

La ricerca di Pietro Hiram Guzzi sulla definizione di metodologie per l'analisi dei processi di invecchiamento a livello molecolare si concentra sull'identificazione di meccanismi cellulari e genetici che contribuiscono all'invecchiamento e sulle variazioni molecolari correlate. Guzzi ha sviluppato strumenti bioinformatici per analizzare dati omici complessi, come trascrittomica, proteomica e genomica, al fine di identificare biomarcatori di invecchiamento e comprendere l'evoluzione dei processi cellulari nel tempo [32]. In particolare, ha lavorato sulla modellazione di reti di interazione molecolare e analisi delle vie metaboliche legate all'invecchiamento, utilizzando tecniche di clustering e reti di co-espressione genica per evidenziare pattern molecolari associati a malattie legate all'età [35]. Questi studi hanno permesso di individuare target terapeutici e biomarcatori utili per promuovere un invecchiamento sano e prevenire l'insorgenza di patologie [6]. L'approccio multidisciplinare integra biologia, medicina e informatica, fornendo strumenti per migliorare la comprensione dei cambiamenti molecolari legati all'invecchiamento e rafforzare le strategie di prevenzione e intervento.

Le principali pubblicazioni in questo ambito sono:

- Detection of pan-cancer surface protein biomarkers via a network-based approach on transcriptomics data D Mercatelli, C Cabrelle, P Veltri, FM Giorgi, PH Guzzi Briefings in Bioinformatics 23 (5), bbac400 **Scimago Q1**
- Analysis of age-dependent gene-expression in human tissues for studying diabetes comorbidities PH Guzzi, F Cortese, GC Mannino, E Pedace, E Succurro, F Andreozzi, P Veltri Scientific Reports 13 (1), 10372 14 2023 **Scimago Q1**
- Differential network analysis between sex of the genes related to comorbidities of type 2 mellitus diabetes PH Guzzi, F Cortese, GC Mannino, E Pedace, E Succurro, F Andreozzi, P Veltri Applied Network Science 8 (1), 36 **Scimago Q1**

7.2 Metodiche di Analisi basate su Reti Neurali Profonde e Graph Neural Networks.

Le Graph Neural Networks (GNN) sono un'architettura di apprendimento automatico progettata per elaborare e analizzare dati strutturati sotto forma di grafi, una struttura che rappresenta relazioni tra entità mediante nodi (o vertici) e connessioni (o archi). Le GNN sfruttano la capacità intrinseca delle reti di rappresentare sistemi complessi e interconnessi, rendendole ideali per catturare le interazioni e le dipendenze nei dati non euclidei. Le GNN si basano su un meccanismo di aggregazione e propagazione dell'informazione attraverso la rete: ogni nodo raccoglie informazioni dai propri vicini e aggiorna il suo stato per catturare meglio il contesto locale e globale. Questo approccio permette di esaltare la struttura relazionale del grafo, dove le connessioni sono altrettanto importanti quanto le caratteristiche dei nodi stessi. Le GNN rappresentano dunque un ponte ideale tra l'intelligenza artificiale e le reti, offrendo strumenti avanzati per interpretare e sfruttare la complessità delle connessioni nei dati reali. In stretta collaborazione con il prof Pietro Lió sono stati definiti dei modelli basati su GNN ed applicati al dominio dell'analisi di segnali in Cardiologia e alla predizione automatica del livello di gravità dei pazienti in attesa al pronto soccorso (Triage).

Ad esempio, nel dominio della Cardiologia, segnali ad alta risoluzione devono essere ridotti per trasmissioni efficienti su canali a bassa larghezza di banda. Qui entra in gioco la super-resolution (SR), una tecnica che consente di ottenere segnali ECG ad alta risoluzione partendo da versioni a bassa risoluzione, facilitando la rilevazione di anomalie cardiache o la classificazione delle aritmie. Per ottenere segnali SR, è necessario utilizzare modelli di deep learning. In questo studio, il Prof. Guzzi ha guidato la definizione e lo sviluppo di un approccio innovativo basato su un Denoised Convolutional AutoEncoder (DCAE), modificato per eseguire ricostruzione, denoising e super-resolution. L'architettura DCAE-SR utilizza due decodificatori: uno per ricostruire i segnali alla frequenza originale e l'altro per generare una versione ad alta risoluzione dei segnali.

I principali risultati sono rappresentati dalle seguenti pubblicazioni:

- Design and use of a Denoising Convolutional Autoencoder for reconstructing electrocardiogram signals at super resolution .U Lomoio, P Veltri, PH Guzzi, P Lió. *Artificial Intelligence in Medicine* 160, 103058 **Scimago Q1**;
- Cardiovascular Risk in HIV Patients: Ageing Analysis of the Involved Genes F Boccuto, S De Rosa, P Veltri, D Torella, PH Guzzi *Applied Sciences* 14 (17), 7526 **Scimago Q1**.

Applicazione di GNN per il Triage dei Pazienti Il triage dei pazienti è un processo cruciale nei reparti di emergenza, poiché garantisce cure tempestive e appropriate attraverso una corretta valutazione del grado di emergenza delle condizioni dei pazienti. I metodi di triage tradizionalmente sono eseguiti da operatori umani che si basano sulla propria esperienza e sulle informazioni raccolte durante il processo di gestione del paziente. Questo approccio, tuttavia, può generare errori nell'associazione dei livelli di emergenza.

I metodi tradizionali di triage, fortemente dipendenti dalle decisioni umane, sono stati oggetto di crescenti critiche per la loro soggettività e la loro vulnerabilità agli errori. In risposta a queste limitazioni, si è sviluppato un interesse crescente verso l'utilizzo dell'intelligenza artificiale (IA) per creare algoritmi in grado di ottimizzare la raccolta delle informazioni e ridurre al minimo gli errori nel processo di triage.

In questo contesto, abbiamo definito e implementato un modulo basato su IA per gestire l'assegnazione dei codici di emergenza nei reparti di pronto soccorso. Questo sistema utilizza dati storici provenienti dai reparti di emergenza per addestrare il processo decisionale medico. I dati includono informazioni rilevanti sui pazienti, come i segni vitali, i sintomi e la storia clinica, e consentono una classificazione accurata dei pazienti nelle categorie di triage.

I risultati sperimentali dimostrano che l'algoritmo proposto raggiunge un'elevata precisione, superando i metodi di triage tradizionali. I risultati della ricerca sono stati pubblicati su *Nature Scientific Reports* [10, 36].

- Leveraging graph neural networks for supporting automatic triage of patients A Defilippo, P Veltri, P Lió, PH Guzzi *Scientific Reports* 14 (1), 12548 **Scimago Q1**;
- CardioTRAP: Design of a Retrieval Augmented System (RAG) for Clinical Data in Cardiology. PH Guzzi, A Defilippo, N Procopio, A Trapuzzano M.D., G Canino, P Vizza, S Sorrentino, C Indolfi, P Veltri. Accepted to IEEE ICHI 2025;

Analisi Causale di Dati Biologici e Biomedici mediante Reti differenziali Causali.

La linea di ricerca si concentra sull'introduzione e l'applicazione delle Reti Causali Differenziali (DCNs), un innovativo framework che integra il concetto di causalità nelle analisi differenziali dei sistemi complessi. In particolare, l'approccio DCN permette da un lato di Modellare e confrontare le relazioni causali tra gli elementi di sistemi complessi, ottenuti da dati sperimentali, evidenziando le differenze tra due reti causali (CN). Parimenti l'approccio consente di comprendere i meccanismi causali e per intervenire miratamente sul funzionamento dei sistemi, con possibili applicazioni in ambito agricolo, farmacologico e biomedico.

I principali risultati sono condensati nella seguente pubblicazione:

- Defilippo, A., Giorgi, F. M., Veltri, P., Guzzi, P. H. (2024). Understanding complex systems through differential causal networks. *Scientific Reports*, 14(1), 27431 **Scimago Q1**.

Applicazione di Reti Neurali profonde per la predizione dei valori di glicemia nei pazienti diabetici. Il Diabete Mellito di Tipo 1 (T1DM) è una malattia cronica che richiede ai pazienti di monitorare continuamente i livelli di glucosio nel sangue. Sebbene i sistemi di monitoraggio continuo del glucosio (CGM) offrano strumenti avanzati, come pompe di insulina automatizzate, presentano limiti significativi, tra cui ritardi nella rilevazione delle variazioni del glucosio e tempi insufficienti per previsioni accurate.

Il Prof. Guzzi ha partecipato, con l'Università della Calabria, l'Università di Pavia, e il Policlinico Universitario un modello basato su Gated Recurrent Unit (GRU) per prevedere i valori di glucosio sia a breve che a lungo termine utilizzando dati di frequenza cardiaca (HR) e glucosio interstiziale (IG). Il modello è stato addestrato e testato utilizzando il dataset OhioT1DM, che include dati fisiologici raccolti su un periodo di 8 settimane. Inoltre, la validazione è stata estesa a due altri dataset per garantire la generalizzabilità del modello con frequenze di campionamento diverse di HR e IG [37].

I principali risultati sono rappresentati dalle seguenti pubblicazioni:

- Forecasting glucose values for patients with type 1 diabetes using heart rate data R Giannotti, P Bosoni, P Vizza, G Tradigo, A Gnasso, PH Guzzi, R Bellazzi, C Irace, P Veltri *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 257, 108438 3 2024 **Scimago Q1**;

- A methodology to measure glucose metabolism by quantitative analysis of PET images
P Vizza, E Succurro, G Pozzi, PH Guzzi, GL Cascini, G Tradigo, P Veltri *Journal of Healthcare Informatics Research* 8 (4), 640-657

7.3 Bioinformatica: metodologie di analisi innovative per l'analisi di dati biologici high throughput

L' introduzione di metodiche sperimentali high throughput quali i Microarray, la spettrometria di massa e le recenti tecniche per l'investigazione di interazioni molecolari ha prodotto l'accumulazione di ingenti moli di dati prodotti da laboratori geograficamente distribuiti che necessitano di piattaforme efficienti per la gestione e l'analisi. In quest' area, dopo uno studio preliminare delle potenzialità e dello stato dell'arte delle tecniche computazionali, l' ing. Guzzi ha sviluppato delle metodologie innovative di analisi di dati microarray basati su architetture distribuite per esperimenti di trascrittomica e farmacogenomica. E' stata quindi definita la piattaforma micro-CS [38, 39] validata nel corso delle collaborazioni con la Fondazione Tommaso Campanella e pubblicata nella Rivista BMC Bioinformatics. La piattaforma è stata quindi sviluppata lungo due direzioni, la parallelizzazione delle attività di preprocessing [40] giungendo alla definizione del software micro-Analyzer pubblicato su rivista [41]. Relativamente all'ambito della genomica, dopo una prima fase di studio dello stato dell'arte l'ha si focalizzata verso l'analisi di dati provenienti da esperimenti di farmacogenomica i cui risultati sono consistiti nella definizione di una piattaforma parallela per l'analisi di dati farmacogenomici recentemente pubblicata su IEEE Transactions on Computers [42]. In collaborazione con l'ICAR-CNR dell'università della Calabria. L'attività è consistita nella definizione di un ambiente di datamining basato sulla piattaforma Data Mining Cloud Framework (sviluppata presso ICAR-CNR) presentato nella Conferenza ACM-BCB, conferenza flagship del SIG Bioinformatics di ACM [43].

7.4 Informatica Medica

La linea di ricerca di Pietro Hiram Guzzi nel contesto del progetto Interreg Si4Care mira a sviluppare soluzioni innovative per supportare l'invecchiamento sano e l'assistenza agli anziani tramite metodologie di analisi molecolare e bioinformatica avanzata. Si4Care, focalizzato sulla cooperazione transnazionale per affrontare le sfide socio-sanitarie dell'invecchiamento, integra strumenti tecnologici per monitorare i processi di invecchiamento e individuare biomarcatori utili per la prevenzione di malattie legate all'età. Guzzi contribuisce al progetto attraverso lo sviluppo di piattaforme bioinformatiche che analizzano dati omici complessi (genomici, proteomici e trascrittomici), permettendo di identificare pattern molecolari e genetici che influenzano l'invecchiamento [44].

Un aspetto rilevante del suo lavoro è la modellazione di reti di interazione molecolare per esplorare le vie metaboliche e cellulari coinvolte nell'invecchiamento e nella degenerazione. Utilizzando tecniche di clustering e reti di co-espressione genica, Guzzi e il suo team mirano a riconoscere variazioni molecolari che possono segnalare precocemente condizioni patologiche legate all'età. Attraverso il progetto Si4Care, queste metodologie vengono integrate in applicazioni pratiche per la valutazione dello stato di salute degli anziani, fornendo dati preziosi per interventi preventivi e personalizzati. L'approccio multidisciplinare, che unisce competenze di biologia computazionale e analisi dei big data, consente di creare strumenti bioinformatici

avanzati per supportare gli operatori sanitari e promuovere strategie di cura basate sui dati [45].

Questa ricerca contribuisce alla visione di Si4Care di creare una rete interregionale di supporto alla salute, affrontando il crescente impatto dell'invecchiamento sulla società e migliorando la qualità della vita degli anziani mediante tecnologie avanzate e strategie di prevenzione.

I principali risultati sono rappresentati dalle seguenti pubblicazioni:

- Bridging the Gap: A Comparative Analysis of Healthcare Quality Perceptions Between the Older People and Healthcare Providers Ž Karin, R Matković, D Matijaca, PH Guzzi, E Angelopoulou, C Kiskini, Gerontology and Geriatric Medicine 10, 23337214241280047
- How Well Did the Healthcare System Respond to the Healthcare Needs of Older People with and without Dementia during the COVID-19 Pandemic? The Perception of Healthcare S Fragkiadaki, D Kontaxopoulou, E Stanitsa, E Angelopoulou, D Pavlou, MDPI Geriatrics 8 (1) 10 2023

8 Attività Didattica di Didattica Integrativa e di Servizio agli Studenti

Il Prof. Guzzi ha tenuto i seguenti corsi presso l'Università di Catanzaro

AA. 2024-2025 - Data Mining ed Intelligenza Artificiale 6 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA. 2024-2025 - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA. 2023-2024 - Data Mining ed Intelligenza Artificiale 6 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA 2023-2024 - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA 2023-2024 - Big Data (SSD ING-INF/05) CdLM Biotecnologie per OneHealth 5 CFU;

AA 2023-2024 - Informatica (SSD INF/01) CdL Biotecnologie 5 CFU;

AA 2023-2024 - CI Machine Learning e Progettazione di Medical Device (1 CFU SSD ING-INF/05) CdLM Biotecnologie per Medicina Molecolare;

AA 2022-2023 CI MATEMATICA ED ELEMENTI DI INFORMATICA, 6 CFU ING-INF/05, Cdl Scienze Biologiche per l'Ambiente;]

AA. 2022-2023 - Data Mining ed Intelligenza Artificiale 6 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA. 2022-2023 - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;

AA 2022-2023 - Big Data (SSD ING-INF/05) CdLM Biotecnologie per OneHealth 5 CFU;

- AA 2023-2024** - Informatica (SSD INF/01) CdL Biotecnologie 5 CFU;
- AA 2020-2021** Abilità Informatiche e Linguistiche, Modulo di Informatica SSD ING-INF/05 3CFU CdL Infermieristica
- AA. 2020-2021** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2019-2020** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2019-2020** - Fondamenti di Informatica 9 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2018-2019** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2018-2019** - Fondamenti di Informatica 9 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2017-2018** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2017-2018** - Fondamenti di Informatica 9 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2017-2018** TRONCO COMUNE I, C.I. ABILITA' INFORMATICO- LINGUISTICHE, INSEGNAMENTO ING-INF/05- SISTEMI DI ELABORAZIONE DELLE INFORMAZIONI, 3 CFU.
- AA. 2016-2017** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2016-2017** - Fondamenti di Informatica 9 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2015-2016** - Tecniche Avanzate di Bioinformatica 6 CFU, CdLM Ingegneria Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA. 2015-2016** - Fondamenti di Informatica 9 CFU, CdL Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2013-2014** Fondamenti di Informatica, 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- 2012-2013** Modulo di Informatica SSD INF/01 CI Fisica Informatica e Statistica Cdl Odontoiatria e Protesi Dentaria
- 2012 - 2013** Modulo di Informatica 4 CFU SSD ING-INF 05 CI Abilita Informatico Linguistiche CDL Odontoiatria e Protesi Dentaria
- AA 2012-2013** Fondamenti di Informatica, Modulo di 5 CFU su 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;

- AA 2012-20132** Ingegneria del Software, 7.5 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2012-2013** Sistemi Informativi per la Biomedica, 6 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2011-2012** Fondamenti di Informatica, Modulo di 5 CFU su 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2011-2012** Ingegneria del Software, 7.5 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2011-2012** Sistemi Informativi per la Biomedica, 6 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2010-2011** Fondamenti di Informatica, Modulo di 5 CFU su 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2010-2011** Ingegneria del Software, 7.5 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2010-2011** Sistemi Informativi per la Biomedica, 6 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica SSD ING-INF/05 ;
- AA 2010-2011** C.I. DI SCIENZE FISICHE, INFORMATICHE E STATISTICHE 6 CFU, Modulo di Informatica, CdL ODONTOIATRIA E PROTESI DENTARIA (LM) SSD ING-INF/05 ;
- DATA MINING E INTELLIGENZA ARTIFICIALE [A001709] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA SSD ING-INF/05 ;
- FISICA-INFORMATICA E STATISTICA [A000910] - MEDICINA E CHIRURGIA (LM) SSD ING-INF/05 ;
- AA 2009-2010** Fondamenti di Informatica, Modulo di 5 CFU su 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2009-2010** Ingegneria del Software, 7.5 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2009-2010** Sistemi Informativi per la Biomedica, 6 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2008-2009** Fondamenti di Informatica, Modulo di 5 CFU su 12 CFU complessivi, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2008-2009** Ingegneria del Software, 7.5 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;
- AA 2008-2009** Sistemi Informativi per la Biomedica, 6 CFU, CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica;

8.1 Relatore di Tesi di Laurea

Relatore di più di cento tesi di Laurea per i cdl in Ingegneria Informatica e Biomedica, Ingegneria Biomedica, Infermieristica e Biotecnologie.

8.2 Partecipazione alle Commissioni per gli Esami di Profitto

Presidente delle Seguenti commissioni di Esame :

- BIG DATA [A002212] - BIOTECNOLOGIE PER L'APPROCCIO ONE HEALTH (LM)
- INFORMATICA [44423] - BIOTECNOLOGIE
- INFORMATICA [22293] - BIOTECNOLOGIE
- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32417] - INFERMIERISTICA
- C.I. DI SCIENZE FISICHE, INFORMATICHE E STATISTICHE [32743] - ODONTOIATRIA E PROTESI DENTARIA (LM)
- DATA MINING E INTELLIGENZA ARTIFICIALE [A001709] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- FISICA-INFORMATICA E STATISTICA [A000910] - MEDICINA E CHIRURGIA (LM)
- C.I. FISICA - INFORMATICA E STATISTICA [21594] - MEDICINA E CHIRURGIA (LM)
- FONDAMENTI DI INFORMATICA [ING0005] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- INFORMATICA [44423] - BIOTECNOLOGIE
- INFORMATICA [22293] - BIOTECNOLOGIE
- MATEMATICA ED ELEMENTI DI INFORMATICA [A002512] - SCIENZE BIOLOGICHE PER L'AMBIENTE
- TIROCINI FORMATIVI E DI ORIENTAMENTO [ING0029] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32245] - TECNICHE DI LABORATORIO BIOMEDICO
- C.I. COMPETENZE INFORMATICO-LINGUISTICHE [33409] - DIETISTICA
- C.I. COMPETENZE INFORMATICO-LINGUISTICHE [33565] - TECNICHE DI FI-SIOPATOLOGIA CARDIOCIRCOLATORIA E PERFUSIONE CARDIOVASCOLARE
- C.I. COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [PS00070] - TECNICHE DELLA PREVENZIONE NELL'AMBIENTE E NEI LUOGHI DI LAVORO
- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32173] - TECNICHE AUDIOPROTESICHE

- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32501] - TECNICHE DI RADIOLOGIA MEDICA
- C.I. DI COMPETENZE MEDICO-LINGUISTICHE [33126] - TECNICHE DI NEUROFI-SIOPATOLOGIA
- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32906] - FISIOTERAPIA
- C.I. COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [33651] - ORTOTTICA ED ASSISTENZA OFTALMOLOGICA
- C.I. COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [PS00353] - EDUCAZIONE PROFESSIONALE
- C.I. COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [PS00436] - TECNICA DELLA RIABILITAZIONE PSICHIATRICA
- C.I. COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [PS00520] - PODOLOGIA
- C.I. DI COMPETENZE MEDICO LINGUISTICHE [32727] - LOGOPEDIA
- TECNICHE AVANZATE DI BIOINFORMATICA [PS00642] - INGEGNERIA BIOMEDICA (LM)
- TIROCINIO [33244] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- C.I. FONDAMENTI DI INFORMATICA [33219] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- C.I. DI FONDAMENTI DI INFORMATICA I [183417] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- FONDAMENTI DI INFORMATICA [ING0005] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- BASI DI DATI [183358] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- BIOINFORMATICA [95003] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- FONDAMENTI DI INFORMATICA I [183044] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- FONDAMENTI DI INFORMATICA II [183048] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- INGEGNERIA DEL SOFTWARE [183362] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- SISTEMI INFORMATIVI PER LA BIOMEDICA [183433] - INGEGNERIA INFORMATICA E BIOMEDICA
- C.I. DI ABILITA' INFORMATICO-LINGUISTICHE [32754] - ODONTOIATRIA E PROTESI DENTARIA (LM)

- C.I. DI INFORMATICA E SISTEMI DI ELABORAZIONE DELLE INFORMAZIONI [20378] - MEDICINA E CHIRURGIA (LS)
- INFORMATICA [21429] - MEDICINA E CHIRURGIA (LM)
- LABORATORIO DI INFORMATICA [20079] - MEDICINA E CHIRURGIA (LS)

9 Attività gestionali, organizzative e di servizio

Il Prof. Guzzi ha prestato le seguenti attività presso l'ateneo di Catanzaro;

- **Novembre 2023 - ad oggi** Coordinatore del Presidio della Qualità dell'Università di Catanzaro;
- **Marzo 2013 - Novembre 2023** Componente del Presidio della Qualità dell'Università di Catanzaro;
- **Febbraio 2024 - ad oggi** Coordinatore della Commissione Assicurazione della Qualità del Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche.
- **Dicembre 2022 - Aprile 2023** Vicepresidente del Consiglio di Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica Università di Catanzaro;
- **Gennaio 2020 - Dicembre 2022** Membro del Consiglio direttivo dello SBA, Sistema Bibliotecario di Ateneo Università di Catanzaro;
- **Ottobre 2008 - ad oggi** Membro delle Commissioni di Valutazione per la selezione dei docenti a contratto per i corsi di ateneo nei settori scientifici ING-INF/05 e INF/01, in media 4 commissioni l'anno.
- **Febbraio 2025** Componente della Commissione esame finale del corso di dottorato in Biomarcatori delle malattie croniche e complesse cicli XXXV e XXXVI
-
- **Ottobre 2023 - ad oggi** Responsabile per il CdL di Ingegneria Informatica e Biomedica del progetto POT (Piano Orientamento e Tutorato) - PLS;
- **Ottobre 2023 - ad oggi** Componente Supplente, su nomina del Ministero dell'Università e della Ricerca del Comitato Multistakeholder Internet Governance Forum Italia (IGF Italia);
- Componente della Task Force predisposta dalla Presidenza della Regione Calabria per l'Emergenza Covid.
- **Ottobre 2024- ad oggi** Componente della Commissione ANVUR - Agenzia Nazionale Valutazione Universitaria - per la valutazione delle performance degli Atenei Italiani, nominato membro Esperto di CEV per due atenei;
- Membro del Forum WHO Hub Pandemic and Epidemic Intelligence Innovation;
- Responsabile del Progetto SI-4CARE Social Innovation for integrated health CARE of ageing population in ADRION Region;

10 Attività Editoriali

10.1 Associate Editor

- Associate Editor per la Rivista PLOS Complex Systems;
- Associate Editor per la Rivista IEEE TCBB;
- Associate Editor per la Rivista Scientific Reports;
- Associate Editor per la rivista Nature Digital Medicine.

10.2 Guest Editor di Special Issues

- Swarup Roy, Pietro Hiram Guzzi, Jugal Kalita, Editorial: Graph representation learning in biological network. *Frontiers Bioinform.* 3 (2023)
- Pietro Hiram Guzzi, Marinka Zitnik: Editorial Deep Learning and Graph Embeddings for Network Biology. *IEEE ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.* 19(2): 653-654 (2022)
- Pietro Hiram Guzzi, Marco Mina: Guest Editorial for Special Section on Semantic-Based Approaches for Analysis of Biological Data. *IEEE ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.* 13(2): 196 (2016)

10.3 Editor di Libri

- Guzzi, P. H., Milano, M., Das, J. K. (2023). Efficacy, Safety, and Immunogenicity of Vaccines against Viruses: From Network Medicine to Clinical Experimentation (p. 204). MDPI-Multidisciplinary Digital Publishing Institute.
- Guzzi, P. H. (2016). Microarray Data Analysis. *METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY*.

11 Titoli

11.1 Titolarità di Brevetti, Spin-off e terza missione, rapporti dell'università con ambito produttivo

- Coinventore e coproponente della domanda di brevetto per invenzione industriale dal titolo “Dispositivo basato su intelligenza artificiale per il dosaggio della terapia insulinica”, numero di deposito 102022000022677.
- Socio Fondatore, di EasyAnalysis srl. EASYANALYSIS srl è una giovane impresa che opera nel settore dell'informatica medica e della bioinformatica, la cui missione aziendale è la produzione di software e l'erogazione di servizi di consulenza per la gestione e l'analisi di dati biologici e clinici. Essa è stata fondata nel 2010 da un insieme di docenti dell'Università di Catanzaro e da un gruppo di giovani ingegneri provenienti dall'Università della Calabria, la cui idea di impresa è risultata vincitrice di un bando denominato CRESCITA per l'avvio e l'incubazione di start-up innovative nei settori ICT, Sanità, Nanotecnologie. Easyanalysis ha usufruito di un periodo di incubazione presso l'incubatore di imprese TechNest

dell'Università della Calabria. Easyanalysis è aggregata al "Polo Regionale di Innovazione Tecnologie della Salute" gestito da BIOTECNOMED s.c.a.r.l. ed è socio di ICT-SUD S.c.a.r.l., che comprende soci pubblici (le tre Università Calabresi e Centri di Ricerca, compreso il CNR), soci pubblico-privati e soci privati, in gran parte PMI del settore ICT. Alcune delle idee di ricerca sviluppate nella linea Bioinformatica e Informatica Medica sono alla base dei prodotti e servizi di Easyanalysis. Data Costituzione: 04/12/2010 Cod. Fiscale e P.IVA: 03102210782 Nr. REA: CS - 0211147Iscritta all'Elenco Registro Imprese di CS in data 17/12/2010 al numero 03102210782 Sede Legale: Via Valle del Neto 27/29, 87036 Rende (CS) Web: www.easyanalysis.it

11.2 Organizzazione o partecipazione come relatore a convegni di carattere scientifico in Italia o all'estero

- Organizzatore di Cinque Workshops dal titolo IWBNA (International Workshop on Graph Theoretic Analysis of Biological Networks), IEEE Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) e ACM Bioinformatics Computational Biology and Health Informatics BCB dal 2010 al 2015;
- Relatore Invitato quale Keynote Speaker nella Conferenza IEEE BIBM (Bioinformatics and Biomedicine) 2013 , sessione plenaria, Titolo del Talk: Network and Semantic Based Analysis of biological data: assessment with biological features and issues, dal 18-12-2013 al 18-12-2013;
- Membro del Comitato Organizzatore del convegno : 27TH INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON COMPUTER-BASED MEDICAL SYSTEMS (CBMS) tenutosi a New York , (<http://sites.ieee.org/cbms/committee/>). Il congresso ha previsto la organizzazione della track come chair; dal 01-01-2014 al 31-12-2014
- Tutorial Chair per la IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) 2014 Belfast (r (<http://scm.ulster.ac.uk/bibm/2014/committee.html>)). L'incarico ha previsto l'organizzazione e la gestione dei tutorial della conferenza. dal 01-01-2014 al 31-12-2014;
- Relatore Invitato presso Workshop on Semantic Data Analytics and Machine Learning in Bioinformatics and Medical Informatics (SMBM , Kansas City 2017) in conjunction with the IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM-2017) dal 13-11-2017 al 13-11-2017;
- Partecipazione come relatore al Workshop on Future Directions in Network Biology, tenuto presso Università' di Notre Dame su invito della Prof.ssa Tijana Milenkovic. Il meeting ha riguardato le tematiche di frontiera nell'ambito dell'applicazione di teoria delle reti a problemi biologici, dal 01-01-2022 a oggi;
- Relatore invitato al Convegno on Future Directions in Network Biology, tenuto presso Università' di Notre Dame (USA), organizzatrice Prof.ssa Tijana Milenkovic, Università' di Notre Dame. La relazione è stata incentrata su network alignment dal 01-01-2022 a oggi;

- Organizzatore della Serie di Workshop, all'interno della Conferenza IEEE BIBM, per gli anni 2022, 2023, 2024 dal titolo Network Science and Artificial Intelligence for Biomedicine Health Informatics - Net-AI-BHI dal 01-01-2022 a oggi;
- Membro del Comitato di Programma della Conferenza Internazionale Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2022), Sezione Network Biology. Responsabilità: Curare la revisione dei paper sottomessi alla sezione Network Biology, dal 01-01-2022 al 01-07-2022 ;
- Organizzazione del Workshop Internazionale dal titolo Network Science and Artificial Intelligence for Biomedicine Health informatics Organizzatori Pietro Hiram Guzzi (UNICZ), Swarup Roy (SIKKIM University), Paolo Tieri (CNR) and Manuela Petti (Uniroma1);
- Organizzazione del Workshop Internazionale: Network Science and Artificial Intelligence for Biomedicine & Health informatics Organizzatori Pietro Hiram Guzzi (UNICZ), Swarup Roy (SIKKIM University), Paolo Tieri (CNR) e Manuela Petti;
- Organizzazione del Workshop Internazionale: Network Science and Artificial Intelligence for Biomedicine and Health informatics Organizzatori Pietro Hiram Guzzi (UNICZ), Swarup Roy (SIKKIM University), Paolo Tieri (CNR) and Manuela Petti (Uniroma), presso la conferenza IEEE BIBM 2022 , Las Vegas;
- Organizzazione del Workshop Internazionale: LLM and Graph Neural Networks for Biomedicine Organizzatori Pietro Hiram Guzzi (UNICZ), and Tommaso Mazza (IRCSS Casa Sollievo della Sofferenza), presso la conferenza IEEE BIBM 2024 ;
- Workshop Chair per la Conferenza Internazionale IEEE International Conference in Healthcare Informatics ICHI-2025 Università della Calabria.

11.3 Direzione o partecipazione alle attività di un gruppo di ricerca caratterizzato da collaborazioni a livello nazionale o internazionale

- Membro dell'outreach Committee della Network Science Society e co-autore del white paper 2024 Network Science in Medicine:
 - Network Science in Medicine A White Paper by the Funding Outreach Committee Network Science Society <https://netscisociety.net> Academic Year 2023/24. Funding Outreach Committee: Francesco Bullo, UC Santa Barbara, Chair; Kimberly Glass, Channing Division of Network Medicine, Brigham and Women's Hospital Harvard Medical School, Boston, MA, USA; Pietro Hiram Guzzi;
- Responsabile della Collaborazione con il Gruppo di Ricerca Coordinato dalla Prof. Concettina Guerra con le Università di Padova e il College of Computing della Università Georgia Tech Institute Technology (Atlanta), iniziata con il periodo di post doc. La collaborazione, volta allo studio di algoritmi per la comparazione di reti, ha portato allo sviluppo delle seguenti pubblicazioni
 - Guzzi, P. H., Mina, M., Guerra, C., Cannataro, M. (2012). Semantic similarity analysis of protein data: assessment with biological features and issues. *Briefings in bioinformatics*, 13(5), 569-585.

- Ciriello, G., Mina, M., Guzzi, P. H., Cannataro, M., Guerra, C. (2012). AlignNemo: a local network alignment method to integrate homology and topology. *PloS one*, 7(6), e38107.
- Mina, M., Guzzi, P. H. (2014). Improving the robustness of local network alignment: Design and extensive assessment of a markov clustering-based approach. *IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics*, 11(3), 561-572.
- Guzzi, P. H., Mina, M. (2016). Guest Editorial for Special Section on Semantic-Based Approaches for Analysis of Biological Data. *IEEE ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform.*, 13(2), 196.
- Responsabile dell'accordo di Ricerca del Prof. Swarup Roy (SIKKIM University of India) su tematiche relative ad approcci di analisi di dati biologici mediante algoritmi di teoria dei grafi. Nel periodo di collaborazione, ovvero dal 2015 in poi, sono state pubblicati i risultati delle ricerche su riviste internazionali ad elevato prestigio:
 - Teji, B., Roy, S., Dharni, D. S., Bhandari, D., Guzzi, P. H. (2023). Graph embedding techniques for predicting missing links in biological networks: An empirical evaluation. *IEEE Transactions on Emerging Topics in Computing*, 12(1), 190-201 **Scimago Q1**;
 - Kumar Das, J., Tradigo, G., Veltri, P., H Guzzi, P., Roy, S. (2021). Data science in unveiling COVID- 19 pathogenesis and diagnosis: evolutionary origin to drug repurposing. *Briefings in Bioinformatics*, 22(2), 855-872 **Scimago Q1**;
 - Das, J. K., Roy, S., Guzzi, P. H. (2021). Analyzing host-viral interactome of SARS-CoV-2 for identifying vulnerable host proteins during COVID-19 pathogenesis. *Infection, Genetics and Evolution*, 93, 104921, **Scimago Q1**;

Sono stati altresì pubblicati due libri, uno edito e uno scritto in collaborazione con il Prof. Roy:

- Roy, S., Guzzi, P. H. (2015). Biological network inference from microarray data, current solutions, and assessments. In *Microarray Data Analysis* (pp. 155-167). Humana Press, New York, NY.
- Guzzi, P. H., Roy, S. (2020). *Biological Network Analysis: Trends, Approaches, Graph Theory, and Algorithms*. Elsevier
- Responsabilità della Collaborazione di Ricerca con Università' di San Francisco (UCSF), School of Medicine, su definizione, sviluppo ed applicazione di algoritmi di analisi dei grafi su connettomi estratti da risonanza magnetica funzionale i cui risultati sono stati pubblicati in:
 - Milano, M., Guzzi, P. H., Tymofieva, O., Xu, D., Hess, C., Veltri, P., Cannataro, M. (2017). An extensive assessment of network alignment algorithms for comparison of brain connectomes. *BMC bioinformatics*, 18, 31-45 **Scimago Q1**.
- Fondatore e Membro del Comitato Scientifico del Centro di Ricerca di Informatica dell'Area Biomedica Farmacologica CR-Data Analytics, Università' di Catanzaro, creato con D.R. 189 del 07 Marzo 2017. Il centro di ricerca si occupa di applicare tematiche proprie dell'informatica medica a scopo scientifico e di divulgazione sul territorio.

- Responsabile scientifico dell'accordo di Ricerca tra l'Università di Catanzaro ed il gruppo di Ricerca del Prof. Wayne Hayes School of Information and Computer Science, University of California, Irvine, sullo sviluppo di algoritmi per l'analisi e la comparazione di reti biologiche nel dominio applicativo delle brain networks. La collaborazione ha portato alla scrittura dei seguenti lavori scientifici:
 - SL-GLAlign: Improving the Local Alignment of Biological Networks through Simulated Annealing , Milano, Marianna and Hayes, Wayne and Veltri, Pierangelo and Cannataro, Mario and Guzzi, Pietro Hiram, Proceedings of the 2018 ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, 577–578, 2018,
 - SL-GLAlign: Improving local alignment of biological networks through simulated annealing, Milano, Marianna and Hayes, Wayne and Veltri, Pierangelo and Cannataro, Mario and Guzzi, Pietro Hiram Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics, Springer.
- Responsabile per il nodo italiano dei progetti di ricerca in a collaborazione con l'Università di Notre Dame (Prof.ssa Tijana Milenkovic) dal titolo NIH R01GM134350, titled “Next-generation biological network comparison”, Le proposte hanno portato alla scrittura dei seguenti articoli scientifici:
 - Survey of local and global biological network alignment: the need to reconcile the two sides of the same coin PH Guzzi, T Milenković Briefings in bioinformatics 19 (3), 472-481 **Scimago Q1**;
 - Modeling multi-scale data via a network of networks S Gu, M Jiang, PH Guzzi, T Milenković Bioinformatics 38 (9), 2544-2553
 - Milano, M., Milenković, T., Cannataro, M. Guzzi P H L-HetNetAligner: A novel algorithm for Local Alignment of Heterogeneous Biological Networks. Sci Rep 10, 3901 (2020). **Scimago Q1**;
- Collaborazione con il Dr. Arkaprava Roy ed il Dipartimento Biostatistics dell'università University of Florida per la definizione di modelli non parametrici per la costruzione di reti differenziali:
 - Guzzi, P. H., Roy, A., Milano, M., Veltri, P. (2024). Non parametric differential network analysis: a tool for unveiling specific molecular signatures. BMC bioinformatics, 25(1), 359 **Scimago Q1**;
- Collaborazione con il Gruppo di Ricerca del Prof. F.M. Giorgi Dipartimento di Farmacia Università di Bologna. La collaborazione è stata inizialmente incentrata sullo studio del trascrittoma umano in seguito all'infezione da corona virus e sull'analisi dell'impatto delle varianti. La collaborazione ha portato alla stesura delle seguenti pubblicazioni.
 - Guzzi, P. H., Mercatelli, D., Ceraolo, C., Giorgi, F. M. (2020). Master regulator analysis of the SARS- CoV-2/human interactome. Journal of clinical medicine, 9(4), 982. ATTUALMENTE HIGHLY CITED PAPER SU WEB OF SCIENCE - Si tratta della prima mappa dinamica sull'infezione da corona virus eseguita mediante l'utilizzo

sinergistico di teoria delle reti e machine learning. **Scimago Q1Web of Science Highly Cited Paper**;

- Ortuso, F., Mercatelli, D., Guzzi, P. H., Giorgi, F. M. (2021). Structural genetics of circulating variants affecting the SARS-CoV-2 spike/human ACE2 complex. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 1-11. **Scimago Q1**- Uno dei primi studi sulla cosiddetta variante inglese;
- Galicia, J. C., Guzzi, P. H., Giorgi, F. M., Khan, A. A. (2020). Predicting the response of the dental pulp to sars-cov2 infection: a transcriptome-wide effect cross-analysis. *Genes Immunity*, 21(5), 360- 363. **Scimago Q1**Studio in COLLABORAZIONE CON LA PACIFIC UNIVERSITY sulla azione del virus SARS- COV-2 nella cavità orale;
- Mercatelli, D., Pedace, E., Veltri, P., Giorgi, F. M., **Guzzi, P. H.** (2021). Exploiting the molecular basis of age and gender differences in outcomes of SARS-CoV-2 infections. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19, 4092-4100. **Scimago Q1**Prima analisi differenziata per sesso ed età sui meccanismi molecolari dell'infezione;

Recentemente la collaborazione si focalizza sulla caratterizzazione delle network di proteine cosiddette di superficie, nell'ambito delle patologie oncologiche. Detection of pan-cancer surface protein biomarkers via a network-based approach on transcriptomics data

- Daniele Mercatelli , Chiara Cabrelle Pierangelo Veltri, Federico M. Giorgi and Pietro H. Guzzi, *Briefings Bioinformatics 2022* **Scimago Q1**

Infine, la collaborazione sta riguardando la introduzione di modelli per l'analisi causale ed in particolare l'analisi delle differenze nei meccanismi causali di due sistemi biologici:

- Defilippo, A., Giorgi, F. M., Veltri, P., Guzzi, P. H. (2024). Understanding complex systems through differential causal networks. *Scientific Reports*, 14(1), 27431 **Scimago Q1**.
- Collaborazione con Università di Bergamo, (Prof. R. Dondi) sullo sviluppo di metodi di analisi di dual network basate su allineamento di reti e estrazione di Top-k Overlapping Densest Subgraphs. La ricerca ha prodotto le seguenti pubblicazioni:
 - Dondi, R., Hosseinzadeh, M. M., Guzzi, P. H. (2021). A novel algorithm for finding top-k weighted overlapping densest connected subgraphs in dual networks. *Applied Network Science*, 6(1), 1-17. **Scimago Q1**;
 - Dondi, R., Guzzi, P. H., Hosseinzadeh, M. M., Milano, M. (2023). Dense subgraphs in temporal social networks. *Social Network Analysis and Mining*, 13(1), 128. (Applicazione dei risultati teorici allo studio delle social Networks);
 - Dondi, R., Guzzi, P. H., Hosseinzadeh, M. M. (2020, December). Top-k connected overlapping densest subgraphs in dual networks. In *International conference on complex networks and their applications* (pp. 585-596). Springer, Cham. ;
 - Dondi, R., Guzzi, P. H., Hosseinzadeh, M. M. (2022, November) Integrating Temporal Graphs via Dual Networks: Dense Graph Discovery to be presented in *International conference on complex networks and their applications Palermo 2022*.

- Collaborazione Scientifica con Istituto Superiore di Sanita (Dr. Alessandro Giuliani) e Universita' Campus Biomedico. La ricerca consiste nella definizione di algoritmi basati su teoria delle reti (estrazione di comunita' , network embedding, analisi spettrale di reti) per l'analisi di strutture di proteine modellate mediante il formalismo delle protein contact network. La collaborazione ha portato alla pubblicazione dei seguenti lavori scientifici:
 - Guzzi, P. H., Di Paola, L., Giuliani, A., Veltri, P. (2022). PCN-Miner: An open-source extensible tool for the Analysis of Protein Contact Networks. *Bioinformatics*, 38(17), 4235-4237. **Scimago Q1**;
 - Guzzi, Pietro Hiram, et al. "Computational analysis of the sequence-structure relation in SARS-CoV-2 spike protein using protein contact networks." *Scientific reports* 13.1 (2023): 2837. **Scimago Q1**;
 - Lomoio, U., Puccio, B., Tradigo, G., **Guzzi, P. H.**, Veltri, P. (2023). SARS-CoV-2 protein structure and sequence mutations: Evolutionary analysis and effects on virus variants. *Plos One*, 18(7), e0283400. **Scimago Q1**;
 - Puccio, B., Lomoio, U., Di Paola, L., Guzzi, P. H., Veltri, P. (2022). Annotating Protein Structures for Understanding SARS-CoV-2 interactome.
- Collaborazione con Istituto di Ricerca e Cura a Carattere Scientifico, Casa Sollievo della Sofferenza, Laboratorio di Bioinformatica diretto dal Dott. Tommaso Mazza. La collaborazione consiste nell'applicazione e sviluppo di modelli basati su reti per la simulazione ed analisi di processi di diffusione (ad esempio malattie infettive). In particolare sono studiati modelli basati sull'analisi spettrale degli autovalori per la ricerca di soluzioni ottimali al problema della vaccinazione. La collaborazione ha avuto come principali risultati i seguenti lavori scientifici:
 - Guzzi, P. H, Petrizzelli, F., Mazza, T. (2022). Disease spreading modeling and analysis: a survey. *Briefings in Bioinformatics*, 23(4), bbac230. **Scimago Q1Q1 IF 15**;
 - Petrizzelli, F., Guzzi, P. H., Mazza, T. (2022). Beyond COVID-19 Pandemic: Topology-aware optimization of vaccination strategy for minimizing virus spreading. *Computational and Structural Biotechnology Journal*. **Scimago Q1IF 7.5**;
 - Mangoni, Manuel, et al. "Investigating mitochondrial gene expression patterns in *Drosophila melanogaster* using network analysis to understand aging mechanisms." *Applied Sciences* 13.12 (2023): 7342. **Scimago Q1**
- Responsabile della Collaborazione con i Gruppi di Ricerca dello Istituto di Applicazioni di Calcolo (IAC-CNR)di Roma e UniRoma, (Dott. Paolo Tieri, Prof.ssa Manuela Petti) per l'analisi di Reti Biologiche. Nel corso della collaborazione é stato prodotto un lavoro di tesi congiunto i cui risultati sono stati presentati in un workshop della conferenza IEEE BIBM : *Riccardo De Luca, Manuela Petti, Pietro Hiram Guzzi, and Paolo Tieri*, SHELLEY: Exploring Learning-Based Network Alignment on Biological Data.;
- Collaborazione ad un gruppo internazionale per lo studio di nuove tecnologie basate su reti biologiche composto da: (i)Department of Basic Sciences, School of Veterinary Medicine, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran; (ii) Nuclear Agriculture Research School, Nuclear Science and Technology Research Institute (NSTRI), Karaj,

Iran; (iii) Berrimah Veterinary Laboratory, Department of Primary Industry and Resources, Berrimah, NT, 0828, Australia; (iv) Laboratorio de Dinámica de Redes Genéticas, Centro de Investigación en Dinámica Celular, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Mexico; (v) Department of Medical and Surgical Sciences, Laboratory of Bioinformatics Unit, Italy; (vi) Department of Medical Entomology and Vector Control, School of Health, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran; (vii) Institute of Biotechnology, College of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran Plant Virology Research Centre, College of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran

La collaborazione ha prodotto le seguenti pubblicazioni scientifiche:

- Ghorbani A, Rostami M, Ashrafi-Dehkordi E, Guzzi PH (2025) AutoPVPrimer: A comprehensive AI-Enhanced pipeline for efficient plant virus primer design and assessment. PLoS ONE 20(1): e0317918. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0317918> **Scimago Q1**;
- Eskandarzade, N., Ghorbani, A., Samarfard, S., Diaz, J., **Guzzi, P. H.**, Fariborzi, N., Izadpanah, K. (2022). Network for network concept offers new insights into host-SARS-CoV-2 protein interactions and potential novel targets for developing antiviral drugs. Computers in biology and medicine, 105575. **Scimago Q1**;
- Lagzian, A., Riseh, R. S., Sarikhan, S., Ghorbani, A., Khodaygan, P., Borriss, R., **Guzzi, P. H.**, Veltri, P. (2023). Genome mining conformance to metabolite profile of Bacillus strains to control potato pathogens. Scientific Reports, 13(1), 19095. **Scimago Q1**;
- Mottaghi-Dastjerdi, N., Ghorbani, A., Montazeri, H., **Guzzi, P. H.** (2023). A systems biology approach to pathogenesis of gastric cancer: gene network modeling and pathway analysis. BMC gastroenterology, 23(1), 248. **Scimago Q2**;
- Shirazi, Z., Rostami, M., Ghorbani, A., **Guzzi, P. H.** (2024). Bioinformatics deciphers the thebaine biosynthesis pathway in opium poppy: Hub genes, network analysis, and miRNA regulation. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology, 22(4), 100422. **Scimago Q2**;
- Yazdani, F., Mottaghi-Dastjerdi, N., Shahbazi, B., Ahmadi, K., Ghorbani, A., Soltany-Rezaee-Rad, M., Veltri P, and **Guzzi, P. H.** (2024). Identification of key genes and pathways involved in T-DM1-resistance in OE-19 esophageal cancer cells through bioinformatics analysis. Heliyon, 10(18). **Scimago Q1**;
- Farsiu, N., Ghorbani, A., Karbanowicz, T. P., Mottaghi-Dastjerdi, N., Veltri, P., and **Guzzi, P. H.** (2024). Discovery of long non-coding RNAs in naïve CD4+ T cells in response to initiating antiretroviral therapy at acute or chronic phase of HIV-1 infection. Acta Virologica, 68, 11572.
- Responsabile dell'accordo di Ricerca con il Prof. Pietro' Lió, Università' di Cambridge, su tematiche di Intelligenza Artificiale applicate al Dominio biomedico quali predizione automatica della severita' dei pazienti in ambito di pronto soccorso (Scientific Reports 2024) e l'analisi mediante super resolution di Segnali ECG. Nell'ambito di tale accordo è previsto lo scambio di studenti di dottorato di ricerca (Ing. Lomoio U, Ing. Defilippo A). L'accordo ha portato alla pubblicazione dei seguenti lavori

- Lomoio, U., Veltri, P., Guzzi, P. H., Liò, P. (2025). Design and use of a Denoising Convolutional Autoencoder for reconstructing electrocardiogram signals at super resolution. *Artificial Intelligence in Medicine*, 160, 103058. **Scimago Q1**;
- Defilippo, A., Veltri, P., Lió, P., **Guzzi, P. H.** (2024). Leveraging graph neural networks for supporting automatic triage of patients. *Scientific Reports*, 14(1), 12548. **Scimago Q1**
- Visiting Professor Baarath University, Bharath university is rated one of best universities in India as a ranking in 59th place (<https://www.nirfindia.org/2020/UniversityRanking.html>). Our university student strength is 22000+.
- Partecipazione al gruppo internazionale 4CE <https://covidclinical.net/> , gruppo internazionale multidisciplinare per lo studio e lo sviluppo di approcci terapeutici basati su tecniche computazionali per la lotta alla pandemia da covid. La collaborazione ha portato alla stesura dei seguenti lavori:
 - Sperotto, Francesca, et al. "Clinical phenotypes and outcomes in children with multisystem inflammatory syndrome across SARS-CoV-2 variant eras: a multinational study from the 4CE consortium." *EClinicalMedicine* 64 (2023).
 - Gutiérrez-Sacristán, Alba, et al. "Hospitalizations associated with mental health conditions among adolescents in the US and France during the COVID-19 pandemic." *JAMA Network Open* 5.12 (2022): e2246548-e2246548 **Scimago Q1**;
 - Tan, Byorn WL, et al. "Long-term kidney function recovery and mortality after COVID-19-associated acute kidney injury: an international multi-centre observational cohort study." *EClinicalMedicine* 55 (2023) **Scimago Q1**;
- Responsabile dell'accordo di Ricerca con la Scuola di Network Medicine, Università' di Harvard, con la Prof.ssa Kimberly Glass, per lo sviluppo di metodologie di analisi di Dati Biomedici per lo studio di patologie a livello sistemico.
- Responsabile scientifico delle attività congiunte con l'Università Campus Biomedico (Dr. F. Branda, Prof. M. Ciccozzi) per la definizione di modelli di analisi della diffusione di patologie impiegando algoritmi di teoria delle reti e graph neural networks; i primi risultati sono attualmente sottomessi per la valutazione su rivista
 - Branda, F., Veltri, P., Chiodo, F., Ciccozzi, M., Scarpa, F., Guzzi, P. H. (2024). Computational modeling of vaccination strategies for infectious disease control: Insights from network-based simulations (submitted to *BMC Medical Informatics and Decision Making*, available as Preprint).
 - Branda, F., Ceccarelli, G., Ciccozzi, M., Scarpa, F., Lomoio, U., Chiodo, F., Veltri P, Guzzi, P. H. Comparing Epidemics Controls through Simulations and Explainable Graph Convolution Networks.(submitted to *Artificial Intelligence in Medicine*, Available at SSRN 5081952.)
- Responsabile scientifico delle attività scientifiche congiunte con l'Università della Calabria (Dipartimento DIMES) e l'Università della Florida (Prof. Tamer Kahveci) relativamente allo sviluppo di algoritmi di analisi di reti per modellazione ed analisi dei meccanismi di aging, i risultati sono stati attualmente sottomessi per la valutazione su rivista;

- Kahveci, T., Kahveci, O., Khatib, T., Guzzi, P. H., Veltri, P. Spatio-Temporal Migration of Gene Behavior in Pathologies Through Aging. Available at SSRN 5087206.

11.4 Responsabilità di studi e ricerche scientifiche affidati da qualificate istituzioni pubbliche o private

- Responsabile delle Attività di ricerca, per conto del Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, nell'ambito del progetto di ricerca "Applicazione della intelligenza artificiale per la certificazione delle diagnosi e per la correlazione di dettagli morfologici con dati molecolari, prognosi, risposta terapeutica, affidate della Impresa ETHOSLAB SrL dal 01-01-2023 a oggi;
- Responsabile dell'accordo di ricerca, per conto del Dipartimento, su commessa della Azienda Torre di Mezzo OP, per l'analisi di dati di interesse nel campo biomedico legati alle caratteristiche degli alimenti, dal 01-01-2023 a oggi.

11.5 Responsabilità scientifica per progetti di ricerca internazionali e nazionali, ammessi al finanziamento sulla base di bandi competitivi che prevedano la revisione tra pari

- Responsabile Scientifico del Progetto Tech4YOU Spoke 6 Linea B Progetto 3.1.2 dal titolo: *Sviluppo di un ambiente distribuito per il telemonitoraggio di cittadini fragili, con patologie croniche e complesse, residenti in zone rurali, con l'ausilio di Intelligenza Artificiale*, A VALERE SULLE RISORSE DEL PNRR MISSIONE 4, "ISTRUZIONE E RICERCA" - COMPONENTE 2, "DALLA RICERCA ALL'IMPRESA" - LINEA DI INVESTIMENTO 1.5, FINANZIATO DALL'UNIONE EUROPEA – NEXTGENERATIONEU", PROGETTO TECH4YOU ECS00000009, CUP H23C22000370006
- Responsabile Scientifico del Progetto SISTABENE (Valore del Progetto 600.000 Euro): (SIStema di Tracciabilità Avanzata per il BENEssere Alimentare) finanziato sui fondi FESR-FSE 2014-2020 dopo revisione tra pari. I partecipanti al progetto sono le aziende Torre di Mezzo, Torre di Mezzo OP, ITHEA. Il centro di ricerca ICT-SUD e l'Università di Catanzaro, (gruppi di ricerca in Ingegneria Informatica, Medicina Veterinaria e Chimica Computazionale).
- Responsabile del progetto: SI4CARE: Social Innovation for integrated health CARE of ageing population in ADRION Regions Programme: INTERREG V-B Adriatic-Ionian ADRION Programme 2014-2020, 3rd Call for Proposal - Priority Axis 1 PP03. Membri del Progetto: Università di Lubiana, Università di Atene, Università di Salonicco, Merkur Hospital).
- Responsabile Scientifico del Progetto PON-MISE VQA (Validated Query Answering), Budget Complessivo 2,269.410 di cui 801.010 al Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche dell'Università di Catanzaro e del Policlinico Universitario AOU Dulbecco. Il progetto ha visto la partecipazione di colleghi in area medica nell'ambito della neurologia, cardiologia, biologia molecolare, medicina nucleare, medicina interna al fine di poter effettuare l'applicazione di tecniche di intelligenza artificiale al dominio medico clinico.

- Responsabile Scientifico Progetto POR MISURARE GESTI, Valore del Progetto 500.000 Euro di cui 100.000 all'universita' di Catanzaro. Il progetto incentrato su di una collaborazione tra Università ed Imprese, ha avuto come obiettivo lo sviluppo di soluzioni di informatica medica e di telemedicina per il superamento della frammentazione dei servizi sanitari nei borghi.
- Responsabile Scientifico dell'Obiettivo Realizzativo 6.3 Progetto PNRR Tech4You. Technologies for climate change adaptation and quality of life improvement. Proponente: Università della Calabria Soggetti partecipanti totali: 18, Numero Università partecipanti: 4, Numero Enti pubblici ed Enti pubblici di ricerca partecipanti: 5, Numero Privati partecipanti: 9.
- Responsabile Scientifico del Progetto Progetto T4YC1P6 dal titolo "AI4MOOC", Capofila E WAY ENTERPRISE BUSINESS SOLUTIONS SRLd a valere sulle risorse del Piano Nazionale Ripresa e Resilienza (PNRR) Missione 4, "Istruzione e Ricerca" – Componente 2, "Dalla Ricerca all'impresa" – Linea di investimento 1.5, Finanziato dall'Unione Europea – Next generation EU, Progetto "TECH4YOU - Technologies for Climate Change Adaptation and Quality of Life Improvement" ECS00000009, CUP H23C22000370006,

11.6 Direzione o partecipazione a comitati editoriali di riviste, collane editoriali, enciclopedie e trattati di riconosciuto prestigio

- Guest Associate Editor per la Rivista Computational Structural Biotechnology Journal: Recent Advancements in Proton Therapy for Brain Tumours of Functional Imaging and Adaptive Planning
- Editor in Chief della Newsletter ACM SIGBIO, newsletter dello Special Interest Group in Bioinformatics and Computational Biology;
- Associate Editor per la Rivista ELSEVIER Information Sciences **Scimago Q1**(IF 2016 4.8 - Classe A VQR 2011) per il periodo 2010-2015. Gestione delle fasi di revisione e pubblicazione degli articoli sottomessi nell'ambito delle tematiche dell'informatica medica.
- Editor della rivista ACM-SIGBIO Record, dello Special Interest Group in Bioinformatica e Biologia Computazionale e Informatica Medica di ACM. La rivista è di riferimento per il Convegno Internazionale ACM-BCB Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics;
- Guest Editor per la Special Section "Semantic-Based Approaches for Analysis of Biological Data" IEEE/ACM TCBB. Responsabilita' dell'editor: gestire le fasi di revisione e pubblicazione degli articoli sottomessi. Lo special issue è stato curato assieme al Dr. Marco Mina, Università di Padova dal 01-01-2014 al 01-12-2016;
- Editor in Chief del Volume Microarray Data Analysis Methods and Applications - Springer Protocol- (DOI: DOI 10.1007/978-1-4939-3173-6) Il volume consta di 14 capitoli prodotti da ricercatori internazionali e sottoposti a peer-review. dal 01-01-2016 al 31-12-2016;
- Guest Editor Computational methods in biological data analysis (2019) Frontiers in Bioscience https://www.bioscience.org/special-issue-details?editor_id=1302. Responsabilità

dell'editor: gestire le fasi di revisione e pubblicazione degli articoli sottomessi. dal 01-01-2016 al 01-01-2019;

- Associate Editor per la Rivista IEEE/ACM TCBB Transaction on Computational Biology and Bioinformatics da Novembre 2017. La rivista è flagship journal della società ACM SIGBIO SPECIAL INTEREST GROUP ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS. Responsabilita' dell'editor: gestire le fasi di revisione e pubblicazione degli articoli sottomessi. dal 01-11-2017 a oggi;
- Associate Editor per la Rivista Internazionale : Advances in Bioinformatics edita da Hindawi Press. <https://www.hindawi.com/journals/abi/editors/>;
- Guest Editor del giornale Complexity (<https://www.hindawi.com/journals/complexity/editors/>) dello special issue "Agent-Based Modelling and Simulation for Healthcare Complexity in Real-World" che ha raccolto contributi in ambito di informatica medica dal 01-01-2020 al 01-09-2022;
- Editor Special Issue sulla Rivista IEEE-ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics Deep Learning and Graph Embeddings for Network Biology. IEEE ACM Trans. Comput. Biol. Bioinform. 19(2): 653-654 (2022) con la Dot.ssa Marinka Zitnik dal 01-01-2021 al 01-01-2021;
- Associate Editor per la Rivista BMC Bioinformatics, Springer (Q1, IF 3.5) ;
- Guest Editor della Rivista MDPI VIRUSES, per lo special issue Efficacy, Safety, and Immunogenicity of Vaccines against Viruses: From Network Medicine to Clinical Experimentation con il Dr. Jayanta Das e la Prof.ssa Milano. Dal volume è stato inoltre ricavato un libro dal titolo omonimo;
- GUEST EDITOR per la rivista LIFE dello Special Issue su Network Science and Artificial Intelligence for Biomedicine Health Informatics, con il Prof. S Roy, il Dott. P Tieri (CNR) e la Dott.ssa M Petti, Uniroma;
- **Editorial board Member della Rivista Nature Digital Medicine (Q1. IF 15), che ospita contributi di informatica medica . La selezione dei membri dell'editorial board avviene dopo presentazione di curriculum. <https://www.nature.com/npjdigitalmed/>;**
- Guest Editor per la rivista Elsevier Computational and Structural Biotechnology Journal dello special issue: Recent Advancements in Proton Therapy for Brain Tumours of Functional Imaging and Adaptive Planning;

11.7 Partecipazione al collegio dei docenti ovvero attribuzione di incarichi di insegnamento, nell'ambito di dottorati di ricerca accreditati dal Ministero

- Presidente della Commissione Finale di Valutazione dei Dottorandi del Corso di Dottorato in Information and Communication Technology dell'UNICAL;
- Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Ingegneria Informatica e Biomedica, Università di Catanzaro - Ciclo 24 (Coordinatore Prof. F. Amato) Anno Accademico 2008/2009. Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;

- Partecipante in qualità di Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Ingegneria Informatica e Biomedica Coordinatore Prof. Francesco Amato - Ciclo 25 - Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Ingegneria Informatica e Biomedica (Coordinatore Prof. F. Amato) - Ciclo 26 Anno Accademico 2010/2011. Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Ingegneria Informatica e Biomedica (Coordinatore Prof. F. Amato) - Ciclo 27 Anno Accademico 2009/2010. Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Ingegneria Informatica e Biomedica Università di Catanzaro - Ciclo 28 Coordinatore Prof. Francesco Amato. Università degli Studi Magna Graeciadi Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse (coordinatore Prof. Giorgio Sesti) AA 2013-2014 Anno accademico di inizio: 2013 - Ciclo: XXIX - - Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro ;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse Ciclo 34 AA 2018-2019 Anno accademico di inizio: 2018 Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse Ciclo 35 AA 2019-2020 Anno accademico di inizio: 2019- I- Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse Ciclo 36 AA 2020-2021 Anno accademico di inizio: 2020- I- Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro ;
- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Biomarcatori delle Malattie Croniche e Complesse Ciclo 37 AA 2021-2022 Anno accademico di inizio: 2021 - Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro ;
- docente del Corso di Deep learning ed intelligenza artificiale nella biomedicina, 1CFU, Dottorato in biomarcatori delle malattie croniche e complesse, cicli 36 e 37 Università degli Studi Magna Graecia di Catanzaro ;
- Tutor, per il Collegio dei Docenti in Medicina Digitale, delle attività della studentessa Fabiola Boccuto, il cui progetto transdisciplinare, prevede lo sviluppo di soluzioni di intelligenza artificiale per il supporto al monitoraggio remoto dei pazienti cardiologici;
- Tutor, per il Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in Medicina Digitale, 38 Ciclo, dello studente Ugo Lomoio. Il progetto prevede lo studio dei segnali ECG e la definizione di strumenti basati su intelligenza artificiale per l'analisi di segnali ECG a supporto del medico;

- Membro del Collegio dei Docenti del Dottorato in Medicina Digitale. a.a. 2022/2023 - Ciclo 38 Coordinatore Responsabile TORELLA Daniele Denominazione del corso MEDICINA DIGITALE - DOT2232CMH Ateneo: Università degli Studi "Magna Graecia" di CATANZARO;
- Membro del Collegio dei Docenti, per i Cicli 39 e 40 del Dottorato di Ricerca In Intelligenza Artificiale, Ingegneria Biomedica ed Informatica, dell'università di Catanzaro. Nel corso del Dottorato ho assegnato il corso di Intelligenza Artificiale;
- Tutor per il Collegio dei Docenti in Intelligenza Artificiale, Ingegneria Biomedica e Informatica, delle attività della studentessa Annamaria Defilippo. Il progetto prevede un periodo presso l'università di Cambridge e lo sviluppo di soluzioni basate su intelligenza artificiale per l'automatizzazione del triage dei pazienti;
- Membro del Collegio dei Docenti del Corso di Dottorato in: INTELLIGENZA ARTIFICIALE (DOTTORATO NAZIONALE)" Anno accademico di inizio: 2024/2025 - Ciclo: 40 Soggetto proponente: Università "Campus BioMedico, Direttore Prof. Paolo Soda
- Tutor per il Collegio dei Docenti in Intelligenza Artificiale, Ingegneria Biomedica e Informatica, delle attività della studentessa Valentina Carbonari.

11.8 Premi scientifici e riconoscimenti

- Best Poster Award – conferenza internazionale ACM BCB del 2013 (ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics. Washington, DC, USA) dal titolo : Modularity and community detection in Semantic Similarity Networks through Spectral Based Transformation and Markov Clustering, di cui è stato coautore.
- Vincitore del Finanziamento Ministero Italiano Università e Ricerca - Fondo per il Finanziamento delle attività base di ricerca FFABR 2017 - SSD ING-INF/05 - Categoria Prof. Associati. Il finanziamento è stato assegnato ai ricercatori collocatisi nel primo quartile della valutazione bibliografica
- Riconoscimento: ACM Professional Member, riconoscimento attribuito ai membri di ACM (ASSOCIATION COMPUTING MACHINERY) con 5 anni di iscrizione. L'affiliazione come professional è concessa dal board dopo valutazione del curriculum e di tre lettere di sostegno di tre membri professional.
- Riconoscimento: Senior Member di IEEE - Senior Member è il grado più alto della società IEEE al quale un socio può afferire. Richiede l'endorsement di almeno tre soci e la valutazione del curriculum da parte del board. Soli il 10% dei 400,000 soci hanno questo livello

11.9 Responsabilità di Dottorandi di Ricerca

Il Prof. Guzzi è responsabile dei seguenti progetti di dottorato di ricerca:

- Fabiola Boccuto, del Corso di Dottorato in Medicina Digitale, con progetto "Networks ed intelligenza artificiale per l'integrazione ed arricchimento di dati prodotti da piattaforme tecnologiche di interesse per la medicina digitale;

- Ugo Lomoio, del Corso di Dottorato in Medicina Digitale: Titolo Studio, definizione ed implementazione di tecniche innovative per l'analisi di dati medico clinici, Borsa Cofinanziata da Relatech SPA e dal PNRR;
- Annamaria Defilippo: Metodi di Intelligenza Artificiale per la gestione dei pazienti nei percorsi clinici, Dottorato PNRR con Periodo in Azienda;
- Valentina Carbonari: Metodi di Intelligenza Artificiale per il supporto della Medicina Digitale.

il Prof. Guzzi é co-tutor dei seguenti progetti di dottorato di ricerca:

- Giuseppe Timpano
- Barbara Puccio

11.10 Attività di Valutazione di Progetti Nazionali ed Internazionali

- **2024** PR CAMPANIA FESR 2021/2027. ASSE 1 OS 1.1. AVVISO PUBBLICO CAMPANIA STARTUP 2023. Incarico di ESPERTO ESTERNO PER LA VALUTAZIONE TECNICO-SCIENTIFICA EX-ANTE, IN ITINERE ED EX-POST.
- **2025** Incarico inerente la valutazione di un progetto di R&S/Formazione presentato alla Regione Puglia – Area Politiche per lo Sviluppo Economico, il Lavoro e l’Innovazione – Servizio Competitività dei sistemi produttivi
- **2023** Agenzia Reprise Bando FAR 2019 - Progetti Interdisciplinari pubblicato dall’Università degli studi di Modena e Reggio Emilia, Valutatore.

11.11 Soggiorni di Studio all'estero.

- A Febbraio 2008 è vincitore di una Borsa di Studio di Tirocinio di Ricerca erogata dalla Regione Calabria, fondi POR 2000-2006, dal titolo: "Metodi e Modelli per l'Analisi di Reti Metaboliche". Il progetto di ricerca è stato ideato nell'ambito di una collaborazione tra il Dipartimento di Medicina Sperimentale e Clinica dell' Università di Catanzaro e il Dipartimento di Ingegneria Informatica dell'Università di Padova. Il programma di ricerca prevede un periodo di visiting presso lo Georgia Tech Institute of Atlanta: host Prof. Concettina Guerra.
- (2015) Tipo incarico: Didattica Mobilità Erasmus (AA 2013/2014) – Didattica Istituto Ospitante: AGH University of Science and Technology, Akademia Górniczo-Hutnicza im. St. Staszica, Katedra Informatyki, al. Mickiewicza 30, 30- 059 Kraków, POLONIA Codice ID ERASMUS: (PL KRAKOW02) Date del periodo di mobilità dal 15/09/2014 al 18/09/2014 (3 GIORNI)

Lomoio U.; Veltri P.; Guzzi P.H.; Liò P. (2025). Design and use of a Denoising Convolutional Autoencoder for reconstructing electrocardiogram signals at super resolution. Artificial Intelligence in Medicine , 160 Scopus Article No: 103058. il Prof. Guzzi é **corresponding author**. **Contributo Individuale:** Nel lavoro il Prof. Guzzi ha guidato, in collaborazione con il prof.

Lió le attività del dottorando Ugo Lomoio nella definizione di una nuova architettura di autoencoder per l'analisi di dati ECG mediante la tecnica della super-risoluzione. **Contributo nel SSD:** Definizione di una metodica innovativa di analisi superiore allo stato dell'arte. Il prototipo, rilasciato su piattaforma open, é attualmente in sperimentazione con il gruppo di Cardiologia. Rilevanza. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Artificial Intelligence.

Guzzi P.H.; Roy A.; Milano M.; Veltri P. (2024). Non parametric differential network analysis: a tool for unveiling specific molecular signatures. BMC Bioinformatics , 25, 1, Scopus Article No: 359. il Prof. Guzzi é **Primo autore e corresponding author**. **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi é il principal investigator della linea di ricerca che prevede lo studio e la comparazione di sistemi complessi correlati mediante differential networks. **Contributo nel SSD:** Definizione di un nuovo algoritmo per la definizione di reti differenziali su dati sperimentali caratterizzati da distribuzioni non parametriche e applicazione a dati di next generation sequencing non parametrici. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computer Science Applications, Applied Mathematics.

Defilippo A.; Veltri P.; Lió P.; Guzzi P.H. (2024). Leveraging graph neural networks for supporting automatic triage of patients. Scientific Reports , 14, 1, Scopus Article No: 12548. il Prof. Guzzi é **Ultimo autore e corresponding author** **Contributo Individuale:** Nello studio il Prof. Guzzi ha guidato le attività della dottoranda Defilippo in collaborazioe con il Prof. P. Lió definendo l'idea principale della modellazione dei pazienti mediante reti complesse e la definizione di una metodologia di classificazione basata su embedding e GNN. **Contributo nel SSD:** Definizione di un approccio innovativo di modellazione basato su reti e di una metodologia di analisi basata su GNN. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Multidisciplinary.

Teji B.; Roy S.; Dhami D.S.; Bhandari D.; Guzzi P.H. (2024). Graph Embedding Techniques for Predicting Missing Links in Biological Networks: An Empirical Evaluation. IEEE Transactions on Emerging Topics in Computing , 12, 1, Scopus Article No: il Prof. Guzzi é **ultimo autore**. **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi ha guidato le attività di un gruppo internazionale nella valutazione empirica di differenti tecniche di graph embedding per la predizione di missing link in reti biologiche. **Contributo nel SSD:** Definizione di strategie ottimali per la soluzione del problema di rilevare link mancanti in reti biologiche. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computer Science, Information Systems.

Gu S.; Jiang M.; Guzzi P.H.; Milenković T. (2022). Modeling multi-scale data via a network of networks. Bioinformatics , 38, 9, **Contributo Individuale:** Responsabile della collaborazione con i gruppi di Analisi di Reti e di Deep Learning dell'università di Notre Dame **Contributo nel SSD:** Definizione di un modello innovativo per la rappresentazione di dati multiscala (quali le proteine) e l'introduzione di GNN per l'analisi **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computational Theory, Computer Science Application.

Guzzi P.H.; Di Paola L.; Giuliani A.; Veltri P. (2022). PCN-Miner: An open-source extensible tool for the analysis of Protein Contact Networks. Bioinformatics , 38, 17, il Prof. Guzzi é **primo autore e corresponding author** **Contributo Individuale:** Pietro H. Guzzi ha guidato, all'interno del PON VQA le attività di definizione e sviluppo di nuovi metodi di analisi, basati su teoria dei grafi e deep learning applicati alle reti per l'estrazione di conoscenza da strutture proteiche modellate mediante grafi. **Contributo nel SSD:** Definizione di un innovativo framework di analisi e rilascio di un prototipo direttamente utilizzabile. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computational Theory, Computer Science Application..

Mercatelli D.; Cabrelle C.; Veltri P.; Giorgi F.M.; Guzzi P.H. (2022). Detection of pan-cancer surface protein biomarkers via a network-based approach on transcriptomics data. *Briefings in Bioinformatics* , 23, 5, il Prof. Guzzi é **ultimo autore e corresponding author** **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi é responsabile scientifico della collaborazione con il gruppo di bioinformatica dell'università di Bologna e ha guidato la definizione di un nuovo algoritmo basato su teoria dei grafi per la scoperta dei meccanismi biologici comuni allo sviluppo di molti tumori **Contributo nel SSD:** Definizione di un nuovo algoritmo per l'analisi di dati biomedici **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Information Systems.

Agapito G.; Guzzi P.H.; Cannataro M. (2021). Parallel and distributed association rule mining in life science: A novel parallel algorithm to mine genomics data. *Information Sciences* 575, , **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi ha definito l'idea dello sviluppo di una metodologia di analisi di dati genomici basata su regole associative **Contributo nel SSD:** Definizione di un nuovo algoritmo parallelo per l'estrazione di regole associative su dati genomici. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Artificial Intelligence.

Agapito G.; Guzzi P.H.; Cannataro M. (2019). Parallel extraction of association rules from genomics data. *Applied Mathematics and Computation* , 350, , **Contributo Individuale:** Definizione della metodologia di analisi di dati genomici **Contributo nel SSD:** Definizione di un nuovo algoritmo efficiente per l'analisi di dati genomici **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computational Mathematics.

Guzzi P.H.; Milenković T. (2018). Survey of local and global biological network alignment: The need to reconcile the two sides of the same coin. *Briefings in Bioinformatics* , 19, 3, il Prof. Guzzi é **primo autore e corresponding author** **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi ha guidato la collaborazione scientifica con il gruppo di analisi di grafi dell'università di Notre Dame. **Contributo nel SSD:** Rassegna critica degli algoritmi di allineamento reti e definizione di una metodologia innovativa di allineamento globale/locale. **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Information Systems.

Canino G.; Guzzi P.H.; Tradigo G.; Zhang A.; Veltri P. (2017). On the Analysis of Diseases and Their Related Geographical Data. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* , 21, 1, **Contributo Individuale:** Definizione di una metodologia di correlazioni tra patologie e dati geografici basata su clustering semantico ed ontologie **Contributo nel SSD:** Definizione di una nuova metodologia di analisi di dati biologici basata su dati geografici e informazioni semantiche contenute in ontologie **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Health Informatics, Computer Science Application.

Agapito G.; Guzzi P.H.; Cannataro M. (2015). DMET-Miner: Efficient discovery of association rules from pharmacogenomic data. *Journal of Biomedical Informatics* , 56, , **Contributo Individuale:** il Prof. Guzzi ha contribuito a guidare le attività di ricerca nel campo della analisi dei dati farmacogenomici **Contributo nel SSD:** Definizione di un algoritmo efficiente per l'estrazione di regole associative applicate al dominio dei dati farmacogenomici **Collocazione Editoriale: Scimago Q1**, Computer Science Applications, Applied Mathematics.

12 Pubblicazioni

Alla data di presentazione della domanda il Prof. Guzzi é autore di 304 pubblicazioni indicizzate sul database Scopus (author ID 56388531300), così suddivise: 125 Article, 144 Conference Paper,

Riferimenti Bibliografici

- [1] Shawn Gu, Meng Jiang, Pietro Hiram Guzzi, and Tijana Milenković. Modeling multi-scale data via a network of networks. *Bioinformatics*, 38(9):2544–2553, 2022.
- [2] Marianna Milano, Mario Cannataro, and Pietro Hiram Guzzi. Glalign: Using global graph alignment to improve local graph alignment. In *2016 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 1695–1702. IEEE, 2016.
- [3] M Mina and PH Guzzi. Investigating bias in semantic similarity measures for analysis of protein interactions. *Nuovo Cimento C Geophysics Space Physics C*, 35:71–80, 2012.
- [4] Maria Teresa Di Martino, Pietro Hiram Guzzi, Daniele Caracciolo, Luca Agnelli, Antonino Neri, Brian A Walker, Gareth J Morgan, Mario Cannataro, Pierfrancesco Tassone, and Pierosandro Tagliaferri. Integrated analysis of micrnas, transcription factors and target genes expression discloses a specific molecular architecture of hyperdiploid multiple myeloma. *Oncotarget*, 6(22):19132, 2015.
- [5] MT Di Martino, M Ventura, PH Guzzi, A Pietragalla, P Neri, A Bulotta, T Calimeri, V Barbieri, M Caraglia, P Veltri, et al. Differential transcriptional response to cisplatin in brca1-defective versus brca1-reconstituted breast cancer cells by microarrays. *Cancer Research*, 69(2_Supplement):5062, 2009.
- [6] Pietro Hiram Guzzi, Francesca Cortese, Gaia Chiara Mannino, Elisabetta Pedace, Elena Succurro, Francesco Andreozzi, and Pierangelo Veltri. Analysis of age-dependent gene-expression in human tissues for studying diabetes comorbidities. *Scientific Reports*, 13(1):10372, 2023.
- [7] Pietro Hiram Guzzi, Arkaprava Roy, Francesca Cortese, and Pierangelo Veltri. Non parametric differential network analysis for biological data. In *International Conference on Complex Networks and Their Applications*, pages 114–123. Springer Nature Switzerland Cham, 2023.
- [8] Annamaria Defilippo, Federico Manuel Giorgi, Pierangelo Veltri, and Pietro Hiram Guzzi. Understanding complex systems through differential causal networks. *Scientific Reports*, 14(1):27431, 2024.
- [9] Pietro Hiram Guzzi and Tijana Milenković. Survey of local and global biological network alignment: the need to reconcile the two sides of the same coin. *Briefings in bioinformatics*, 19(3):472–481, 2018.
- [10] Annamaria Defilippo, Pierangelo Veltri, Pietro Lió, and Pietro Hiram Guzzi. Leveraging graph neural networks for supporting automatic triage of patients. *Scientific Reports*, 14(1):12548, 2024.

- [11] Marinka Zitnik, Michelle M Li, Aydin Wells, Kimberly Glass, Deisy Morselli Gysi, Arjun Krishnan, TM Murali, Predrag Radivojac, Sushmita Roy, Anaïs Baudot, et al. Current and future directions in network biology. *arXiv preprint arXiv:2309.08478*, 2023.
- [12] Riccardo Dondi, Mohammad Mehdi Hosseinzadeh, and Pietro H Guzzi. A novel algorithm for finding top-k weighted overlapping densest connected subgraphs in dual networks. *Applied Network Science*, 6(1):40, 2021.
- [13] Mohammad Mehdi Hosseinzadeh, Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, and Riccardo Dondi. Temporal networks in biology and medicine: a survey on models, algorithms, and tools. *Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics*, 12(1):10, 2022.
- [14] Pietro Hiram Guzzi, Luisa Di Paola, Barbara Puccio, Ugo Lomoio, Alessandro Giuliani, and Pierangelo Veltri. Computational analysis of the sequence-structure relation in sars-cov-2 spike protein using protein contact networks. *Scientific reports*, 13(1):2837, 2023.
- [15] Pietro Hiram Guzzi, Luisa Di Paola, Alessandro Giuliani, and Pierangelo Veltri. Pcn-miner: An open-source extensible tool for the analysis of protein contact networks. *Bioinformatics*, 38(17):4235–4237, 2022.
- [16] Abozar Ghorbani, Pietro Hiram Guzzi, and Mahsa Rostami. Ai-enabled pipeline for virus detection, validation, and snp discovery from next-generation sequencing data. 2024.
- [17] Daniele Mercatelli, Elisabetta Pedace, Pierangelo Veltri, Federico M Giorgi, and Pietro Hiram Guzzi. Exploiting the molecular basis of age and gender differences in outcomes of sars-cov-2 infections. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19:4092–4100, 2021.
- [18] Pietro H Guzzi, Daniele Mercatelli, Carmine Ceraolo, and Federico M Giorgi. Master regulator analysis of the sars-cov-2/human interactome. *Journal of clinical medicine*, 9(4):982, 2020.
- [19] Daniele Mercatelli, Chiara Cabrelle, Pierangelo Veltri, Federico M Giorgi, and Pietro H Guzzi. Detection of pan-cancer surface protein biomarkers via a network-based approach on transcriptomics data. *Briefings in Bioinformatics*, 23(5):bbac400, 2022.
- [20] P.H. Guzzi, A. Roy, M. Milano, and P. Veltri. Non parametric differential network analysis: a tool for unveiling specific molecular signatures. *BMC Bioinformatics*, 25(359), 2024.
- [21] Johnah C Galicia, Pietro H Guzzi, Federico M Giorgi, and Asma A Khan. Predicting the response of the dental pulp to sars-cov2 infection: a transcriptome-wide effect cross-analysis. *Genes & Immunity*, 21(5):360–363, 2020.
- [22] Francesco Ortuso, Daniele Mercatelli, Pietro Hiram Guzzi, and Federico Manuel Giorgi. Structural genetics of circulating variants affecting the sars-cov-2 spike/human ace2 complex. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 40(14):6545–6555, 2022.
- [23] Pietro Hiram Guzzi, Ugo Lomoio, Barbara Puccio, and Pierangelo Veltri. Structural analysis of sars-cov-2 spike protein variants through graph embedding. *Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics*, 12(1):3, 2022.

- [24] Ugo Lomoio, Barbara Puccio, Giuseppe Tradigo, Pietro Hiram Guzzi, and Pierangelo Veltri. Sars-cov-2 protein structure and sequence mutations: Evolutionary analysis and effects on virus variants. *Plos One*, 18(7):e0283400, 2023.
- [25] Giuseppe Tradigo, Pietro Hiram Guzzi, and Pierangelo Veltri. On the assessment of more reliable covid-19 infected number: the italian case. *medRxiv*, pages 2020–03, 2020.
- [26] Giuseppe Tradigo, Pietro Hiram Guzzi, Tamer Kahveci, and Pierangelo Veltri. A method to assess covid-19 infected numbers in italy during peak pandemic period. In *2020 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 3017–3020. IEEE, 2020.
- [27] Pietro H Guzzi, Giuseppe Tradigo, and Pierangelo Veltri. Regional resource assessment during the covid-19 pandemic in italy: Modeling study. *JMIR medical informatics*, 9(3):e18933, 2021.
- [28] Pietro Hiram Guzzi, Francesco Petrizzelli, and Tommaso Mazza. Disease spreading modeling and analysis: A survey. *Briefings in Bioinformatics*, 23(4):bbac230, 2022.
- [29] Francesco Petrizzelli, Pietro Hiram Guzzi, and Tommaso Mazza. Beyond covid-19 pandemic: Topology-aware optimization of vaccination strategy for minimizing virus spreading. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 20:2664–2671, 2022.
- [30] Giuseppe Tradigo, Jayanta Kumar Das, Patrizia Vizza, Swarup Roy, Pietro Hiram Guzzi, and Pierangelo Veltri. Strategies and trends in covid-19 vaccination delivery: What we learn and what we may use for next future. 2023.
- [31] Pietro Hiram Guzzi, Mattia Cannistra, Raffaele Giancotti, Ugo Lomoio, Barbara Puccio, Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, and Pierangelo Veltri. Annotating omics data with sex and age of samples: Enabling powerful omics studies. In *2023 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 3886–3890. IEEE, 2023.
- [32] Pietro Hiram Guzzi, Francesca Cortese, Gaia Chiara Mannino, Elisabetta Pedace, Elena Succurro, Francesco Andreozzi, and Pierangelo Veltri. Differential network analysis between sex of the genes related to comorbidities of type 2 mellitus diabetes. *Applied Network Science*, 8(1):36, 2023.
- [33] Elena Succurro, Patrizia Vizza, Francesco Cicone, Velia Cassano, Mattia Massimino, Federica Giofrè, Teresa Vanessa Fiorentino, Maria Perticone, Angela Sciacqua, Pietro Hiram Guzzi, et al. Sex-specific differences in myocardial glucose metabolic rate in non-diabetic, pre-diabetic and type 2 diabetic subjects. *Cardiovascular Diabetology*, 23(1):144, 2024.
- [34] Pietro H Guzzi. Algorithms for strings and sequences: multiple alignment. 2019.
- [35] Pietro H Guzzi, Mario Cannataro, and Pierangelo Veltri. Using graphs to relate patient’s clinical and geographical data. *Procedia Computer Science*, 110:448–452, 2017.
- [36] Annamaria Defilippo, Giuseppe Bertucci, Cosimo Zurzolo, Pierangelo Veltri, and Pietro Hiram Guzzi. On the computational approaches for supporting triage systems. *Interdisciplinary Medicine*, 1(3):e20230015, 2023.

- [37] Raffaele Giancotti, Pietro Bosoni, Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Agostino Gnasso, Pietro Hiram Guzzi, Riccardo Bellazzi, Concetta Irace, and Pierangelo Veltri. Forecasting glucose values for patients with type 1 diabetes using heart rate data. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, page 108438, 2024.
- [38] Pietro H Guzzi, Maria Teresa Di Martino, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, Pierfrancesco Tassone, Pierosandro Tagliaferri, and Mario Cannataro. Automatic summarisation and annotation of microarray data. *Soft Computing*, 15:1505–1512, 2011.
- [39] Pietro H Guzzi and Mario Cannataro. μ -cs: An extension of the tm4 platform to manage affymetrix binary data. *BMC bioinformatics*, 11:1–13, 2010.
- [40] Pietro Hiram Guzzi and Mario Cannataro. Parallel pre-processing of affymetrix microarray data. In *Euro-Par 2010 Parallel Processing Workshops: HeteroPar, HPCC, HiBB, Core-Grid, UCHPC, HPCF, PROPER, CCPI, VHPC, Ischia, Italy, August 31–September 3, 2010, Revised Selected Papers 16*, pages 225–232. Springer Berlin Heidelberg, 2011.
- [41] Pietro Hiram Guzzi and Mario Cannataro. Micro-analyzer: Automatic preprocessing of affymetrix microarray data. *Computer methods and programs in biomedicine*, 111(2):402–409, 2013.
- [42] Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Agapito, and Mario Cannataro. coresnp: Parallel processing of microarray data. *IEEE Transactions on Computers*, 63(12):2961–2974, 2013.
- [43] PIETRO HIRAM Guzzi, Giuseppe Tradigo, P Veltri, et al. Distributed data management. In *Encyclopedia of Systems Biology*. 2013.
- [44] Stella Fragkiadaki, Dionysia Kontaxopoulou, Evangelia Stanitsa, Efthalia Angelopoulou, Dimosthenis Pavlou, Darja Šemrov, Simon Colnar, Mitja Lustrek, Bojan Blažica, Inga Vučica, et al. How well did the healthcare system respond to the healthcare needs of older people with and without dementia during the covid-19 pandemic? the perception of healthcare providers and older people from the si4care project in the adriatic region. *Geriatrics*, 8(1):21, 2023.
- [45] Željka Karin, Roberta Matković, Danira Matijaca, Pietro Hiram Guzzi, Efthalia Angelopoulou, Chrysanthi Kiskini, Danica Stevović, Vlatka Martinović, Mitja Luštrek, and Katarina Vukojević. Bridging the gap: A comparative analysis of healthcare quality perceptions between the older people and healthcare providers. *Gerontology and Geriatric Medicine*, 10:23337214241280047, 2024.