

CURRICULUM VITAE

GIUSEPPE AGAPITO

INDIRIZZO

TITOLI DI STUDIO

Il 11 settembre 2013 consegue il titolo di Dottore di Ricerca in Ingegneria Biomedica e Informatica presso l'Università "Magna Græcia" di Catanzaro. Discutendo la tesi dal titolo: "Integration, Analysis and Efficient Visualization of Biological Data". Relatore di tesi Prof. Mario Cannataro.

Il 17 luglio 2006 consegue la laurea in Ingegneria Informatica, discutendo la tesi dal titolo "Emanazione di Workflow: Progettazione e Sviluppo di un motore basato su Agenti": relatori Prof.ssa Wilma Russo e prof. Alfredo Garro.

Nel 1997 consegue il Diploma di Perito Industriale Capotecnico - Specializzazione Informatica Progetto ABACUS- presso l'Istituto Tecnico Industriale Statale "A.Monaco" Via Giulia 87100, Cosenza.

ATTIVITÀ DI RICERCA E COLLABORAZIONI CON ISTITUTI NAZIONALI ED ESTERI

Unità di Oncologia Medica. Le attività previste dalla collaborazione riguardano la definizione di metodologie e strumenti atti a supportare il processo di estrazione di conoscenza e integrazione di dati eterogenei ottenuti utilizzando differenti tipologie di microarray (gene-expression, microRNA e dati SNP) e la successiva analisi. L'attività ha inoltre permesso la formalizzazione di problemi di interesse nel settore scientifico disciplinare, permettendo contemporaneamente lo sviluppo di metodologie e strumenti per l'analisi di dati genomici. La collaborazione, iniziata nel 2010, ha visto lo sviluppo sinergico di strumenti per l'analisi dei dati (DMET-Analyzer [29] e DMET-Miner [24]) che sono stati impiegati in casi applicativi reali di interesse biologico e medico. In parallelo, sono state studiate possibili architetture ad alte prestazioni (coreSNP [26] e Cloud4SNP [46]) per l'analisi a partire dai software esistenti.

JuriscaLab, Ontario Cancer Center di Toronto Dal 30 Aprile 2012 al 19 Aprile 2013 ha collaborato ad attività di ricerca come studente di dottorato all'estero presso il JuriscaLab, Ontario Cancer Center di Toronto. Le attività previste dalla collaborazione hanno riguardato la definizione di metodologie e strumenti atti a supportare il processo di estrazione di conoscenza e integrazione da dati eterogenei provenienti da diversi database biologici. L'attività documentata nelle pubblicazioni, ha inoltre permesso la formalizzazione di problemi di interesse nel settore scientifico disciplinare, permettendo contemporaneamente lo sviluppo di metodologie e strumenti per l'analisi di pathway biologici [27]. La collaborazione, iniziata nel 2012, ha visto lo sviluppo sinergico di strumenti per l'analisi dei dati (*pathayParser* e *biologicalDataIntegration*) che sono stati impiegati in casi applicativi reali di interesse biologico.

ATTIVITÀ DI RICERCA

L'attività di ricerca scientifica di Giuseppe Agapito si pone nell'ambito dei Sistemi di Elaborazione delle Informazioni, con particolare enfasi alla bioinformatica, agli ambienti software per il data-mining di dati biologici e biomedici, realizzati anche mediante tecniche di calcolo parallelo e distribuito. Essa ha riguardato sia argomenti teorico-metodologici, quali lo sviluppo di algoritmi per l'estrazione di conoscenza da dati genomici e proteomici per la definizione di algoritmi innovativi, sia applicativi, quali l'applicazione dei modelli sviluppati a dati biomedici e clinici prodotti da laboratori di ricerca e lo sviluppo di software per il supporto dell'analisi ad alte prestazioni. L'attività scientifica è testimoniata sia da pubblicazioni su riviste internazionali di ambito ingegneristico sia da pubblicazioni su riviste di ambito biologico medico che evidenziano l'utilità pratica delle metodologie e dei software sviluppati.

Analisi Comparativa di Reti Biologiche

L'utilizzo della teoria dei grafi per la rappresentazione di dati complessi è molto utilizzata negli ambiti della bioinformatica e della biologia computazionale. In tale ambito l'attenzione di Giuseppe Agapito si è focalizzata sullo studio dei Pathway Biologici. L'attività, inizialmente ha riguardato lo studio dello stato dell'arte relativo ai formalismi informatici utilizzati per la memorizzazione e rappresentazione dei pathway biologici.

Da qui, in collaborazione con il JuriscaLab dell'Ontario Cancer Center di Toronto è stata definita una nuova metodologia (*pathwayParser*) per l'individuazione di pathway simili all'interno di database diversi. La similarità dei pathway biologici è valutata considerando aspetti topologici della rete che saranno alla base del processo di linearizzazione della stessa. La principale novità introdotta da *pathwayParser* consiste nell'utilizzo di tecniche di graph-matching esatto per il confronto tra due o più pathway.

Analisi ed estrazione di conoscenza da dati genomici

L'estrazione di conoscenza da dati genomici richiede l'impiego di metodologie d'analisi altamente efficienti e performanti vista l'enorme mole di dati da analizzare per singolo esperimento. In tale ambito, l'attenzione di Giuseppe Agapito si è focalizzata sullo studio delle tecniche standard di analisi dei dati basate su machine learning e data-mining, con la finalità di sviluppare strumenti e metodologie innovative da poter essere applicate in casi d'uso reali. In parallelo a tale attività di studio, sono scaturite collaborazioni con il gruppo di Oncologia Medica interno all'università di Catanzaro. Suddette collaborazioni sono incentrate nel supporto al processo di estrazione della conoscenza da dati micro-array prodotti utilizzando piattaforme tecnologiche diverse integrando dati eterogenei (gene-expression, SNP e miRNA) e successiva analisi. La collaborazione iniziata nel 2010 ha permesso lo sviluppo di metodologie e strumenti per l'analisi dei dati come *DMET-Analyzer* [29], *DMET-Miner* [24], *OS-Analyzer*. Contemporaneamente sono state studiate, progettate e sviluppate architetture ad alte prestazioni con la finalità di estendere e migliorare l'efficacia ed efficienza

delle metodologie esistenti. Da tale attività sono stati prodotti *coreSNP* [26] e *Cloud4SNP* [46] due strumenti software di analisi di dati genomici ad alte prestazioni, la cui validità è dimostrata dalle pubblicazioni in ambito medico.

ESPERIENZE LAVORATIVE

Dal 2006, da quando Giuseppe Agapito ha iniziato a collaborare con l'ICAR-CNR di Rende (CS), la sua ricerca si è focalizzata su tematiche di machine learning e calcolo distribuito. In particolare ha lavorato su tecniche di pre-processing e classificazione (supervisionata e non) di dati logistici, e tecniche di recovery ottimizzate mediante l'uso di algoritmi genetici, perseguendo obiettivi sia teorici che sperimentali. Durante la sua collaborazione ha partecipato alla progettazione ed allo sviluppo di numerosi sistemi e prototipi nell'ambito dei progetti di ricerca in cui era coinvolto.

- *DIALOG*: strumento software per migliorare l'efficienza di processi logistici tramite tecniche di diagnostic data mining. In particolare, il framework automaticamente riconosce i comportamenti anomali del sistema responsabili della scarsa produttività, suggerendo all'operatore le relative azioni di recovery che consentono di riportare il sistema ad un livello di produttività accettabile.
- *DIS*: framework P2P ad agenti, progettato per la realizzazione di un servizio decentralizzato e auto-organizzante per la scoperta e la selezione di risorse in ambiente P2P puro. DIS, è basato sull'adozione di una architettura decentralizzata costituita da una rete P2P e da un sistema multi-agente per la replicazione, spostamento, ricerca e gestione dei servizi offerti dal sistema.

Dal 2009, da quando Giuseppe Agapito ha iniziato a collaborare con l'Università della Calabria, la sua attività di ricerca è stata incentrata su tematiche di machine learning con maggior enfasi sulle tecniche di text mining distribuito per l'estrazione di conoscenza da collezioni di dati strutturati e non strutturati e di natura testuale, perseguendo obiettivi sia teorici che sperimentali. Durante la sua collaborazione ha partecipato alla progettazione ed allo sviluppo di numerosi sistemi e prototipi nell'ambito dei progetti di ricerca in cui era coinvolto.

- *DISCOVERING*: ambiente integrato di knowledge discovery la cui caratteristica saliente è la generazione semi-automatica di modelli (predittivi, descrittivi e associativi) per l'estrazione di conoscenza da collezioni di dati strutturati e non strutturati di natura testuale.

Dal 30.04.2012 al 19.04.2013 Giuseppe Agapito è stato ospite presso il JurisicaLab, Ontario Cancer Center di Toronto. La sua ricerca presso il JurisicaLab ha riguardato il pre-processing, analisi, integrazione e visualizzazione di Biological Pathway data. Giuseppe Agapito ha partecipato attivamente alle attività di ricerca del JurisicaLab, producendo i seguenti prototipi software:

- *pathwayParser*: uno strumento software, funzionante come plug-in di NAViGaTOR (tool software in sviluppo presso il JurisicaLab) in grado di

analizzare, normalizzare e visualizzare reti di pathway codificate usando il formato BIOPAX.

- *biologicalDataIntegration*: uno strumento software, capace di integrare informazioni provenienti da vari database biologici. Rendendo disponibili dati altamente informativi, in grado di descrivere dettagliatamente e fedelmente il problema in esame. Evidenziando, ai ricercatori aspetti sconosciuti del problema in esame, non evidenziabili analizzando i singoli dati non integrati.

POSIZIONE RICOPERTE

- 16.04.17 26.09.17 É stato Visiting Scientist presso il JurisicaLab, Princess Margaret Cancer Center, UHN Toronto Canada.
- 31.05.13 31.05.17 É stato Amministratore Unico della società EasyAnalysis S.r.L.
- 2014-2015 É stato cultore della Materia per il Settore Scientifico Disciplinare ING/INF-05 per il seguente anno accademico.
- 01.06.15 31.07.15 Ha ottenuto un contratto di collaborazione co.co.pro, occupandosi in particolare della: "Progettazione ipertestuale e implementazione di una interfaccia grafica adattativa per l'accesso, navigazione e interrogazione via Internet di un database contenente dati sanitari", presso Biotecnomed S. c. a r. l. viale Europa Località Germaneto Catanzaro (CZ). Referente prof. Gianni Cuda.
- 2013-2014 É stato cultore della Materia per il Settore Scientifico Disciplinare ING/INF05 per il seguente anno accademico.
- 30.04.12 19.04.13 Ha collaborato ad attività di ricerca come studente di dottorato all'estero presso il JurisicaLab, Ontario Cancer Center di Toronto. Occupandosi di tematiche teoriche e metodologiche incentrate sull'analisi, integrazione e visualizzazione di reti biologiche. Referente prof. Igor Jurisica.
- 27.07.10 13.09.13 É stato studente di dottorato di ricerca con borsa in: "Ingegneria Biomedica e Informatica" della durata di 3 anni con sede amministrativa presso l'Università "Magna Græcia" di Catanzaro. Relatore prof. Mario Cannataro.
- 01.01.10 31.12.10 É stato titolare di un assegno di ricerca annuale avente titolo "Algoritmi di data mining" settore scientifico-disciplinare ING-INF/05, presso il Dipartimento di Elettronica, Informatica e Sistemistica dell'Università della Calabria. In data 27.07.2010 ha rinunciato all'assegno di ricerca in quanto vincitore di un dottorato con borsa presso l'Università "Magna Græcia" di Catanzaro. Referente prof. Sergio Greco.

- 20.05.09 18.12.09 Ha partecipato al progetto di ricerca, Open Know Tech con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, occupandosi in particolare della: "Realizzazione di software per il data mining", presso il DEIS (Dipartimento di Elettronica Informatica e Sistemistica) Università della Calabria Via Pietro Bucci 41C 87036 Rende(CS). Referente prof. Sergio Greco.
- 15.10.08 14.02.09 é stato membro del progetto di ricerca AUTOMA con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo la seguente mansione: "Implementazione di un sistema informativo auto-organizzante per Griglia", presso l'ICAR (Istituto di Calcolo e Reti ad Alte prestazioni)-CNR(Consiglio Nazionale delle Ricerche) Via Pietro Bucci 41C 87030 Rende (CS). Referente e committente ing. Giandomenico Spezzano.
- 07.04.08 30.06.08 é stato membro del progetto di ricerca FAR-SFIDA con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo la seguente mansione: "Realizzazione di un servizio decentralizzato per la scoperta di risorse in ambiente P2P". Sede amministrativa ICAR (Istituto di Calcolo e Reti ad Alte prestazioni)-CNR(Consiglio Nazionale delle Ricerche) Via Pietro Bucci 41C 87030 Rende(CS). Referente e committente ing. Giandomenico Spezzano.
- 01.10.07 31.12.07 é stato membro del progetto di ricerca LOG-NET con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo la seguente mansione: "Realizzazione di un sistema data-driven per la diagnosi di comportamenti anomali che contribuiscono a ridurre la produttività di un terminale marittimo". Sede amministrativa ICAR (Istituto di Calcolo e Reti ad Alte prestazioni)-CNR(Consiglio Nazionale delle Ricerche) Via Pietro Bucci 41C 87030 Rende(CS). Referente e committente ing. Giandomenico Spezzano.
- 01.07.08 15.10.08 é stato membro del progetto di ricerca LOG-NET con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo le seguenti mansioni: "Realizzazione di algoritmi di data mining operanti su dati stream e la definizione di tecniche di post processing dei risultati di data mining al fine di diagnosticare anomalie che determinano un degrado della produttività". Sede amministrativa Medcenter Container Terminal S.p.A. (MCT) Via Area Porto 89013 Gioia Tauro (RC). Referente e committente MedCenter nella persona dell'ing. Carmine Crudo.
- 23.01.07 22.04.07 é stato membro del progetto di ricerca "Terminal Marittimo di Gioia Tauro" con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo la seguente mansione: "Tecniche per l'individuazione di comportamenti anomali del terminale marittimo di Gioia Tauro". Sede amministrativa ICAR (Istituto di Calcolo e Reti ad Alte prestazioni)-CNR(Consiglio

Nazionale delle Ricerche) Via Pietro Bucci 41C 87030 Rende (CS). Referente e committente ing. Giandomenico Spezzano.

02.11.06 31.12.06 è stato membro del progetto di ricerca "Terminal Marittimo di Gioia Tauro" con tipo di impiego contratto di collaborazione co.co.pro, svolgendo la seguente mansione: "Realizzazione di un sistema per l'analisi delle performance del terminale marittimo di Gioia Tauro". Presso l'ICAR (Istituto di Calcolo e Reti ad Alte prestazioni)-CNR(Consiglio Nazionale delle Ricerche) Via Pietro Bucci 41C 87030 Rende (CS). Referente e committente ing. Giandomenico Spezzano.

ATTIVITÀ DIDATTICHE

Dall'anno accademico 2006/2007 collabora ad attività didattiche svolte presso l'Università della Calabria inoltre, dall'anno accademico 2010/2011 collabora ad attività didattiche svolte presso l'Università Magna Græcia. Di seguito sono riportati in dettaglio le diverse tipologie di incarichi di docenza ricoperti.

- a.a. 2017/2018 Professore a contratto per il modulo di "Sistemi Operativi e Reti di Calcolo SSD ING-INF/05 ASD 09 Ing. industriale e dell'informazione" anno II°, I° semestre per un totale di 48 ore di lezione (6 CFU), Corso Integrato di Sistemi Operativi, Reti e Programmazione A.A. 2017-2018. Corso di Laurea [L-8] in Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04) Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2016/2017 Professore a contratto per il modulo di Informatica SSD INF/01" anno I°, I° semestre per un totale di 24 ore di lezione (3 CFU), Corso Integrato di Scienze Fisiche, Informatiche e Statistiche A.A. 2016-2017. Corso di Laurea [L/SNT2] in Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE 3 e 4) Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2016/2017 Professore a contratto per il modulo di "Sistemi Operativi e Reti di Calcolo SSD ING-INF/05 ASD 09 Ing. industriale e dell'informazione" anno II°, I° semestre per un totale di 48 ore di lezione (6 CFU), Corso Integrato di Sistemi Operativi, Reti e Programmazione A.A. 2016-2017. Corso di Laurea [L-8] in Ingegneria Informatica e Biomedica (D.M. 270/04) Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2016/2017 Professore a contratto per il modulo di "Informatica SSD INF/01" anno I°, I° semestre per un totale di 24 ore di lezione (3 CFU), Corso Integrato di Scienze Fisiche, Informatiche e Statistiche A.A. 2016-2017. Corso di Laurea [L/SNT1] in Professioni sanitarie, infermieristiche e professione sanitaria ostetrica Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2016/2017 Professore a contratto per il modulo di "Informatica SSD INF/01" anno I°, I° semestre per un totale di 24 ore di lezione (3 CFU), Corso Integrato di Scienze Fisiche, Informatiche e Statistiche A.A. 2016-2017. Corso di Laurea [L/SNT2] in Professioni sanitarie della riabilitazione e [L/SNT3] Professioni sanitarie tecniche (TRONCO COMUNE 2) Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.

- a.a. 2015/2016 Docente a contratto dell'insegnamento "Informatica", I° anno, Sem. I° 3 CFU, per un numero di ore pari a 24 Corso di Laurea in Scienze Infermieristiche-Polo Didattico di Cosenza, Facoltà di Medicina e Chirurgia dell' Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2015/2016 Docente a contratto per il modulo di "Sistemi Operativi e Reti di Calcolo ING-INF/05" anno II° I° semestre per un totale di 48 ore di lezione pari a 6 CFU, del Corso Integrato di Sistemi Operativi, reti e programmazione. Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica Facoltà di Medicina e Chirurgia dell' Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2014/2015 Docente a contratto dell'insegnamento "Informatica", I° anno, Sem. II° 3 CFU, per un numero di ore di lezione pari a 24, Corso di Laurea in Scienze Infermieristiche-Polo Didattico di Cosenza, Facoltà di Medicina e Chirurgia dell' Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2011/2012 Docente a contratto del corso di Didattica Integrativa "Fondamenti di Informatica 1 e 2" anno I° , Sem. I° per un numero di ore di lezione pari a 30, Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica presso l'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2010/2011 Docente a contratto dell'insegnamento "Informatica", I° anno, Sem. I° 3 CFU, per un numero di ore di lezione pari a 24 Corso di Laurea in Scienze Infermieristiche-Polo Didattico di Cosenza, Facoltà di Medicina e Chirurgia dell' Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2010/2011 Docente a contratto dell'insegnamento "Informatica", I° anno, Sem. I° 3 CFU, per un numero di ore di lezione pari a 24 Corso di Laurea in Scienze Infermieristiche-Polo Didattico di Lamezia Terme, Facoltà di Medicina e Chirurgia dell' Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2010/2011 Docente a contratto per l'insegnamento di Didattica integrativa: "Informatica e Sistemi di Elaborazione delle Informazioni", I° anno, 1 CFU, Corso di Laurea in Biotecnologie, Facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro.
- a.a. 2010/2011 Esercitatore a contratto per l'insegnamento "Fondamenti di Informatica", per un totale di 30 ore di lezione, pari a 3 CFU Corso di Laurea in Statistica per le Aziende e le Assicurazioni, presso la Facoltà di Economia dell'Università della Calabria.
- a.a. 2010/2011 Esercitatore a contratto per l'insegnamento di Programmazione Orientata agli Oggetti, I anno, per un totale di 40 ore

- di lezione, pari a 3 CFU Corso di Laurea in Metodi Quantitativi per l'Economia e la Gestione delle Aziende, presso la Facoltà di Economia, dell'Università della Calabria.
- a.a. 2009/2010 Esercitatore a contratto per l'insegnamento "Introduzione all'informatica e laboratorio informatico di base" II Anno, 5 CFU Corso di Laurea in Giurisprudenza, presso la Facoltà di Economia dell'Università della Calabria.
- a.a. 2009/2010 Esercitatore a contratto per l'insegnamento "Programmazione Orientata agli Oggetti", III Anno, 5 CFU Corso di Laurea in Metodi Quantitativi per l'Economia e la Gestione delle Aziende, presso la Facoltà di Economia dell'Università della Calabria.
- a.a. 2009/2010 Esercitatore a contratto per l'insegnamento "Algoritmi e Programmazione", II Anno, 5 CFU Corso di Laurea in Metodi Quantitativi per l'Economia e la Gestione delle Aziende presso la Facoltà di Economia dell'Università della Calabria.
- a.a. 2009/2010 Esercitatore a contratto per l'insegnamento "Progettazione di Sistemi Informativi", II Anno, 5 CFU Corso di Laurea in Ingegneria Gestionale, presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università della Calabria.

ALTRE ATTIVITÀ DI DOCENZA

- a.a. 2015/2016 Docente a contratto per il modulo di "Strumenti innovativi ICT quale risorsa strategica per le nuove imprese" per un totale di 25 ore di didattica, 1 CFU SSD ING-INF/05. Nell'ambito del Master di 1° livello "Applicazioni e processi innovativi in Cardiologia Endovascolare e Clinica (Cardio Appeal)".
- a.a. 2015/2016 Docente a contratto per il modulo di "Lo sviluppo di nuovi modelli di gestione clinica sostenibilità ed incremento dell'efficienza" per un totale di 25 ore di didattica, 1 CFU SSD ING-INF/05. Nell'ambito del Master di 1° livello "Applicazioni e processi innovativi in Cardiologia Endovascolare e Clinica (Cardio Appeal)".
- a.a. 2014/2015 Docente a contratto per il modulo di "Tecniche di data mining avanzato applicate alle neuroscienze" per un totale di ore di didattica 2 CFU SSD ING-INF/05. Nell'ambito del Master di 1° livello "Web-Services in Medicina Neuromesures e Diagnosi clinica".
- a.a. 2009/2010 Docente a contratto nell'ambito del progetto Regionale "POR +Scuola", come esperto del modulo formativo: "Conoscenze metodologiche e pratiche per l'uso di sistemi informativi", 20 ore, tenutosi presso, l'Istituto Tecnico Commerciale "Pezzullo" di Cosenza nel corso dell'anno 2010.

- a.a. 2009-2010 Esercitatore a contratto relativo al progetto di ricerca Open-KnowTech A.5 – Ambienti di ingegneria del software Open Source nell'ambito del Programma di Laboratorio di Tecnologie Open Source per la Integrazione, Gestione e Distribuzione di Dati, Processi e Conoscenze, 15 ore, tenutosi presso ICT-Sud Rende.
- a.a. 2006-2007 Esercitatore a contratto relativo al modulo di Ingegneria del Software (II Periodo) attivato per il Corso di Formazione Professionale e Tecnici di Ricerca operanti nel Settore Industriale erogato nell'ambito del progetto PILOT (Piattaforma di Interoperabilità per la LOGistica ed i Trasporti), 8 ore, tenutosi presso l'Università della Calabria Rende.

LINGUE CONOSCIUTE

Italiano	nativo
Inglese	ottimo

CAPACITÀ E COMPETENZE TECNICHE

Linguaggi di programmazione conosciuti: C, C++, Java, Swift 2.0, Objective-C 2.0, SQL, MPI, Php (base), Javascript (base), Python (base), Bash scripting, UML e OpenGL (base).

Principali IDE conosciuti: Xcode, Eclipse, NetBeans.

Database conosciuti: MySQL e Postgress.

Linguaggi di Markup conosciuti: Html, XML, OWL e RDF.

RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

PUBBLICAZIONI SU RIVESTE INTERNAZIONALI

- [1] Marianna Milano, Giuseppe Agapito, Pietro H Guzzi, and Mario Cannataro. An experimental study of information content measurement of gene ontology terms. *International Journal of Machine Learning and Cybernetics*, 9(3):427–439, 2018.
- [2] Giuseppe Agapito, Mariadelina Simeoni, Barbara Calabrese, Ilaria Care, Theodora Lamprinoudi, Pietro H Guzzi, Arturo Pujia, Giorgio Fuiano, and Mario Cannataro. Dietos: A dietary recommender system for chronic diseases monitoring and management. *Computer methods and programs in biomedicine*, 153:93–104, 2018.
- [3] Giuseppe Agapito, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro. A parallel software pipeline for personalized medicine. 2018.
- [4] Giuseppe Agapito, Mario Cannataro, Mauro Castelli, Riccardo Dondi, and Italo Zoppis. Editorial of the special issue of the 10th workshop on biomedical and bioinformatics challenges for computer science bbc 2017, 2018.
- [5] Agapito, Giuseppe, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro. "Parallel extraction of association rules from genomics data." *Applied Mathematics and Computation*, Elsevier (2017).
- [6] Francesca Scionti, Maria Teresa Di Martino, Simona Sestito, Angela Nicoletti, Francesca Falvo, Katia Roppa, Mariamena Arbitrio, Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Agapito, Antonio Pisani, et al. Genetic variants associated with fabry disease progression despite enzyme replacement therapy. *Oncotarget*, 8(64):107558, 2017.
- [7] Giuseppe Agapito, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro. High performance analysis of omics data: Experiences at university magna graecia of catanzaro. In *High Performance Computing & Simulation (HPCS), 2017 International Conference on*, pages 929–932. IEEE, 2017.
- [8] Giuseppe Agapito, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro. Using genotypeanalytics to analyze pharmacogenomic datasets. In *Proceedings of the 8th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*, pages 740–743. ACM, 2017.
- [9] Giuseppe Agapito and Mario Cannataro. A software pipeline for multiple microarray data analysis. In *Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), 2017 IEEE International Conference on*, pages 1941–1944. IEEE, 2017.
- [10] Giuseppe Agapito, Mario Cannataro, Mauro Castelli, Riccardo Dondi, and Italo Zoppis. 10th workshop on biomedical and bioinformatics challenges for computer science-bbc2017. *Procedia Computer Science*, 108:1113–1114, 2017.

- [11] Giuseppe Agapito, Barbara Calabrese, Pietro H Guzzi, Gionata Fragomeni, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, and Mario Cannataro. Parallel and cloud-based analysis of omics data: Modelling and simulation in medicine. In *Parallel, Distributed and Network-based Processing (PDP)*, 2017 25th Euromicro International Conference on, pages 519–526. IEEE, 2017.
- [12] Giuseppe Agapito, Pietro H Guzzi, and Mario Cannataro. Challenges and opportunities for visualization and analysis of graph-modeled medical data. 2017.
- [13] Giuseppe Agapito, Pietro H Guzzi, and Mario Cannataro. Genotypeanalytics: a restful platform to mine multiple associations between snps and drug response in case-control studies. *PeerJ PrePrints*, 2017.
- [14] Giuseppe Agapito, Pietro H Guzzi, and Mario Cannataro. Learning association rules for pharmacogenomic studies. In *International Workshop on New Frontiers in Mining Complex Patterns*, pages 1–15. Springer, Cham, 2017.
- [15] Giuseppe Agapito, Mariadelina Simeoni, Barbara Calabrese, Giorgio Fuiano, and Mario Cannataro. Dietos: a recommender system for health profiling and diet management in chronic diseases. In *Second International Workshop on Health Recommender Systems*, page 32, 2017.
- [16] Arbitrio, M., Di Martino, M.T., Barbieri, V., Agapito, G., Guzzi, P.H., Botta, C., Iuliano, E., Scionti, F., Altomare, E., Codispoti, S. and Conforti, S., 2016. Identification of polymorphic variants associated with erlotinib-related skin toxicity in advanced non-small cell lung cancer patients by DMET microarray analysis. *Cancer chemotherapy and pharmacology*, 77(1), pp.205-209.
- [17] Agapito, G., Botta, C., Guzzi, P.H., Arbitrio, M., Di Martino, M.T., Tassone, P., Tagliaferri, P. and Cannataro, M., 2016. OSAnalyzer: A Bioinformatics Tool for the Analysis of Gene Polymorphisms Enriched with Clinical Outcomes. *Microarrays*, 5(4), p.24.
- [18] Di Martino, Maria Teresa, Francesca Scionti, Simona Sestito, Angela Nicoletti, Mariamena Arbitrio, Guzzi P. Hiram, Valentina Talarico et al. "Genetic variants associated with gastrointestinal symptoms in Fabry disease." *Oncotarget* (2016).
- [19] Arbitrio, Mariamena, Maria Teresa Di Martino, Francesca Scionti, Giuseppe Agapito, Pietro Hiram Guzzi, Mario Cannataro, Pierfrancesco Tassone, and Pierosandro Tagliaferri. "DMETTM (Drug Metabolism Enzymes and Transporters): a Pharmacogenomic platform for precision medicine." *Oncotarget* (2016).
- [20] M. Milano, G. Agapito, P.H. Guzzi, M. Cannataro: An Experimental Study of Information Content Measurement of Gene Ontology Terms. *International Journal of Machine Learning and Cybernetics*.
- [21] M. Arbitrio; M. T. Di Martino, M.D.; V. Barbieri, M.D.; G. Agapito; P. H. Guzzi; C. Botta, M.D.; E. Iuliano, M.D.; F. Scionti; E. Altomare; S.

Codispoti; S. Conforti, M.D.; M. Cannataro; P. Tassone, M.D.; "Identification of polymorphic variants associated to Erlotinib-related skin-toxicity in advanced Non Small Cell Lung Cancer patients by DMET microarray analysis", Journal Cancer Chemotherapy and Pharmacology, vol. 77, pp 205 - 209, 2015.

- [22] Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Agapito, Marianna Milano, Mario Cannataro: "Methodologies and experimental platforms for generating and analysing microarray and mass spectrometry-based omics data to support P4 medicine". Briefing in Bioinformatics, 2015, 1-9 doi:10.1093/bib/bbv076.
- [23] Giuseppe Agapito, Marianna Milano, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro: "Extracting Cross-Ontology Weighted Association Rules from Gene Ontology Annotations". IEEE/ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS, VOL. 12, 2015
- [24] Giuseppe Agapito, Pietro H Guzzi, Mario Cannataro: "DMET-Miner: Efficient Discovery of Association Rules from Pharmacogenomic Data", Journal of Biomedical Informatics, Volume 56, August 2015, Pages 273-283, ISSN 1532-0464, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jbi.2015.06.005>.
- [25] Giuseppe Agapito, Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Marianna Milano: "Using GO-WAR for Mining Cross-Ontology Weighted Association Rules. Elsevier, Computer Methods and Programs in Biomedicine, (2015).
- [26] P.H. Guzzi, G. Agapito, M. Cannataro: *coreSNP Parallel Processing of Microarray Data*. IEEE Transaction on Computers, Vol. 63(12): 2961-2974 (2014).
- [27] C. Pastrello, D. Otasek, K. Fortney, G. Agapito, M. Cannataro, E. Shirdel, and I. Jurisica, "Visual Data Mining of Biological Networks: One Size Does Not Fit All", PLoS Comput Biol, vol. 9, no. 1, pp. e1 002 833+, Jan. 2013. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002833>.
- [28] G. Agapito, P. Guzzi, and M. Cannataro, "Visualization of protein interaction networks: problems and solutions", BMC Bioinformatics, vol. 14, no. Suppl 1, pp. S1+, 2013. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-14-s1-s1>.
- [29] P. H. Guzzi, G. Agapito, M. T. Di Martino, M. Arbitrio, P. Tagliaferri, P. Tassone, and M. Cannataro, "DMET-Analyzer: automatic analysis of affymetrix DMET data", BMC Bioinformatics, vol. 13:258, pp. 258+, Oct. 2012. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-13-258>

PUBBLICAZIONI A CONFERENZE INTERNAZIONALI E NAZIONALI

- [30] Agapito G, Guzzi PH, Cannataro M. (2017) GenotypeAnalytics: a RESTful platform to mine multiple associations between SNPs and drug response in case-control studies. PeerJ Preprints 5:e3299v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.3299v1>

- [31] Giuseppe Agapito, Pietro Hiram Guzzi, and Mario Cannataro. 2017. Using GenotypeAnalytics to Analyze Pharmacogenomic Datasets. In Proceedings of the 8th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics (ACM-BCB '17). ACM, New York, NY, USA, 740-743. DOI: <https://doi.org/10.1145/3107411.3108177>
- [32] G. Agapito, P. H. Guzzi and M. Cannataro, "High Performance Analysis of Omics Data: Experiences at University Magna Graecia of Catanzaro," 2017 International Conference on High Performance Computing & Simulation (HPCS), Genoa, Italy, 2017, pp. 929-932. doi: 10.1109/HPCS.2017.157
- [33] Agapito, Giuseppe, Barbara Calabrese, Pietro H. Guzzi, Gionata Fragoneni, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, and Mario Cannataro. "Parallel and Cloud-Based Analysis of Omics Data: Modelling and Simulation in Medicine." In Parallel, Distributed and Network-based Processing (PDP), 2017 25th Euromicro International Conference on, pp. 519-526. IEEE, 2017.
- [34] Agapito, G., Guzzi, P.H. and Cannataro, M. Efficient Data Mining Analysis of Genomics and Clinical Data for Pharmacogenomics Applications, LNCS Proceedings of WILF 2016. Springer Verlag Publishing.
- [35] Agapito, G., B. Calabrese, P. H. Guzzi, M. Cannataro, M. Simeoni, I. Caré, T. Lamprinouidi, G. Fuiano, and A. Pujia. "DIETOS: A recommender system for adaptive diet monitoring and personalized food suggestion." In Wireless and Mobile Computing, Networking and Communications (WiMob), 2016 IEEE 12th International Conference on, pp. 1-8. IEEE, 2016.
- [36] Ciullo, F., Zucco, C., Calabrese, B., Agapito, G., Guzzi, P.H. and Cannataro, M., 2016, July. Computational challenges for sentiment analysis in life sciences. In High Performance Computing & Simulation (HPCS), 2016 International Conference on (pp. 419-426). IEEE.
- [37] Agapito, G., Guzzi, P.H. and Cannataro, M., 2016, October. Parallel processing of genomics data. In Y.D. Sergeyev, D.E. Kvasov, F. Dell'Accio and M.S. Mukhametzhonov eds., AIP Conference Proceedings (Vol. 1776, No. 1, p. 080007). AIP Publishing.
- [38] G. Agapito, A. Greco, M. Cannataro, "BioPaxCOMP: an efficient system for integrating, compressing, and querying BioPAX", 2016, PeerJ Preprints
- [39] G. Agapito, P.H. Guzzi, C. Botta, M. Arbitrio, P. Tassone, P. Tagliaferri and M. Cannataro: "Overall Survival Analyzer: a software tool to analyze genotyping and clinical data enriched with temporal events" IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), (Washington D.C., 9-12 Novembre 2015)
- [40] G. Agapito, M. Milano, P. H. Guzzi, and M. Cannataro. 2015. Efficient learning of association rules from human phenotype ontology. In Proceedings of the 6th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics (BCB '15). ACM, New York, NY, USA, 568-573.
- [41] Agapito G.; Milano, M.; Guzzi, P. H.; Cannataro, M.: "Improving Annotation Quality in Gene Ontology by Mining Cross-Ontology Weighted

- Association Rules*" IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), (Belfast, 2-5 Novembre 2014) Publication Year: 2014
- [42] Agapito G.; Milano, M.; Cannataro, M.; Guzzi, P. H. "A novel weighted association rule mining algorithm to improve annotation quality in Gene Ontology.", Bringing Maths to Life Workshop (BMTL),(Napoli, 27-29 October 2014) Publication Year: 2014
- [43] Milano, M.; Agapito G.; Guzzi, P. H.; Cannataro, M. "Biases in Information Content Measurement of Gene Ontology Terms". IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM),(Belfast, 2-5 Novembre 2014). Publication Year: 2014
- [44] Guzzi, P.H.; Agapito, G.; Di Martino, M.T.; Arbitrio, M.; Tassone, P.; Tagliaferri, P.; Cannataro, M., "DMET-miner: Efficient learning of association rules from genotyping data for personalized medicine", in Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), 2014 IEEE International Conference on , vol., no., pp.59-62, 2-5 Nov. 2014 doi: 10.1109/BIBM.2014.6999127
- [45] AGAPITO Giuseppe, CALABRESE Barbara, CANNATARO Mario, CARÉ Ilaria, FALCONE Daniela, GUZZI Pietro Hiram, IELPO Nicola, LAMPINOUDI Theodora, MILANO Marianna, SIMEONI Mariadelina, "Profiling basic health information of tourists: towards a recommendation system for the adaptive delivery of medical certified nutrition contents". International Conference on High Performance Computing & Simulation (HPCS), July 2014. Pages 616-620. IEEE.
- [46] Agapito G.; Milano, M.; Guzzi, P. H.; Cannataro, M., "GO-WAR: Gene Ontology Based Weighted Association Rules Mining", International meeting on computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistic,(CIBB 2014) (Cambridge, 26-28 June 2014).
- [47] G. Agapito, M. Cannataro, P.H. Guzzi, F. Marozzo, D. Talia, P. Trunfio, "Cloud4SNP: Distributed Analysis of SNP Microarray Data on the Cloud", ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics (ACM BCB) 2013, Washington DC, September 22-25.
- [48] D. Rosu, C. Pastrello, S. Rahmati, G. Agapito, D. Otasek, I. Jurisica, "Intelligent systems for biological pathway integration, modeling, analysis and visualization" Data Integration in the Life Sciences 9th International Conference, DILS 2013, College Park, MD, USA, July, 2013, In Proceedings
- [49] Guzzi P. H., Agapito G., Cannataro M. "SNP-Analyser: Analysis of SNP Microarray Data" Poster Session on "BITS 2011, Eighth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society", Pisa, Italia, 20-22 Giugno 2011.
- [50] Sergio Greco, Francesco Gullo, Giovanni Ponti, Andrea Tagarelli and Giuseppe Agapito, Clustering XML Documents: "A Distributed Collaborative Approach", Italian Symposium on Advanced Database Systems SEBD 2010, Rimini, Italia Giugno 2010.

CAPITOLI DI LIBRI

- [51] G. Agapito, "*General-Purpose Computation, Graphics Processing Units*", Chapter in: *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 816–819.
- [52] G. Agapito, "*Grid Computing, Parallelization Techniques*", Chapter in: *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 868–870.
- [53] G. Agapito, "*MPICH-G2*", Chapter in: *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 871–872.
- [54] G. Agapito, "*GridMPI*", Chapter in: *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 871–872.
- [55] Giuseppe Agapito, Marianna Milano "*Ontology-Based Analysis of Microarray Data*" Chapter in: *Methods in Molecular Biology* DOI 10.1007/7651_2015_249 2 Springer Science+Business Media New York 201

Cosenza, 9 luglio 2019

Giuseppe Agapito

Con la presente autorizzo i destinatari del curriculum al trattamento dei miei dati personali ai sensi della legge 196/03. Inoltre, il sottoscritto Giuseppe AGAPITO, dichiara, sotto la propria responsabilità ai sensi e per gli effetti del DPR 28/12/2000 n. 445, che i dati e le informazioni inserite nel seguente curriculum corrispondono al vero.

