

Curriculum Vitae et Studiorum
di **Pierangelo Veltri**
Professore Associato - Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche
Università Magna Graecia di Catanzaro

Informazioni Personali

Nome e Cognome	Pierangelo Veltri
Data di Nascita	30 Aprile 1973
Luogo di Nascita	Cosenza
Cittadinanza	Italiana
Indirizzo professionale	Campus Universitario S. Venuta, viale Europa 88100 Germaneto (CZ)
tel. ufficio	0961 3694149
tel. cell.	331 671 82 79
email	veltri@unicz.it
Lingue straniere	Inglese e Francese (entrambe parlato e scritto)

Indice

1	Breve biografia	2
2	Titoli, abilitazioni e indicatori scientifici	3
3	Argomenti di interesse scientifico ed attività di ricerca	4
3.1	Big Data e sistemi informativi	4
3.2	Bioinformatica	5
3.3	Sistemi informativi clinici (2006-ad oggi)	7
4	Progetti di Ricerca e Collaborazioni Scientifiche	9
4.1	Responsabilità di progetti di ricerca	9
4.2	Partecipazione a progetti di ricerca	10
4.3	Attività di Revisione di progetti	11
5	Altre Attività Scientifiche	11
5.1	Membro di comitati editoriali di riviste e conferenze	11
5.2	Membro di comitati di valutazione di dottorato	12
5.3	Collaborazioni Internazionali	12
6	Prototipi di ricerca e sistemi prototipali	13
7	Attività didattiche	15
7.1	Docenze in corso	15
7.2	Docenze presso università straniere	15
7.3	Docenze pregresse in Ateneo	15
7.4	Altre attività di docenza	17
8	Attività organizzative e di coordinamento	18

9	Attività di consulenza e di supporto	18
10	Pubblicazioni Scientifiche	20
10.1	Libri	20
10.2	Pubblicazioni su Rivista	20
10.3	Pubblicazioni in atti di convegni internazionali	26
10.4	Capitoli di Libri	42
10.5	Pubblicazioni in atti di convegni nazionali	43

1 Breve biografia

Professore Ordinario da Dicembre 2020, chiamato in Dipartimento il 12 Febbraio 2020. Maggio 2021, abilitazione a Professore di prima fascia SSD ING INF 06 (Biongegneria elettronica ed informatica). Abilitazione a Professore di Prima Fascia SSD ING INF 05 (dal 2017) e Prima Fascia SSD Inf 01 (dal 2018). Docente di ruolo nel settore scientifico disciplinare Ing-Inf/05 (Sistemi di Elaborazione dell'Informazione) presso il Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche.

Insegna per titolarità nel CdL Triennale in Ingegneria Informatica e Biomedica *Basi di dati e sistemi informativi (9 CFU, Inf-Inf/05)* e nel CdL Magistrale in Ingegneria Biomedica, *Basi di dati avanzate e sistemi clinici (6 CFU Ing-Inf/05)*. E' inoltre titolare del modulo di Informatica (3CFU Ing-Inf/05) per il corso di laurea delle Professioni sanitarie. E' inoltre docente in Scuole di specializzazione in Medicina, per le quali svolge attività di docenza sull'applicazione di tecniche avanzate di sistemi informativi in ambito medico clinico.

E' stato docente di Informatica (INF/01) e di Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (ING/INF-05) per numerosi corsi della Scuola di Medicina e Chirurgia (già Facoltà di Medicina) e per corsi di laurea afferenti al Dipartimento di Scienze Giuridiche (già Facoltà di Giurisprudenza).

Svolge la sua attività di ricerca nel settore della bioinformatica e dell'informatica clinica (health informtics).

Partecipa attivamente a convegni e a comitati editoriali di riviste per settori della bioinformatica ed informatica clinica. Per il 2019 è stato co-chair del comitato di programma della conferenza internazionale ACM-BCB 2019 (ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics). E' editor della rivista ACM SIGBIO record, newsletter di ACM per lo Special Interest Group in Bioinformatics, Computational Biology, and Biomedical Informatics (SIGBio) dal 2013. E' associate editor del *Journal of Healthcare Informatics Research (Springer)* e del *Journal BMC Medical Informatics & Decision Making*. E' vicepresidente del consiglio direttivo della società italiana Informatica Biomedica (SIBIM) costituita nel Febbraio 2016 (www.sibim.it). Nel 2019 è stato referente per l'Ateneo per il gruppo di definizione delle linee guida del Piano Nazionale di Ricerca (PNR) per il tema: Electronics telecommunications and Digital Technologies, mentre è stato delegato del Rettore per il progetto WiFi Sud presso il Dipartimento innovazione presso la Presidenza del Consiglio dei Ministri nel 2009.

Dal 2013 ad oggi, membro del collegio dei docenti del dottorato di ricerca in *Malattie croniche e complesse* dell'Università Magna Graecia di Catanzaro, e dal 2004 al 2012 del collegio dei docenti del ddr in *Ingegneria Biomedica ed Informatica*. E' stato tutor di 7

dottorandi. Ha collaborato e collabora anche per il tramite di scambio di dottorandi con atenei di prestigio in ambito internazionale (Università di Irvine, Università di Dublino, Università di Buffalo, Università di Harvard, Università della Florida, Gainesville).

E' stato cofondatore di uno spin-off insieme a colleghi dell'Università della Calabria (Ithea s.r.l.), nel 2008. Dopo circa 4 anni ha ceduto le quote al gruppo Relatech, azienda tuttora attiva e con sede in Calabria.

E' responsabile scientifico di 2 progetti di ricerca finanziati con fondi europei in ambito POR Regione Calabria attualmente in corso e di un progetto PON MISE 2019 approvato. Coreponsabile di ulteriori 2 progetti POR. E' stato responsabile scientifico di un progetto con il ministero della salute (su fondi regionali) e di un progetto PIA 2010 con partner aziendali. Ha partecipato a numerosi progetti di ricerca.

E' stato responsabile di 6 assegnati di ricerca negli ultimi 5 anni coordinando la loro attività su progetti di ricerca.

Ha svolto attività di supporto a titolo gratuito per l'ente Regione Calabria, per sinergia e collaborazione tra l'ente e l'Università di Catanzaro. Ha svolto attività di progettazione e sviluppo prototipale alla Protezione Civile della Calabria a supporto del Dr. Carlo Tansi nel periodo inizio 2016 - Maggio 2017 (6). Ha svolto attività a titolo gratuito a supporto dell'assessorato ai lavori pubblici per la progettazione e sviluppo del progetto SUE e del fascicolo del fabbricato, da Maggio 2018 ad Aprile 2019.

2 Titoli, abilitazioni e indicatori scientifici

- (2017-ad oggi) Abilitazione scientifica nazionale a professore di prima fascia per il settore concorsuale 09/H1 - Sistemi di elaborazione delle informazioni per il periodo 19/09/2017 al 19/09/2023, (Primo Quadrimestre 2016).
- (2018-ad oggi) Abilitazione scientifica nazionale a professore di prima fascia per il settore concorsuale 01/B1 - Informatica per il periodo dal 07/08/2018 al 07/08/2024.
- (Febbraio 2020) Indicatori Scopus a Febbraio 2020: 201 documenti, 1144 citazioni, h-index = 19.
- (Febbraio 2020) Indicatori Google Scholar al Febbraio 2020: 2291 citazioni, indice H = 24 i10-index= 54.
- Gennaio 2020 - Vincitore di procedura concorsuale per Professore prima fascia SSD ING INF 05 Sistemi di elaborazione delle informazioni
- Dicembre 2012 - ad oggi Professore Associato SSD ING INF-05 Università di Catanzaro Dipartimento Scienze Mediche e Chirurgiche
- Ottobre 2002 - Dicembre 2012 Ricercatore Università di Catanzaro SSD Ing/Inf-05
- Ottobre 2002 conseguimento del titolo di Docteur de Recherche, Ph.D., specialità informatica "Università Paris Sud (Parigi XI, Orsay". Menzione "tres honorable". Titolo della tesi: A view mechanism for a large scale XML repository: design and implementation. (titolo in Francese: Un systme de vues pour les donnes XML du Web : conception et implantation). Direttori di tesi Prof. Sophie Cluet e Prof.

Stephane Grumbach. Membri scientifici di commissione di valutazione: Proff. Sophie Cluet, Stephane Grumbach, Sergio Greco (revisore) Veronique Benzaquen (Presidente) Zhora Bellaseme (revisore).

- 1998-2002 ricercatore presso IINRIA di Rocquencourt nel gruppo VERSO e studente di dottorato presso l'Università di Paris XI Orsay.
- Maggio 1998 Abilitazione all'esercizio della professione di ingegnere.
- Aprile 1998. Laurea in Ingegneria Informatica, orientamento Elettronica e Telecomunicazioni, con Lode.
- 1991. Diploma di maturità scientifica con voti 60/60.
- (2018) Primo posto al challenge IBM Watson con il progetto sull'analisi di segnali vocali, idea selezionata per il challenge europeo svoltosi a Cannes nel 2018.

3 Argomenti di interesse scientifico ed attività di ricerca

Le attività di ricerca riguardano la bioinformatica ed i sistemi informativi clinici, le basi di dati ed i sistemi di integrazione, l'estrazione di informazioni da Big Data con tecniche avanzate, la modellazione di processi [1].

Le attività di ricerca svolte dal 1998, anno di inizio di ricerca post laurea, possono essere riportate come segue:

1. **Basi di dati e sistemi informativi.** Include studi su basi di dati spaziali, basi di dati eterogenee, integrazioni di dati ed estrazione di informazioni da dati medico clinici, big data, open data.
2. **Bioinformatica.** Include, proteomica con spettrometria di massa, predizione di strutture proteiche, predizione di complessi di proteine, predizione di strutture DNA e GQuadruplex, analisi genomica di mRNA-seq utilizzando piattaforme NGS (Next Generating Sequences) [6].
3. **Health informatics e sistemi informativi clinici:** rientrano in tale aree le esperienze di progettazione, implementazione e testing di sistemi a supporto della gestione di dati nel settore biomedicale e clinico [5, 14].

3.1 Big Data e sistemi informativi

Basi di dati spaziali e ottimizzazione di interrogazioni (1998 ad oggi) Pierangelo Veltri inizia la sua attività di ricerca nel 1998 sui sistemi informativi spaziali, interessandosi soprattutto dei modelli legati alla rappresentazione di dati spaziali e temporali e alla loro modellazione. In particolare si concentra sul filone dei sistemi di gestione dei dati spaziali basati su modello con vincoli lineari, dove sistemi di equazioni lineari sono usate per la rappresentazione di informazioni spaziali e temporali. In tale ambito propone delle tecniche di ottimizzazione di interrogazioni su dati spaziali, basate su tecniche di filtering dei dati [15,145,142]. Tali tecniche sono state implementate e testate nel sistema DEDALE

(<http://gemo.futurs.inria.fr/dedale/>), un prototipo di sistema di gestione di dati basato su vincoli lineari, utilizzato nella tesi di dottorato (1998-2002).

Nel 2002, le sue competenze verso i sistemi geografici, gli hanno permesso di gestire per conto del DEIS, Università della Calabria, un progetto di ricerca con l'Autorità di Bacino Regionale della Calabria finalizzata alla definizione di un sistema per il monitoraggio temporale sul sistema cartografico calabrese e dei cambiamenti sulle aree a rischio.

Dal 2004, grazie ad una maggiore collaborazione con la componente clinica a seguito dello spostamento al nuovo Campus di Germaneto, le sue competenze gli consentono di dare contributo su progetti in ambito epidemiologico per il controllo di patologie e relazioni con il territorio con numerosi risultati successivi riportate in rivista [11] ma anche in convegni internazionali in area dell'informatica medica quali in AMIA 2017, la più prestigiosa conferenza di informatica clinica [25]. Contribuisce alla realizzazione di un sistema territoriale che possa monitorare le informazioni cliniche su un territorio a scala regionale o nazionale per la prevenzione ed il monitoraggio della diffusione geografica di malattie [11].

Basi di dati semistrutturate ed integrazione di sorgenti eterogenee (2000-2008)

Pierangelo Veltri, insieme a Vincent Aguilera e guidati da Sophie Cluet e Tova Milo, hanno lavorato ad un sistema innovativo di integrazione ed interrogazione di repository di documenti non strutturati. Questo grazie ad un sistema innovativo basato su interrogazione di alberi documentali [144]. Tale sistema è stato anche sottoposto a brevetto e rilasciato alla società Xyleme S.a. e parte della tesi di dottorato di Pierangelo [141], [48].

Il sistema di integrazione è stato utilizzato per integrare sorgenti eterogenee di dati medico clinici e per la modellazione di dati spettrometrici arricchiti di metadati. Si è interessato anche di collezionamento (crawling) e dello studio statistico sulla distribuzione di dati XML sul Web [43].

In ambito clinico, l'esperienza effettuata nei primi anni di ricerca si è rilevata molto utile grazie all'uso di XML per la definizione di un sistema di gestione di cartelle cliniche basato su viste XML che usano una tecnica GAV su cartelle cliniche pubblicate (opportunamente proteggendo i dati personali) da ospedali distribuiti sul territorio e membri di una rete peer to peer. Il risultato della ricerca è stato lo sviluppo di un sistema peer-to-peer per la condivisione di cartelle cliniche tra diversi ospedali che applicano protocolli di dati eterogenei [36].

Recentemente, sistemi No-SQL sono stati studiati per la gestione documentale di dati clinici e loro integrazione di in sistemi eterogenei.

3.2 Bioinformatica

Le esperienze di computer science vengono impiegate da Pierangelo appena prende servizio nell'Ateneo di Catanzaro (7 Ottobre 2002) come ricercatore nel SSD ING INF 05, nello studio di modelli e di soluzioni per gestire dati offerti da analisi biologiche. In tale direzione il contributo è dato soprattutto verso la definizione di sistemi a supporto degli esperimenti di laboratorio su proteine (proteomica), su geni (genomica) ma anche su sistemi clinici.

Proteomica e spettrometria di massa (2004 ad oggi). Uno dei primi argomenti trattati in ambito biologico ha riguardato la proteomica e l'analisi di dati biologici provenienti da spettrometro di massa. Uno spettro di massa consente di associare ad un campione

biologico, al contenuto qualitativo e quantitativo di proteine. Dal punto di vista biologico, l'associazione di informazioni proteiche con eventuali patologie presenti nel paziente donatore del campione biologico, possono essere informazioni preziose per studiare e progettare terapie. Il lavoro in particolare si è concentrato verso lo studio dei tumori ereditari [140], con il disegno di una piattaforma finalizzata a supportare le fasi di studio e analisi della biologia molecolare e medicina oncologica [34]. Le tecniche usate generano dati spettrometrici di grosse dimensioni aprendo interessanti fronti di ricerca nell'ambito delle gestioni delle informazioni.

In tale ambito si interessa ai modelli di rappresentazione dei dati spettrometrici [125], [126], e all'uso di sistemi distribuiti per la rappresentazione di dati spettrometrici provenienti da diversi laboratori [40], alle tecniche di identificazione di proteine a partire da spettri, e alle problematiche di eliminazione del rumore e di pre-elaborazione dei dati grezzi (ossia forniti dalla apparecchiatura) per consentire successiva analisi [127], [136]; contribuisce alla definizione di una piattaforma per problem solving environment in proteomica, Proteus di supporto agli esperimenti [130], [132],[133], ed un tool per la composizione di esperimenti spettrometrici [41], [123], [103]. Risultati scientifici in tale ambito sono state anche validati da pubblicazioni in ambito prettamente clinico/biologico [140,44, 34], [??], [35].

Classificazione e clustering, usati su dati spettrometrici sono riportati in [??, 23], basate su uso di serie temporali per la classificazioni di dati spettrometrici.

Un sistema di preprocessing per dati spettrometrici, a supporto dell'analisi successiva (con o senza serie temporali) è stato proposto in [??] e in [31].

Infine, grazie alla definizione e implementazione di un sistema chiamato EIPEptiDi (Per Enhanced Icat Peptides Identification Discovery Tool) [37], si è reso disponibile on line un sistema che riesce ad aumentare di quasi il doppio il numero di proteine identificate in un esperimento MS/MS. Tali tecniche sono state recentemente riprese nell'analisi di correlazione tra proteine e patologie neoplastiche [1].

Predizione di strutture proteiche (2007-2013) La conformazione geometrica nello spazio delle macromolecole che compongono le proteine (amminoacidi) costituiscono per ciascuna proteina la sua caratterizzazione funzionale. Ad oggi i soli metodi di definizione esatti che esistono sono molto onerosi e richiedono tempi di gran lunga superiori alla scoperta di nuove proteine.

Pierangelo Veltri, ha collaborato con il gruppo del Prof Palopoli dell'Unical e del Prof. Pollastri, University College di Dublino, su sistemi di predizione di strutture proteiche, sviluppando un sistema, chiamato JSSPrediction, un sistema di predizione di struttura secondaria [??,??, 30].

Insieme al gruppo del Prof. Gianluca Pollastri (University College of Dublin) ha partecipato al challenge CASP grazie alla collaborazione che ha portato al miglioramento del sistema Dystill di predizione [17].

Predizione di complessi e di reti di proteine (2010-ad oggi) Grazie all'esperienza maturata nell'ambito della predizione di proteine, ha partecipato alla stesura di algoritmi per la predizione del comportamento funzionale delle proteine in reti di interazioni, rappresentate come strutture a grafo. In tale direzione, il contributo è stato nella definizione di tool di predizione del comportamento delle reti di interazioni protein-to-protein mediante l'uso di algoritmi di interazione [??, 8].

Predizione di GQuadruplex (2012-ad oggi) Sempre nella direzione di definire tecniche di analisi dei dati per predizione di strutture e comportamenti, dal 2012 inizia, grazie alla collaborazione con il gruppo di farmacologia dell'Università di Catanzaro del Prof. Alcaro, alla definizione di un sistema prototipale di predizione di strutture quadruplex ovvero di conformazioni e folding nei filamenti di RNA che possano inibire la sintesi proteica legata ad alcuni geni [121]. Tale lavoro è stato inoltre oggetto di risultato di un contributo nell'ambito di un progetto PRIN 2010 con la collaborazione dell'Unical e del Politecnico di Milano.

Analisi di dati miRNA ed mRNA (2014-ad oggi) Grazie alla collaborazione con il gruppo di biologia della cardiologia interventistica, inizia ad interessarsi di tecniche di analisi di dati provenienti da esperimenti microarray ed NGS (Next Generation Sequencing), tecniche in grado di generare moli enormi di dati con ridondanza. Nell'ambito delle attività di studio è emersa la possibilità di progettare e sviluppare moduli di analisi finalizzati alla estrazione di poche, ma significative informazioni a partire da volumi di dati elevati (nell'ordine dei Gigabyte ad esperimento). Infine il lavoro ha portato alla collaborazione per una pubblicazione scientifica sulla prestigiosa rivista **Nature** [6].

Analisi di dati genomici provenienti da microarray (2008-ad oggi) Nel 2007, grazie all'acquisizione della piattaforma di analisi per microarray Affymetrix da parte della Fondazione T. Campanella, l'Università ha iniziato l'investigazione dei profili di espressione genica e dei polimorfismi a singolo nucleotide. Sono state sviluppate diverse tecniche di analisi dei dati anche basati su ontologie.

Analisi di LongNonCoding RNA (2016-ad oggi) Grazie alla collaborazione scientifica con l'Università di Irvine con il Prof. Baldi, inizia una attività scientifica sulle tematiche legate ai Long Non Coding, che sono una porzione di RNA solo recentemente considerati come di interesse nei processi di traduzione.

Griglie computazionali ed ontologie a supporto della proteomica (2004-2010)
L'esperienza nel progetto di ricerca FIRB Grid.it [129] per la definizione di piattaforme computazionali basati su Griglie, ha portato anche a soluzioni di applicazioni bioinformatiche su griglia computazionale [133, 46, 47], studiando lo stato dell'arte sugli algoritmi usati in bioinformatica [124] e proponendo un ambiente di problem solving basato su griglia che faccia uso di ontologie [39], [44], [45], un ambiente basato sull'utilizzo di una ontologia, anche distribuita su griglia [42] per la gestione di sorgenti di dati, algoritmi e tecniche in ambito bioinformatico e proteomico [135, 130, 134], [38].

3.3 Sistemi informativi clinici (2006-ad oggi)

La collaborazione con i colleghi del policlinico universitario Mater Domini di Catanzaro, apre ampi spazi alla ricerca applicata ai settori clinici. Di seguito alcuni progetti.

Segnali vocali e patologie croniche (2010-ad oggi) Grazie ad una collaborazione con i clinici del laboratorio di Otorinolaringoiatria (referente Prof. N. Lombardo), viene sviluppato un sistema web based per l'analisi e successiva classificazione delle voci sane e

patologiche. L'attività iniziata nel 2010 è andata avanti con applicazioni anche in ambito di patologie croniche e degenerative [??], finalizzata ad identificare pattern associabili a patologie croniche.

E' stato sviluppato un sistema web based per le procedure di analisi delle componenti in frequenze e che consente al paziente di effettuare dei test in autonomia e al clinico di monitorare lo stato dei suoi pazienti (post operazione chirurgica) o di analizzare nuovi casi. Un sistema prototipale chiamato ReVa (per Remote Voice Analysis) è stato sviluppato e poi testato presso il laboartorio di otorinolaringoiatria, come un sistema web based di controllo delle patologie e dei processi riabilitativi. La ricerca scientifica è stata presentata a conferenze internazionali [94] e pubblicato su rivista [33].

E' stato realizzato una piattaforma equivalente per la parte mobile, grazie anche alla collaborazione con una azienda partner IBM [18], un sistema per uso mobile chiamato VOTA per Vocal Tract Analysis System. Il risultato stata la selezione alla partecipazione nazionale del Watson Build challenge.

Infine attualmente è in corso una progettazione per un sistema di logopedia applicata per la riabilitazione (ottobre 2019).

Integrazione di dati da cartelle cliniche (2006-ad oggi) Sono state fatte numerose esperienze sulla gestione dei dati clinici e su proposta di molti colleghi del policlinico universitario, sviluppate soluzioni per l'analisi integrate di dati, fin dall'inizio attività di studio confluiti poi in studi di FSE (Fascicolo Sanitario Elettronico). Alcuni dei risultati sono riportati in: [9], [36]. L'analisi di dati clinici e biologici è stato sempre la base di collaborazioni medico cliniche che hanno portato spesso a risultati scientifici interessanti. In una delle conferenze pi rinomate nell'ambito dei sistemi clinici, ad esempio, è stata pubblicato un lavoro di analisi di dati in ambito diabetologico e in collaborazione con l'Università di Buffalo [25].

Cardiolab: sistemi informativi a supporto dell'emodinamica (2011-2018) . In collaborazione con l'equipe di emodinamica guidata dal prof. Indolfi, Pierangelo Veltri ha attivato una serie di progetti finalizzati alla realizzazione di una sala multimediale di integrazione dei dati.

Il primo sistema realizzato è Cartesio [5], un sistema di ausilio per l'ottimizzazione dei processi decisionali legati ala scelta delle dimensioni degli stents da posizionare in operazioni di angioplastica. Il dimensionamento è fatto usando l'esperienza clinica del medico chirurgo che interviene. Grazie all'uso di Cartesio supportato dall'uso di cateteri con tacche radio-opache posizionate a distanza nota, è possibile misurare e dimensionare degli stents da posizionare nei vasi. Questo stato anche presentato di recente come tecnologia su rivista [5], con confronti a tecniche di progettazione CAD (Comsol Software Tool).

Inoltre sono stati anche sviluppati sistemi di predizione delle fibrillazioni atriali, mediante analisi on line dei segnali provenienti da poligrafo [14], utilizzato per misurare e monitorare pazienti durante le fasi di studio elettrofisiologico in sala operatoria.

Analisi di Immagini DICOM da Medicina Nucleare (2010-ad oggi) . In Collaborazione con il gruppo di medicina nucleare e neuroradiologia sono stati sviluppati software

di analisi e di interazione con sistemi diagnostici di tipo PET o RM. E' stato sviluppato un algoritmo basato sulle ROI (Regions of Interests) al fine di poter supportare l' esame diagnostico da parte del medico esperto. E' stata sviluppata una piattaforma chiamata AutoSPET per l'automazione dei processi di elaborazione delle immagini biomedicali usando software riconosciuti internazionalmente quali SPM [19], [18], nonché un software per l'analisi delle immagini e la risposta mnemonica dei pazienti, chiamato StimARE [21].

Attualmente sono in corso lavori scientifici in collaborazione con i colleghi di medicina nucleare per l'identificazione dei livelli di glucosio nel miocardio in pazienti affetti da patologie vascolari utilizzando tecniche di analisi di immagini [39], lavoro tuttora in via di sviluppo.

Con il gruppo di ricerca guidato dal Prof. Cascini di medicina nucleare, inoltre, sono stati portati avanti progetti di ricerca finanziati che hanno portato a risultati scientifici.

4 Progetti di Ricerca e Collaborazioni Scientifiche

4.1 Responsabilità di progetti di ricerca

Ha partecipato come responsabile scientifico per i seguenti progetti di ricerca:

- **PON Mise 2019: Validating Query Answering.** Responsabile Scientifico per l'Università di Catanzaro di un progetto PON Mise approvato e in attesa di decreto definitivo (budget Università 800 mila euro). In tale progetto guida l'identificazione di pattern da segnali e dati clinici per supportare validazione di query complesse.
- **POR PIH-GIS 2017-ad oggi.** Responsabile per l'Università di Catanzaro del progetto POR FESR 2013-2020 per la definizione di una piattaforma epidemiologica (capofila azienda Exabit s.r.l.). Valore del progetto 600 mila euro circa, di cui 150 Università di Catanzaro.
- **POR Telemetria 4.0, 2017-2019.** Responsabile per l'Università di Catanzaro del progetto POR FESR 2013-2020 per la definizione di sistemi di telemetria indoor applicabili con algoritmi di ottimizzazione (capofila azienda Ubiquicom s.r.l.). Valore del progetto 500 mila euro circa, di cui 100 Università di Catanzaro.
- **PIA - GIDAC, 2014-2016** Responsabile scientifico del progetto di ricerca per annotazione di immagini biomedicali, finanziato con fondi di ricerca Europei su Bando PIA Regione Calabria (valore 500 mila euro), il progetto ha visto coinvolti 5 docenti dell'Ateneo, 2 assegnisti di ricerca ed una azienda di sviluppo software.
- **Progetto CCM - Ministero della Salute 2012-2014 .** Responsabile scientifico e promotore con l'istituto superiore di sanità , la Regione Calabria, la regione Campania e la task force veterinaria della Regione Calabria per lo studio e realizzazione di un sistema per il monitoraggio della pressione zoonostica sul territorio (valore del progetto 350 mila euro, di cui 80 mila unica).
- **P2P -CKMS-SSDM: Modelli e Tecnologie Collaborativi a Supporto di Sistemi Sanitari, 2004-2005** Responsabile del progetto, per lo sviluppo di soluzioni

di interoperabilità tra attori nei sistemi sanitari. Partecipanti: Università della Calabria (DEIS), Università di Catanzaro, ICAR CNR, Calió Informatica. Fondi POR Calabria misura 3.16.

- **Wi-Fi Sud S. Venuta. 2008 -2011** Responsabile scientifico progetto per l'attuazione del WiFi nel Campus d'Ateneo e per l'implementazione di servizi informativi per gli studenti; finanziamento Ministero dell'Innovazione, responsabile Dipartimento di Innovazione della Presidenza del Consiglio dei Ministri (budget di circa 500 mila euro).

4.2 Partecipazione a progetti di ricerca

Partecipa a numerosi progetti di ricerca contribuendo alla riuscita degli stessi. Di seguito si elencano i progetti cui ha partecipato.

- **POR Sistabene 2017-ad oggi.** Co responsabile del progetto POR Sistabene per la definizione di procedure di tracciabilità in ambito agroalimentare.
- **POR Simpatico 3D, 2017-2019.** Co responsabile insieme al prof Cascini di un progetto per la realizzazione di un sistema informativo atto alla ricostruzione 3D di immagini biomedicali.
- **INNOPROST - 2017 ad oggi .** Partecipa al progetto per fondi POR (capofila Clinica ROmolo Hospital, per la definizione di un sistema di tracciamento per dati in ambito clinica urologica.
- **K in F Knowledge in Farm . 2007** Si occupa, nell'ambito del progetto con Almagora S.p.A. per conto del DEIS Unical dello sviluppo di soluzioni di estrazione di informazioni sui processi di alimentazione nelle aziende agricole.
- **PON Cardiotech 2012-2014 .** Membro del progetto Cardiotech (capofila Università Magna Graecia di Catanzaro), finanziato su fondi PON. Responsabile del modulo di progettazione e sviluppo di sistemi di acquisizione e analisi segnali biomedicali da angiografo ed elettrocardiografo.
- **PON Smart Health 2013-2015** Partecipa al progetto ed è responsabile dello sviluppo e della sperimentazione degli applicativi (apps) per il monitoraggio del wellness. Il progetto, (capofila Engineering S.p.A. e Noemalife S.p.A.), vede partecipare aziende e centri di ricerca con sede in Calabria, Sicilia, Campania, Puglia.
- **PON Master Health Knowledge 2014-2015** Responsabile del Master Health Knowledge Management per 16 studenti con laurea.
- **PON Dicet InMOTO 2013-2015** Membro del progetto, si è occupato dello studio di modelli per il tracciamento di informazioni a partire dal tracciamento di informazioni da rete GSM di apparecchi mobili per il tracciamento di flussi turistici.
- **PON Neuromasures 2015-2016** Partecipa al progetto PON NEUROSTAR (PON01) e NEUROMEASURES (PON03).

- **PRIN GenData2020 (2012-2015)** membro con Unical del progetto PRIN per lo sviluppo di una piattaforma per basi di dati genomiche in grado di estrarre informazioni da analisi su geni attraverso piattaforme di nuova generazione di tipo NGS (Next Generation Sequencing) o microarray. Capofila Politecnico di Milano.
- **EasyDoc - PIA (2013-2015)** Partecipa al progetto per conto dell'Ateneo di Catanzaro. Fondi regione calabria, finalizzato allo sviluppo di un sistema per l'estrazione di informazioni da PDF.
- **Progetto Sircom (2009-2015)**. Partecipa al progetto che vede lo sviluppo di piattaforme di supporto virtuale alla visita di ambienti turistici. Finanziato su fondi FIT, ministero dello sviluppo, partecipa come referente di Ateneo nella Scarl Cultura e Innovazione. Capofila Infobyte s.p.a.
- **PON ICARE (2013-2016)** Partecipa al progetto per la medicina Rigenerativa e la generazione di biobanche per la crioconservazione di cellule staminali umane e di tessuto osseo per uso clinico e design e sviluppo di bioscaffold innovativi.
- **PON Ba2Know (2013-2016)** Partecipa al progetto PON come nodo università di Catanzaro.

Infine, dal 2006, con il trasferimento presso il campus di Germaneto anche del policlinico universitario, si occupa di progetti interni all'ateneo per lo studio di sistemi informativi clinici erogati dal laboratorio di Bioinformatica a scopo scientifico e di ricerca. Tra questi, sistemi di controllo dei segnali vocali, sistema di monitoraggio e controllo delle liste di attese, sistema di controllo dei flussi in sala operatoria. Alcuni di questi sono stati oggetto di partecipazione a selezione di progetti di ricerca.

4.3 Attività di Revisione di progetti

Dal 2010 al 2015, revisore per conto della società FinPiemonte S.p.A. di progetti POR Regione Piemonte.

Nel 2013 Revisore di progetti MIUR- PRIN in ambito bioinformatico.

Revisore per conto di Campania Ricerca nel 2018, e per conto di Regione Puglia (tramite ente attuatore) nel 2019.

Membro di commissione valutazione di progetti PIT Regione Calabria 2007.

5 Altre Attività Scientifiche

5.1 Membro di comitati editoriali di riviste e conferenze

Editorial Board come associate editor della rivista Springer Healthcare Informatics (Editor in chief Chrstofer Yang, Drexel University). Editorial Board di BMC health informatics. PC Member, Publicity chair e membro dell'organizzazione della conferenza ACM BCB dal 2015 al 2018. Dal 2014 ad oggi, Editor della rivista ACM SIGBio Record. Co-chair dell'edizione Special Issue della rivista JOCS Elsevier 2011 su Advanced Computing Solutions for Health Care and Medicine. Co-chair di uno dei convegni in concomitanza con la conferenza Computer-Based Medical Systems (CBMS) nelle edizioni dal 2006 al 2011.

Membro del comitato di programma di numerose conferenze scientifiche internazionali, in ambito delle basi di dati ma anche della bioinformatica e dei sistemi informativi clinici. Tra queste: Computational Science (ICCS dal 2008 al 2015), CBMS 2014, e CBMS 2015, World Wide Web (WWW) 2004, ACM Workshop on Web Information and Data Management (WIDM 2006), Conference on Web Intelligence (WI) 2005. IWBNA workshop nell'ambito del convegno ACM BCB su bioinformatica. Membro del comitato di programma del workshop BHI del 2012, e di SHB 2012. Per tali convegni ha svolto attività di revisione, e similmente per altri congressi nazionali ed internazionali, tra cui le conferenze PODS (Principles of Database Systems) edizione 2007, SIGMOD (ACM-SIGMOD Int. Conf. on Management of Data) edizione 2002, SAC 2008, Upgrade CDN 2007, Europar 2005 e 2006, DataX 2004, WI 2004. Revisore per riviste specifiche nell'ambito della bioinformatica, quali Briefing in Bioinformatics, BMC Bioinformatics (2006 e 2007), Bioinformatics, Concurrency and Computation (issue 2005), IJAR special issue on Approximate reasoning and Machine learning for Bioinformatics.

5.2 Membro di comitati di valutazione di dottorato

Membro della commissione di dottorato Università di Dublino a.a. 2011/2012. Commissario per il dottorato in Ingegneria Informatica ed Elettronica Università di Reggio Calabria (2015). Membro di commissione di dottorato di ricerca in Informatica Dipartimento di Matematica Unical per l'anno accademico 2013/2014.

Membro per la commissione di dottorato in Ingegneria Informatica Elettronica e Sistemistica del DIMES nel 2019.

E' stato membro di commissione di valutazione del dottorato in Ingegneria Biomedica presso Università di Pavia (2018).

5.3 Collaborazioni Internazionali

Dal 1998 al 2002 lavora all'INRIA di Rocquencourt facendo formazione ed esperienza di collaborazioni internazionali. Dal 2000 al 2002 lavora con Sophie Cluet per lo sviluppo di un sistema di integrazione ed interrogazione di viste su dati semistrutturati. Nello stesso periodo collabora con l'equipe CEDRIC dei laboratori dello CNAM (Conservatoire Nationale des Artes et Métiers), in particolare con Dr. Philippe Rigaux, responsabile nel progetto del componente Query Language del sistema DEDALE per dati spaziali. Collabora con il dipartimento LIPN (Laboratoire d'Informatique Paris Nord) dell'Institut Galilee, diretto dal Prof. Christophe Fouquerè .

Nel 2003 collabora ad uno studio sullo stato dell'arte sui documenti XML del web, con colleghi del Canada e IBM di New Dheli.

Nel 2003 si reca in visita presso l'Ohio state University dal Prof. Mauro Ferrari, e collabora alla stesura di documenti programmatici che daranno poi vita ad una serie di iniziative presso l'Università Magna Graecia, tra cui l'istituzione del dottorato di ricerca e l'avvio di progetti interdisciplinari in ambito medico biologico ed ingegneristico.

Dal 2007-2008 collabora con il Prof. Gianluca Pollastri dell'Università di Dublino su attività inerenti la Predizione di strutture proteiche.

Nel 2011 grazie ad alcune collaborazioni nell'organizzazione di convegni, inizia una collaborazione con l'università di Buffalo (Prof. Aidong Zhang, oggi Università della Virginia) e con l'Università di Irvine (CA) (Prof Pierre Baldi).

Dal 2013 inizia una collaborazione con i gruppi internazionli che si occupano di health informatics. Scrive un libro editato su Process Management in Healthcare Processes (CRC press 2017) [1].

Con l'Università della Florida inizia una collaborazione nel 2016 dopo un invito a tenere una relazione presso il Dipartimento di Epidemiologia grazie alla collaborazione con il Prof. Mattia Prosperi. Successivamente è iniziata una collaborazione con il dipartimento di epidemiologia prima e con quello di computer science (Prof. Tamer Kavechi) successivamente, grazie allo scambio di dottorandi (Ottobre 2018- Novembre 2019) e di post doc (Maggio 2016-Novembre 2016).

Similmente inizia una collaborazione da Maggio 2017 con il Massachusset General Hospital ad un progetto di clinical data integration, che attualmente ospita un dottorando di UMG.

6 Prototipi di ricerca e sistemi prototipali

Durante la sua attività ha partecipato alla progettazione ed allo sviluppo di numerosi sistemi e prototipi in ambito di progetti di ricerca. Di seguito se ne riportano i principali.

DEDALE per sistemi geografici (2000-2001) Il sistema DEDALE è un prototipo di sistema di gestione di basi di dati spaziali basato sulla teoria dei vincoli lineari per la rappresentazione delle informazioni. DEDALE, nella sua prima versione è basato sul sistema a oggetti O_2 . Pierangelo Veltri ha contribuito allo sviluppo del parser e dell'esecutore del linguaggio di interrogazione SQL like per DEDALE.

Xyleme (2000-2001) Xyleme è un data warehouse contenente i dati XML provenienti dal Web. Su tali dati vengono progettati una serie di servizi avanzati, tra cui un sistema di interrogazione intelligente, un sistema di storicizzazione dei documenti e un sistema di sottoscrizione ai cambiamenti di documenti pubblicati. Il sistema realizzato ha visto partecipare circa 40 persone tra ricercatori e sviluppatori. In tale progetto Pierangelo Veltri, parte dell'equipe Xyleme Query, ha progettato e sviluppato un sistema di viste per l'interrogazione di documenti XML. Ha inoltre partecipato alla progettazione del query engine e del crawler.

Storicizzazione di dati cartografici (2002-2003) Responsabile progetto per l'integrazione di dati territoriali per l'autorità di Bacino regionale della Calabria. Ha partecipato alla realizzazione di un prototipo per la gestione delle pratiche di riperimetrazione territoriale in ambito del piano di riassetto ambientale (PIA). Il sistema consiste di monitorare i cambiamenti apportati dalle commissioni sul database territoriale onde poter storicizzare i dati e risalire ad eventuali cambiamenti.

Sistema Gestione Cartelle Cliniche oncologiche (SIGMCC 2004-2006) Ha contribuito allo sviluppo di una piattaforma di gestione di dati clinici da scambiare su piattaforma XML e rete peer-to-peer [36], progettando la parte relativa alla gestione delle cartelle cliniche attraverso un sistema di gestione dei dati XML (Berkeley DB).

Sistema di Analisi Segnali vocali (ReVA, VOTA App 2008-oggi) Ha partecipato alla progettazione e sviluppo di un sistema Reva per l'analisi on line dei segnali vocali a supporto del gruppo di otorinolaringoiatria ed al successivo utilizzo con app mobile. Il sistema è stato utilizzato per analisi di dati e voce nei malati neurologici.

MS-Analyzer (2006-2008) Ha partecipato alla progettazione e sviluppo del sistema MS-Analyzer, una piattaforma di composizione visuale di tool a supporto degli esperimenti di spettrometria di massa.

EIPeptiDi (2010-2013) Ha partecipato alla progettazione, insieme al Dr. Marco Gaspari del laboratorio di proteomica, dell'algoritmo alla base del sistema EiPeptiDi, un tool per l'ottimizzazione dell'identificazione di proteine nei processi MS/MS. Ha di seguito coordinato le fasi implementative. Ad oggi il sistema è reso disponibile on line con tecnologia java webstart.

JSSPred (2007-2013) Ha partecipato alla progettazione dell'algoritmo di integrazione per un sistema di predizione di strutture secondarie chiamato JSSPred. Il tool funziona on line e risponde allo stesso modo dei sistemi di predizione disponibili.

Cartesio (2010-2016) Ha partecipato allo sviluppo di una piattaforma a supporto delle attività di dimensionamento degli stents posizionati durante le operazioni di angioplastica. Il sistema è attualmente in uso nelle sale di emodinamica del policlinico universitario dell'Università di Catanzaro.

Geomedica (2003-2007) L'esperienza nei sistemi di gestione dei dati spaziali, insieme all'esperienza nella gestione dei dati clinici, ha portato alla progettazione e allo sviluppo del sistema Geomedica, un tool on line per il monitoraggio della distribuzione epidemiologica su territorio.

AutoSPET Grazie alla collaborazione con il gruppo di medicina Nucleare del Prof Cascini, è stato sviluppato un sistema di automazione per l'analisi statistica su dati e immagini PET. Le immagini sono analizzate attraverso il noto sistema SPM, ma nel caso di grosse quantità di dati (dell'ordine delle centinaia di pazienti), grazie all'uso del sistema AutoSPET è possibile semplificare l'esecuzione, e l'analisi dei risultati statistici ottenuti da strumenti standard quali SPM. Il sistema, che ospita anche una base di dati per la storicizzazione degli esperimenti, è stato pubblicato nel sito web ufficiale di SPM.

JLabChart Responsabile per lo sviluppo di un sistema di misurazione dei valori delle pressioni distali prossimali in caso di stenosi coronarica per verificare e certificare la qualità degli interventi di angioplastica.

7 Attività didattiche

7.1 Docenze in corso

Attualmente docente di Basi di dati avanzate e sistemi sanitari per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica (6 CFU) e di Basi di dati e sistemi informativi (9 CFU) per il corso di laurea in Ingegneria Biomedica. Nel corso degli anni ha tenuto numerosi corsi nell'ambito dei sistemi informativi anche in diversi corsi in ambito medico e delle professioni sanitarie.

Docente tutor di dottorandi di ricerca, ha seguito 7 dottorandi che hanno terminato il loro percorso di studio. Attualmente docente guida di un dottorando al terzo anno.

7.2 Docenze presso università straniere

- negli a.a. 2000-2001 e 2001-2002 ha svolto docenza a contratto per le esercitazioni pratiche (Travaux Pratiques) e in aula (Travaux dirigés) per i corsi di *Introduzione alla programmazione* e *Basi di Dati*, rispettivamente per il secondo anno (Deug) e per il terzo anno (Licence et Maîtrise) per il corso di Laurea in Ingegneria Informatica dell' Institut Galilée dell'Università Paris XIII (Villetaneuse).
- Nel 2015 tiene un corso di 12 ore presso l'università politecnica di Cracovia nell'ambito del programma Erasmus.
- Nel 2017 tiene un minicorso di 3 lezioni presso l'Università di Vilnius in Lituania per studenti di Genetica nell'ambito del programma Erasmus scambio docenti.

7.3 Docenze pregresse in Ateneo

Dal 2002 ad oggi ha svolto per titolarità numerosi corsi nell'ambito del corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica, e in diversi corsi di Laurea della Facoltà di Medicina e Chirurgia e della Facoltà di Giurisprudenza.

Di seguito si riporta la lista completa dei corsi. Per ognuno ha presieduto le commissioni di esame.

- nell' a.a. 2002-2003 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)*, *Ingegneria del Software (7,5 CFU)*, per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Sistemi di elaborazioni delle informazioni (3 CFU)* e *Bioingegneria Elettronica ed Informatica (3 CFU)* per il Corso di Laurea in Medicina e Chirurgia; *Informatica (4 CFU)* per il Corso di Laurea delle Professioni Sanitarie polo didattico di Cosenza;
- nell' a.a. 2003-2004 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)*, *Ingegneria del Software (7,5 CFU)* e *Sistemi Informativi per la Biomedica (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Bioingegneria elettronica ed Informatica (2 CFU)* per il Corso di Laurea in Biotecnologie; *Sistemi di elaborazioni delle informazioni (3 CFU)*, *Informatica e Sistemi di Elaborazione delle informazioni (2 CFU)* per il Corso di Laurea in Medicina e Chirurgia; *Informatica (4 CFU)*, e *Sistemi Informativi (4 CFU)* per il Corso di Laurea delle Professioni Sanitarie polo didattico di Cosenza;

- nell' a.a. 2004-2005 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)*, *Ingegneria del Software (7,5 CFU)* e *Sistemi Informativi per la Biomedica (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; il corso di *Bioinformatica (3 CFU)* per il corso di Laurea in Biotecnologie;
- nell' a.a. 2005-2006 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)* e *Sistemi Informativi per la Biomedica (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; il corso di *Bioinformatica (3 CFU)* per il corso di Laurea in Biotecnologie;
- nell' a.a. 2006-2007 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)*, *Sistemi Informativi per la Biomedica (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Ambienti evoluti per basi di dati (8 CFU)*, *Informatica medica e dei sistemi sanitari (8 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari; *Informatica (5 CFU)*, *Sistemi di elaborazione delle Informazioni (5 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza);
- nell' a.a. 2007-2008 svolge per titolarità i corsi di: *Basi di Dati (5CFU)*, *Fondamenti di Informatica I (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Ambienti evoluti per basi di dati (8 CFU)*, *Informatica medica e dei sistemi sanitari (8 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari; *Informatica (5 CFU)*, *Sistemi di elaborazione delle Informazioni (5 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza); *Informatica (3 CFU)* per il corso di laurea in Tecnico di Radiologia, Professioni Sanitarie; *Sistemi di Elaborazione delle informazioni (2,5 CFU)* per il corso di Laurea in Operatore di Servizio Sociale; *Informatica* per il corso di Laurea in Tecnico di Radiologia (Professioni Sanitarie); *Informatica* per il corso di Laurea in Tecnico di Perfusione cardiovascolare (Professioni Sanitarie);
- nell' a.a. 2008-2009 svolge per titolarità i corsi di: *Fondamenti di Informatica I (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Ambienti evoluti per basi di dati (8 CFU)*, *Informatica medica e dei sistemi sanitari (8 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari; *Informatica (5 CFU)*, *Sistemi di elaborazione delle Informazioni (5 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza); *Informatica* per il cdl in in Medicina e Chirurgia e per i corsi delle professioni sanitarie.
- nell' a.a. 2009-2010 svolge per titolarità i corsi di: *Fondamenti di Informatica I (5 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica; *Ambienti evoluti per basi di dati (8 CFU)*, *Informatica medica e dei sistemi sanitari (8 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e dei Sistemi Sanitari; *Informatica (5 CFU)*, *Sistemi di elaborazione delle Informazioni (5 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza); *Informatica* Corso di Laurea in Medicina e Chirurgia;

- nell' a.a. 2010-2011 svolge per titolarità il corso di: *Programmazione (6 CFU)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (per la norm 270); *Informatica (5 CFU) Sistemi di elaborazione delle Informazioni (5 CFU)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza);
- nell' a.a. 2011-2012 svolge per titolarità il corso di: *Programmazione (6 CFU Ing-Inf/05)* per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (per la norm 270); *Sistemi di elaborazione delle Informazioni (8 CFU Ing-Inf/05)* per il corso di Laurea Specialistica in Organizzazione dei Servizi nella Pubblica Amministrazione (Facoltà di Giurisprudenza); Informatica (1 CFU Inf 01) Corso di Laurea in Economia Aziendale;
- per l' A.A. 2012-2013 è titolare dei corsi di: *Programmazione (6 CFU)* e Basi di dati e sistemi informativi (9 CFU) per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica (per la norm 270);
- per l' A.A. 2013-2014 è titolare dei corsi di: *Programmazione (6 CFU)* e Basi di dati e sistemi informativi (9 CFU) per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica;
- per l' A.A. 2014-2015 è titolare dei corsi di: *Informatica* per il corso di laurea in Medicina e Chirurgia e Basi di dati e sistemi informativi (9 CFU) per il CdL in Ingegneria Informatica e Biomedica;
- per l' A.A. 2015-2016 è titolare dei corsi di: *basi di dati e sistemi informativi* per il CdL in Ingegneria Informatica e Biomedica, e di Basi di dati avanzate e sistemi dsanitari per il corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica

7.4 Altre attività di docenza

- Nell' a.a. 2003-2004 corso di *Basi di dati e linguaggi di accesso e manipolazione dei dati (25 ore)*, *Gestione di dati spaziali (30 ore)* e *immissione e gestione di dati territoriali (12 ore)* per il corso di formazione professionale presso Istituto Forestale del CNR- Progetto PON 2000-2006; il corso di *Basi di dati per il web (20 ore)* nell'ambito del Master in Gestione della Conoscenza Cod. MIUR 1150/340.
- Nell' a.a. 2004-2005 svolge a contratto il corso di *Reti Telematiche (30 ore)* e *basi di dati e sistemi informativi (30 ore)* nell' ambito del Corso di Formazione IFTS-Scuola Ferraris di Catanzaro.
- Nell' a.a. 2005-2006 svolge a contratto il corso di *Gestione dei dati su Web (12 ore)* nell'ambito del Master in Ingegneria della conoscenza; corso di *Informatica (30 ore)* nel'ambito del corso IFTS per tecnico superiore di Cantiere, organizzato dall'Università della Calabria con la scuola superiore tecnico commerciale di Paola.
- Nell' a.a. 2006-2007 svolge a contratto il corso di *basi di dati* nell'ambito del progetto Pilot organizzato dal DEIS Università della Calabria e la società Etnoteam;

- nell' a.a. 2011-2012 attività seminariale (8 ore) nell'ambito del Master - "Management Sanitario e Socio-Sanitario", della Facoltà di Scienze Politiche dell'Unical.
- Giugno - Luglio 2012 svolge a contratto 28 ore per il modulo di Ingegneria del Software, nell'ambito del Master TETRIS su fondi PON, del dipartimento DEIS Università della Calabria.
- Docente per il corso di Dottorato di Ricerca in Malattie Croniche e Complesse;

8 Attività organizzative e di coordinamento

Dal 2002, ha svolto attività di supporto in diversi settori di coordinamento ed organizzativo dell'Università Magna Graecia di Catanzaro, svolgendo numerosi incarichi istituzionali in sede all'Ateneo, e presso sedi istituzionali.

Per gli anni accademici 2002-2003, 2003-2004 e 2004-2005, ha fatto parte della commissione per il coordinamento delle attività didattiche per il corso di laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica.

E' stato membro della commissione convalida e trasferimenti per il Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica.

Da Maggio 2004 a Luglio 2005 ha fatto parte della commissione scientifica della consulta regionale per l'assessorato alla pubblica istruzione regione Calabria, come rappresentante dell'Università di Catanzaro.

E' stato responsabile per il corso di laurea in ingegneria informatica e biomedica, per il servizio di tutorato specializzato art. 1 legge 17/1999.

Nel 2003 è stato responsabile scientifico per l'Università Magna Graecia nel gruppo di coordinamento tecnico scientifico del *Master in Gestione della Conoscenza Cod. MIUR 1150/340*, organizzato dalle tre università calabresi.

Nel 2005 è stato responsabile scientifico per l'Università Magna Graecia nel gruppo di coordinamento tecnico scientifico del *Master in gestione della conoscenza*, organizzato dalle tre Università Calabresi.

Coordinatore didattico per il polo didattico di Cosenza corsi di laurea in Professioni Sanitarie, a partire dall'anno accademico 2007 2008.

Nel 2007 presiede la commissione universitaria "commissione web" per la reingegnerizzazione e definizione del nuovo portale web dell'Ateneo di Catanzaro.

Da Aprile 2008 a Gennaio 2010 responsabile del progetto WI FI Sud presso la Presidenza del Consiglio dei Ministri, progetto co finanziato per un valore di 500 mila euro.

Membro di Giunta di dipartimento dal 2010 al 2013. Membro del consiglio di Scuola dal 2014 al 2017. Presidente di commissione di 5 assegni di ricerca nel 2013 e nel 2014. Membro della commissione di assegno di ricerca nel 2014 e 2015 progetto PON InMoto.

9 Attività di consulenza e di supporto

- Protezione civile Regione Calabria (Marzo 2016- Giugno 2017). Coordina - a titolo gratuito - la realizzazione del progetto per la realizzazione di un sistema informativo di controllo per la protezione civile Regione Calabria (coordinata dal Dr. Tansi).

Progetta e sviluppa un sistema prototipale insieme all Ing Giuseppe Tradigo per il controllo delle emergenze. (Incarico gratuito).

- Regione Calabria (Maggio 2018-Settembre 2019) Partecipa alle fasi di ristrutturazione del sistema SUE e al progetto fascicolo elettronico del fabbricato - a titolo gratuito - collaborando con la struttura di Fincalabra (responsabile dell'azione dr. Antonio Mazzei, e con l'assessorato ai lavori pubblici (responsabile Ass. Prof. Roberto Musmanno).
- Progetto ABR, autorit di bacino regionale. Partecipa alla progettazione e realizzazione di un sistema per la storicizzazione delle modifiche al PAI, piano assesto idrogeologico. Responsabile Arch Amaro, per conto dell'Unical.

10 Pubblicazioni Scientifiche

10.1 Libri

1. Carlo Combi, Giuseppe Pozzi, Veltri Pierangelo (2017).
Process Modeling and Management for Healthcare.
Boca Raton, FL:CRC Press, Taylor and Francis Group .

10.2 Pubblicazioni su Rivista

1. Alessandro Salatino, Ilenia Aversa, Anna Martina Battaglia, Alessandro Sacco, Anna Di Vito, Gianluca Santamaria, Roberta Chirillo, Pierangelo Veltri, Giuseppe Tradigo, Annalisa Di Cello, Roberta Venturella, Flavia Biamonte and Francesco S. Costanzo.
H-ferritin affects cisplatin-induced cytotoxicity in ovarian cancer cells through the modulation of ROS.
Oxidative Medicine and Cellular Longevity - Hindawi (2019). Volume 2019, Article ID 3461251. <https://doi.org/10.1155/2019/3461251>
Biochemistry Q1. Medicine (miscellaneous) Q1. IF 4.868.
2. Monica Jha, Pietro Hiram Guzzi, Pierangelo Veltri, Swarup Roy.
Functional module extraction by ensembling the ensembles of selective module detectors.
Int. J. Computational Biology and Drug Design, Vol. 12, No. 4, 2019.
Computer Science Application Q3.
3. Annabella Astorino; Antonio Fuduli; Pierangelo Veltri; Eugenio Vocaturo.
Melanoma Detection by Means of Multiple Instance Learning.
Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences <https://doi.org/10.1007/s12539-019-00341-y>. (Luglio 2019).
IF 1.418
4. Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Domenico Mirarchi, Roberto Bruno Bossio, Nicola Lombardo, Gennarina Arabia, Aldo Quattrone, Pierangelo Veltri.
Methodologies of speech analysis for neurodegenerative diseases evaluation. International Journal of Medical Informatics 122: 45-54 (2019).
Scimago J Rank: Q1 health informatics
IF 2.73 (2018)VocalTriangle
5. Giuseppe Tradigo, Patrizia Vizza, Gionata Fragomeni, Pierangelo Veltri.
On the reliability of measurements for a stent positioning simulation system. International Journal of Medical Informatics 123: 23-28 (2019).
Scimago J Rank: Q1 health informatics IF 2.73 (2018)
6. Vicinanza C, Aquila I, Cianflone E, Scalise M, Marino F, Mancuso T, Fumagalli F, Giovannone ED, Cristiano F, Iaccino E, Marotta P, Torella A, Latini R, Agosti V, Veltri Pierangelo, Urbanek K, Isidori AM, Saur D, Indolfi C, Nadal-Ginard B, Torella D (2018).

Kitcre knock-in mice fail to fate-map cardiac stem cells. **NATURE**, ISSN: 0028-0836, doi: 10.1038/nature25771.

IF: 41.57; Scimago J Rank: Q1 Multidisciplinary

7. Milano M., Guzzi P.H., Tymofieva O., Xu D., Hess C., Veltri P., Cannataro M. An extensive assessment of network alignment algorithms for comparison of brain connectomes.
BMC BIOINFORMATICS, vol. 18, ISSN: 1471-2105 (2017).
Scimago J Rank: Q1 Computer Science Application. IF 2.970 (2018)
8. Vicinanza C, Aquila I, Scalise M, Cristiano F, Marino F, Cianflone E, Mancuso T, Marotta P, Sacco W, Lewis F, Couch L, Shone V, Gritti G, Torella A, Smith A, Terracciano C, Britti D, Veltri P. , Indolfi C, Nadal-Ginard B, Ellison-Hughes GM, Torella Daniele.
Adult cardiac stem cells are multipotent and robustly myogenic: c-kit expression is necessary but not sufficient for their identification.
Cell Death and Differentiation, ISSN: 1350-9047, doi: 10.1038/cdd.2017.130 (2017).
Scimago J Rank: Q1 in Cell Biology and Molecular Biology. IF 8.309 (5 anni)
9. Mirarchi D., Canino G., Vizza P., Veltri Pierangelo, Cuomo S., Petrolo C., Chiarella G. Data mining techniques for vestibular data classification.
Int. Journal of Internet Technology and Secured Transaction, ISSN: 1748-569X Vol 1 (2017). doi: 10.1504/IJITST.2017.085734.
Scimago J Rank Q3 in Computer Science Application
10. Vizza P., Tradigo G., Guzzi P. H., Curia R., Sisca L., Aiello F., Cascini LG, Veltri P (2017).
Innovative Framework for Bioimage Annotation and Studies.
Interdisciplinary Sciences: Computational Life Science, ISSN: 1913-2751.
Scimago J Rank Q3 in Health Informatics and Computer Science Applications. IF 1.418 (2018)
11. 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, ISSN: 2168-2194 .
Scimago J Rank: Q1 Computer Science Application; Q1 Health Informatics IF 4.217
12. Vizza Patrizia, Tradigo Giuseppe, Mirarchi Domenico, Bossio Roberto, Veltri Pierangelo (2017).
On the Use of Voice Signals for Studying Sclerosis Disease.
COMPUTERS, ISSN: 2073-431X, doi: 10.3390/computers6040030
13. Gerardo Perozziello, Patrizio Candeloro, Antonio De Grazia, Francesco Esposito, Marco Allione, Maria Laura Coluccio, Rossana Tallerico, Immanuel Valpapuram, Luca Tirinato, Gobind Das, Andrea Giugni, Bruno Torre, Veltri Pierangelo, Ulrich Krühne, Giuseppe Della Valle, Enzo Di Fabrizio (2016).
Microfluidic device for continuous single cells analysis via Raman spectroscopy enhanced by integrated plasmonic nanodimers.

OPTICS EXPRESS, vol. 24, ISSN: 1094-4087, doi: <https://doi.org/10.1364/OE.24.00A180>.
Scimago J Rank Q1 in Atomic and molecular physics optic. IF 3.561

14. Patrizia Vizza, Antonio Curcio, Giuseppe Tradigo, Ciro Indolfi, Pierangelo Veltri.
A framework for the atrial fibrillation prediction in electrophysiological studies.
In *Computer Methods and Programs in Biomedicine* journal. Vol. 120, Issue 2, July 2015, Pages 6576 (Elsevier).
Scimago J Rank in Q1 Computer Science Applications, Q1 Health Informatics. IF = 3.424
15. P.H. Guzzi, M. Milano, P. Veltri, M. Cannataro,
Using SSN-Analyzer for analysis of semantic similarity networks
Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics 4 (1), 1-10, 2015. Springer. DOI <https://doi.org/10.1007/s13721-015-0077-2>
16. Pierangelo Veltri.
Management and Analysis of Biological and Clinical Data: How Computer Science May Support Biomedical and Clinical Research.
Physics Procedia v. 62, 2015, pagg 29-35. DOI <https://doi.org/10.1016/j.phpro.2015.02.007>
17. Predrag Kukic, Claudio Mirabello, Giuseppe Tradigo, Ian Walsh, Pierangelo Veltri, Gianluca Pollastri.
Toward an accurate prediction of inter-residue distances in proteins using 2D recursive neural networks.
BMC Bioinformatics (v 15 issue 6, 2014).
Scimago J Rank Q1 in Computer Science Application. IF 2.970 (2018)
18. Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Demetrio Messina, Giuseppe Lucio Cascini, Pierangelo Veltri.
Methodologies for the analysis and classification of PET neuroimages.
Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics 2(4): 191-208 (2013). DOI <https://doi.org/10.1007/s13721-013-0035-9>
19. Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
AutoSPET: An SPM plugin to automatize neuroimages PET analysis.
Interdisciplinary Science 2013. DOI:10.1007/s12539-013-0169-6.
20. Pietro Hiram Guzzi, Marianna Milano, Pierangelo Veltri and Mario Cannataro
Semantic similarities as discriminative features of protein complexes.
Current Bioinformatics Volume 8 (2013), Bentham Science Publishers.
IF 1.189. Scimago J Rank Q3 in Computational Mathematics.
21. Francesco Fera, Luca Passamonti, Mohammad M. Herzallah, Catherine Myers, Pierangelo Veltri, Giuseppina Morganti, Aldo Quattrone, Mark Gluck.
Hippocampal BOLD response during category learning predicts subsequent performance on transfer generalization.
Human Brain Mapping. Volume 35, Issue 7, July 2014, Pages 3122-3131.

22. Pietro Hiram Guzzi, Pierangelo Veltri and Mario Cannataro.
J-TM Align: Efficient Comparison of Protein Structure Based on TM-Align.
Current Bioinformatics Volume 8, (2013), Bentham Science Publishers.
IF 1.189. Scimago J Rank Q3 in Computational Mathematics.
23. Francesco Gullo, Giovanni Ponti, Andrea Tagarelli, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
A time series approach for clustering mass spectrometry data. *Journal of Computational Science (JOCS) Elsevier - Volume 3, Issue 5, (Sept 2012)*.
Scimago J Rank: Q1 in Computer Science. IF 2.502. .
24. Patrizia Vizza, Pierangelo Veltri, Giuseppe Lucio Cascini.
Statistical analysis of PET images.
SIGHIT Record 2(1): 15 (2012) DOI:10.1145/2180796.2180807.
25. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
On the choice of centralized vs decentralized systems for EPR in hospitals.
ACM SIGHIT Record 2(1): 19 (2012). doi: 10.1145/2180796.2180811
26. Pietro H Guzzi, Maria Teresa Di Martino, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, Pierfrancesco Tassone, Pierosandro Tagliaferri, Mario Cannataro,
Automatic summarisation and annotation of microarray data. *Soft Computing - A Fusion of Foundations, Methodologies and Applications, Special issue on "Advances in Computational Intelligence and Bioinformatics"*, Volume 15, Number 8 (2011), 1505-1512. Scimago J Rank: Q1 in Software. IF 2.784
27. Di Martino MT, Arbitrio M, Guzzi PH, Leone E, Baudi F, Piro E, Prantera T, Cucinotto I, Calimeri T, Rossi M, Veltri P, Cannataro M, Tagliaferri P, Tassone P.,
A peroxisome proliferator-activated receptor gamma (PPARG) polymorphism is associated with zoledronic acid-related osteonecrosis of the jaw in multiple myeloma patients: analysis by DMET microarray profiling.
British Journal of Haematology, Volume 154, Issue 4, pages 529-533, August 2011.
Scimago J Rank Q1 in Hematology. IF 5.206
28. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Pierangelo Veltri. Protein-to-protein interactions: Technologies, databases, and algorithms.
ACM Computing Survey. 43(1): 1 (2010).
Scimago J Rank Q1 in Computer Science, Q1 in Theoretical Science. IF 6.131
29. M. Cannataro, Pietro H. Guzzi, and P. Veltri.
IMPRECO: Distributed prediction of protein complexes.
Future Generation Computer Systems. Volume 26, Issue 3, March 2010, Pages 434-440.
Scimago J Rank Q1 in Software. IF 5.768.
30. Luigi Palopoli, Simona E. Rombo, Giorgio Terracina, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
Improving protein secondary structure predictions by prediction fusion.
Information Fusion Journal (Elsevier) Information Fusion 10(3): 217-232 (2009).

Scimago J Rank Q1 in Information systems, Q1 in Signal processing. Q1 in Software. IF 10.716. .

31. Francesco Gullo, Giovanni Ponti, Andrea Tagarelli, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
MaSDA: A System for Analyzing Mass Spectrometry Data.
Computer Methods & Programs in Biomedicine (CMPB) Journal 95(2-S1): 12-21 (2009) (Elsevier). Q2: Computer Science Applications. Q2: Software. IF 3.424.
32. MT Di Martino, M Ventura, PH Guzzi, A Pietragalla, P Neri, A Bulotta, T Calimeri, V Barbieri, M Caraglia, P Veltri, M Cannataro, P Tassone and P Tagliaferri, Differential transcriptional response to cisplatin in BRCA1-defective versus BRCA1-reconstituted breast cancer cells by microarrays.
Cancer Research 69 (2 Supplement), 5062, January 15, 2009. doi: 10.1158/0008-5472.SABCS-5062.
Scimago J Rank Q1 in Cancer Research. IF 8.378.
33. Francesco Amato, Carlo Cosentino, Giuseppe Tradigo, Francesco Montefusco, Claudia Manfredi, Nicola Lombardo, Aaldo Garozzo, Pierangelo Veltri.
Early Detection of Voice Diseases via a Web Based System. *Biomedical Signal Processing and Control Journal*, Vol. 4(4) 2009.
Scimago J Rank in Q3: Signal Processing. Q3: Health informatics. IF 2.943.
34. B. Quaresima, T. Crugliano, M. Gaspari, MC Faniello, P. Cosimo, R. Valanzano, M. Genuardi, M. Cannataro, P. Veltri, F. Baudi, P. Doldo, G. Cuda, S. Venuta, F. Costanzo.
A proteomics approach to identify changes in protein profiles in serum of familial adenomatous polyposis patients.
Cancer Letters 272(1):40-52, 8 December 2008.
Scimago J Rank Q1 in Oncology, Q2 in Cancer Research. IF 6.508.
35. Pierangelo Veltri.
Algorithms and tools for analysis and management of mass spectrometry data.
Briefings in Bioinformatics Vol. 9, N. 2. 144-155, (Marzo 2008).
Oxford University Press.
Scimago J Rank Q1 in Information Systems. IF 9.101.
36. Mario Cannataro, Domenico Talia, Giuseppe Tradigo, Paolo Trunfio, Pierangelo Veltri.
SIGMCC: A system for sharing meta patient records in a Peer-to-Peer environment.
Future Generation Computer Systems. Vol 24 N. 3, Pages 222 - 234 (March 2008).
ISSN: 0167-739X. Elsevier Science Publishers.
Scimago J Rank Q1 in Software. IF 5.768.
37. Mario Cannataro, Giovanni Cuda, Marco Gaspari, Sergio Greco, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
The EIPeptide tool: enhancing peptide discovery in ICAT-based LC MS/MS experiments.

- BMC Bioinformatics*. Vol. 8, N. 255 (July 2007) ISSN: 1471-2105. BioMed Central Ltd.
Scimago J Rank: Q1 in Computer Science Application. IF 2.970 (2018).
38. Mario Cannataro, Annalisa Barla, Roberto Flor, Giuseppe Jurman, Stefano Merler, Silvano Paoli, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, Cesare Furlanello.
A grid environment for high-throughput proteomics.
IEEE Transactions on Nanobioscience. Vol 6 N. 2 Pages: 117-123 (Jun 2007). ISSN: 1536-1241. IEEE Press. Q1: Computer Science Applications.
Q2: Biomedical Engineering. IF 1.927.
39. Mario Cannataro, Pietro h. Guzzi, Tommaso Mazza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
Using ontologies for preprocessing and mining spectra data on the Grid. *Future Generation Computer Systems*. Volume 23, N. 1 (January 2007). Elsevier Science Publishers.
Scimago J Rank: Q2 in Software. IF 5.768.
40. Mario Cannataro, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
Sharing mass spectrometry data in a grid-based distributed proteomics laboratory.
Information Processing & Management. Vol 43 N. 3 Pages: 577-591 (May 2007) ISSN: 0306-4573. Elsevier Science Publishers.
Scimago J Rank Q1 in Computer Science Applications, Q1: Information Systems. IF 3.892.
41. Mario Cannataro, Pierangelo Veltri.
MS-Analyzer: preprocessing and data mining services for proteomics applications on the Grid.
Concurrency and Computation-Practice & Experience. Vol 19 (15), Pages 2047-2066 (Oct. 2007). ISSN: 1532-0626. John Wiley & Sons, Ltd. Q2: Computer Science Applications.
Scimago J Rank Q2 in Software. IF 1.167.
42. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri
Managing ontologies for Grid computing.
Multiagent and Grid Systems (MAGS) Vol. 1, N. 1 Jan 2006. IOS Press.
Scimago J Rank Q3 in Computer Science. IF 0.56.
43. Denilson Barbosa, Laurent Mignet, Pierangelo Veltri.
Studying the xml web: Gathering statistics from an xml sample.
World Wide Web: Internet and Web Information Systems (WWWJournal), Vol 8 (4) (Dec, 2005). Springer.
Scimago J Rank Q3 in Software. IF 1.770.
44. Mario Cannataro, Giovanni Cuda, and Pierangelo Veltri.
Proteus: A grid-based problem solving environment for bioinformatics applications.
Methods of Information in Medicine, Special Issue on HealthGrid Vol 44 (2) Pages

221-226. (2005) (ISSN 0026-1270). Schattauer.
Scimago J Rank Q2 in Health Informatics. IF 1.024.

45. Mario Cannataro, Carmela Comito, Filippo Lo Schiavo, Pierangelo Veltri.
Proteus, a grid based problem solving for bioinformatics: Architecture and experiments.
IEEE Computational Intelligence Magazine, Vol. 3, N. 1, Pag 7-18, (February 2004).
IEEE Press.
Scimago J Rank: in Q1 Therotical computer science. Q1 Artificial Intelligence. IF 5.857 .
46. Mario Cannataro, Carmela Comito, Antonio Congiusta, Pierangelo Veltri.
PROTEUS: a Bioinformatics Problem Solving Environment on Grids.
Parallel Processing Letters (PPL) Journal Vol. 14 N.2, Pag 217-237 (2004). World Scientific.
Scimago J Rank Q3 in Software. IF 1.00.
47. Mario Cannataro, Antonella Guzzo, Carmela Comito, Pierangelo Veltri.
Ontology-based Design of Bioinformatics Workflows on PROTEUS In *Journal of Digital Information Management (JDIM)*, Vol. 2 N. 2 (June 2004). Digital Information Resource Foundation.
Scimago J Rank Q4 in Information Systems. IF 0.47.
48. Vincent Aguilera, Sophie Cluet, Tova Milo, Pierangelo Veltri, Dan Vodislav.
Views in a Large Scale XML Repository. *International Journal on Very Large Data Bases (VLDB J)*, Vol 11, N. 3, Pages 238-255 (Nov 2002).
Springer.
Scimago J Rank Q1 in Information Systems. IF 1.973.
49. S. Abiteboul, V. Aguilera, S. Ailleret, B. Amann, F. Arambarri, S. Cluet, G. Cobena, G. Corona, G. Ferran, A. Galland, M. Hascoet, C-C. Kanne, B. Koechlin, D. Le Niniven, A. Marian, L. Mignet, G. Moerkotte, B. Nguyen, M. Preda, M-C.Rousset, M. Sebag, J-P.Sirot, P.Veltri, D.Vodislav, F.Watez and T. Westmann.
A Dynamic Warehouse for XML Data of the Web. *IEEE - Data Engineering Bulletin*, Vol. 24(2). Pages 40-47, (June 2001). .

10.3 Pubblicazioni in atti di convegni internazionali

1. Vocaturo E., Zumpano E., Veltri P. On the Usefulness of Pre-Processing Step in Melanoma Detection Using Multiple Instance Learning. In International Conference on Flexible Query Answering Systems, pp. 374-382. Springer, Cham, 2019.
2. Vocaturo E., Zumpano E., Veltri P. On discovering relevant features for tongue colored image analysis. In Proceedings of the 23rd International Database Applications & Engineering Symposium, p. 12. ACM, 2019.
3. Tradigo G., Vizza P., Veltri P., Guzzi P. H. An Information System to Track data and processes for food quality and bacterial pathologies prevention. SEBD 27th Italian Symposium on Advanced Database Systems, 2019.

4. Cinaglia P., Guzzi P. H., Veltri P. INTEGRO: an algorithm for data-integration and disease-gene association. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2076-2081, 2018.
5. Gaudio L. T., Veltri P., Fragomeni G. Modeling and application of aorta coarctation: Support system for pre-operative decision. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2031-2032, 2018.
6. Vocaturo E., Zumpano E., Veltri P. Image pre-processing in computer vision systems for melanoma detection. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2117-2124, 2018.
7. Vizza P., Tradigo G., Veltri P., Lambardi P., Garofalo C., Caligiuri F. M., Caligiuri G., Guzzi P. H. Tracking agricultural products for wellness care. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2064-2067, 2018.
8. Zumpano E., Iaquina P., Caroprese L., Cascini G., Dattola F., Franco P., Iusi M., Veltri P., Vocaturo E. SIMPATICO 3D: A Medical Information System for Diagnostic Procedures. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2125-2128, 2018.
9. Mirarchi D., Vizza P., Tradigo G., Di Fatta G., Veltri P. On the use of mining techniques to analyse human papilloma virus dataset. In 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 2041-2048, 2018.
10. Caroprese L., Cascini P. L., Cinaglia P., Dattola F., Franco P., Iaquina P., Iusi M., Tradigo G., Veltri P., Zumpano E. Software tools for medical imaging extended abstract. In European Conference on Advances in Databases and Information Systems, pp. 297-304. Springer, Cham, 2018.
11. Milano M., Veltri P., Cannataro M., Guzzi P. H. Towards Heterogeneous Network Alignment: Design and Implementation of a Large-Scale Data Processing Framework. In European Conference on Parallel Processing, pp. 692-703. Springer, Cham, 2018.
12. Milano M., Hayes W., Veltri P., Cannataro M., Guzzi P. H. SL-GLAlign: Improving the Local Alignment of Biological Networks through Simulated Annealing. In Proceedings of the 2018 ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, pp. 577-578, 2018.
13. Tradigo G., Vizza P., Lambardi P., Guzzi P. H., Quattrone A., Veltri P. A Voice-Aware System for Vocal Wellness. In Proceedings of the 2018 ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, pp. 693-698, 2018.
14. Caroprese L., Veltri P., Vocaturo E., Zumpano E. Deep learning techniques for electronic health record analysis. In 2018 9th International Conference on Information, Intelligence, Systems and Applications (IISA), pp. 1-4. IEEE, 2018.

15. Vocaturo E., Zumpano E., Veltri P. Features for Melanoma Lesions Characterization in Computer Vision Systems. In 2018 9th International Conference on Information, Intelligence, Systems and Applications (IISA), pp. 1-8. IEEE, 2018.
16. Cinaglia P., Tradigo G., Cascini G. L., Zumpano E., Veltri P. A framework for the decomposition and features extraction from lung DICOM images. In Proceedings of the 22nd International Database Engineering & Applications Symposium, pp. 31-36. ACM, 2018.
17. Vizza P., Tradigo G., Parrilla M., Guzzi P. H., Gnasso A., Veltri P. On Blood Viscosity and Its Correlation with Biological Parameters. In International Conference on Computational Science, pp. 347-353. Springer, Cham, 2018.
18. Tradigo G., Vizza P., Lambardi P., Cosoleto S., Guzzi P. H., Cannataro M., Quattrone A., Veltri P. VOTA-A Vocal Tract and Training Analysis Tool. In 2018 IEEE International Conference on Healthcare Informatics (ICHI), pp. 403-404, 2018.
19. Astorino A., Fuduli A., Veltri P., Vocaturo E. On a recent algorithm for multiple instance learning. Preliminary applications in image classification. In 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 1615-1619, 2017.
20. Jha M., Veltri P., Guzzi P. H., Roy S. Network based algorithms for module extraction from RNASeq data: A quantitative assessment. In 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 1312-1315, 2017.
21. Fragomeni G., Gaudio L. T., Destito M., Veltri P., De Rosa S., Indolfi C. Development and testing of the application based on coronary artery diseases (CAD). In 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 1620-1625, 2017.
22. Fragomeni G., Tradigo G., Gaudio L. T., Veltri P. Development of a DSS for cardiovascular prevention and rehabilitation. In 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 1307-1311, 2017.
23. Mirarchi D., Vizza P., Cinaglia P., Tradigo G., Veltri P. meeg: A system for electroencephalogram data management and analysis. In 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), pp. 1642-1646, 2017.
24. Mirarchi D., Vizza P., Tradigo G., Lombardo N., Arabia G., Veltri P. Signal Analysis for Voice Evaluation in Parkinsons Disease. In 2017 IEEE International Conference on Healthcare Informatics (ICHI), pp. 530-535, 2017.
25. Qiuling Suo, Fenglong Ma, Giovanni Canino, Jing Gao, Aidong Zhang, Veltri Pierangelo, Agostino Gnasso (2017). A Multi-Task Framework for Monitoring Health Conditions via Attention-based Recurrent Neural Network. In: AMIA (American Medical Informatics Association) Annual Symposium 2017. Nov 2017 Washington DC
26. Tradigo G., Vacca R., Manini T., Bird V., Gerke T., Veltri Pierangelo (2017). A new approach to disentangle genetic and epigenetic components on disease comorbidities:

- Studying correlation between genotypic and phenotypic disease networks. In: 14th International Conference on Mobile Systems and Pervasive Computing. vol. 110, Luwen Belgium, Luglio 2017
27. Cristiano F., Tradigo G., Veltri Pierangelo (2017). Associating genomics and clinical information by means of semantic based ranking. In: 8th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics, ACM-BCB 2017; Boston; United States; 20 August 2017 through 23 August 2017.
 28. Iaquinta P, Iusi M., Caroprese L., Turano S., Palazzo S., Dattola F., Pellegrino I., Veltri Pierangelo, Zumpano, E. (2017). EIMES 3D: An innovative medical images analysis tool to support diagnostic and surgical intervention. In *Procedia Computer Science* Volume 110, 2017, Pages 459-464. Luwen Belgium, 2017.
 29. Saccà V., Campolo M., Mirarchi D., Gambardella A., Veltri Pierangelo, Morabito, F.C. (2017). On the classification of EEG signal by using an SVM based algorithm. In: *Smart Innovation, Systems and Technologies (WIRN 2016)*. vol. 69, BERLIN HEIDELBERG:Springer-Verlag
 30. Vocaturo E., Veltri Pierangelo (2017). On the use of Networks in Biomedicine. In: *Procedia Computer Science* Volume 110, 2017, Pages 498-503.
 31. Agapito, G., Calabrese, B., Guzzi, P.H., Fragomeni, G., Tradigo, G., Veltri Pierangelo, Cannataro, M. (2017). Parallel and Cloud-Based Analysis of Omics Data: Modelling and Simulation in Medicine. In: *Proceedings - 2017 25th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed and Network-Based Processing, PDP 2017* 26 April 2017, Article number 7912697, Pages 519-526.
 32. Mirarchi D., Vizza P., Tradigo G., Lombardo N., Arabia G., Veltri Pierangelo (2017). Signal Analysis for Voice Evaluation in Parkinson's Disease. In: *Proceedings - 2017 IEEE International Conference on Healthcare Informatics, ICHI 2017*.
 33. Guzzi P, Cannataro M, Veltri Pierangelo (2017). Using Graphs to Relate Patient's Clinical and Geographical Data.. In: *Procedia Computer Science* Volume 110, 2017, Pages 448-452.
 34. Vizza P., Mirarchi D., Tradigo G., Redavide M., Bossio R.B., Veltri Pierangelo (2017). Vocal signal analysis in patients affected by Multiple Sclerosis. In: *Procedia Computer Science* Volume 108, 2017, Pages 1205-1214.
 35. Milicchio F, Tradigo G, Veltri P, Prospero M (2017). High-performance data structures for de novo assembly of genomes: cache oblivious generic programming. In: *In Proceedings of the 7th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*(pp. 657-662). ACM.
 36. Cristiano F., Veltri Pierangelo, Prospero M., Tradigo G. (2017). On the identification of long non-coding RNAs from RNA-seq. In: *Proceedings - 2016 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2016* 7822675, pp. 1103-110

37. Domenico Mirarchi, Claudio Petrolo, Giovanni Canino, Patrizia Vizza, Salvatore Cuomo, Giuseppe Chiarella, Veltri Pierangelo (2016). Applying Mining Techniques to Analyze Vestibular Data. In: Elhadi Shakshuki. Elsevier Procedia Computer Science . vol. 98, p. 467-472, Elsevier, London, 19-22 settembre 2016
38. Hazel Nicolette Manners, Monica Jha, Pietro H Guzzi, Veltri Pierangelo, Swarup Roy (2016). Computational Methods for Detecting Functional Modules from Gene Regulatory Network. In: Proceedings of the Second International Conference on Information and Communication Technology for Competitive Strategies. ACM
39. Patrizia Vizza, Annalisa Papa, Giuseppe L Cascini, Elena Succurro, Giorgio Sesti, Pietro h Guzzi, Veltri Pierangelo (2016). Experiences on Quantitative Cardiac PET Analysis. In: Workshop on High Performance Bioinformatics and Biomedicine (HiBB) in conj with IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM).
40. Giovanni Canino, Qiulings Suo, Pietro H. Guzzi, Giuseppe Tradigo, Aidong Zhang, Veltri Pierangelo (2016). Feature Selection Model for Diagnosis, Electronic Medical Records and Geographical Data Correlation. In: ACM BCB Workshop on Methods and Applications in Healthcare Analytics in conj with 7th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics (ACM BCB). 2016
41. Giuseppe Tradigo, Francesca Cristiano, Stefano Alcaro, Sergio Greco, Gianluca Polastri, Veltri Pierangelo (2016). G-quadruplex Structure Prediction and integration in the GenData2020 data model. In: 5th International Workshop on Parallel and Cloud-based Bioinformatics and Biomedicine (ParBio) in conj with 7th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics (ACM BCB). 2016
42. Patrizia Vizza, Rosario Curia, Loredana Sisca, Giuseppe Cascini, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2016). GIDAC: a prototype for bioimages annotation and clinical data integration. In: BHI: International Workshop on Biomedical and Health Informatics in conj. with IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM). ieee
43. Giovanni Canino, Mariagrazia Scarpino, Francesca Cristiano, Domenico Mirarchi, Giuseppe Tradigo, Pietro H Guzzi, Giovanni Cuda, Veltri Pierangelo (2016). Geoblood: A Web Based Tool for Geo-analysis of Biological Data. In: Elhadi Shakshuki. Procedia Computer Science Volume 98, . vol. 98, p. 473-478, Amsterdam:Elsevier, London, 19-22 sept 2016
44. Franco Milicchio, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo, Mattia Prospero (2016). High-performance data structures for de novo assembly of genomes: cache oblivious generic programming. In: 5th International Workshop on Parallel and Cloud-based Bioinformatics and Biomedicine (ParBio) In conj with 7th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics (ACM BCB). 2016
45. Francesca Cristiano, Giuseppe Tradigo, Mattia Prospero, Veltri Pierangelo (2016). On the identification of long non-coding RNAs from RNA-seq. In: Int Workshop

on High Performance Bioinformatics and Biomedicine (HiBB) in conj with IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM).

46. Laura Verde, Giuseppe De Pietro, Veltri Pierangelo, Giovanna Sannino (2015). A noise-aware methodology for a Mobile Voice Screening application. In: Proceedings of the International Workshop on Advances in Sensors and Interfaces (IWASI).
47. Laura Verde, Giuseppe De Pietro, Veltri Pierangelo, Giovanna Sannino (2015). An m-health system for the estimation of voice disorders. In: 2015 IEEE International Conference on Multimedia & Expo Workshops, ICME Workshops 2015
48. Domenico Mirarchi, Patrizia Vizza, Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2015). ICT Solutions for Health Education Model. In: Proceedings of 28th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems. University of Sao Paulo Sao Carlos and Ribeirao Preto; Brazil, 22 June 2015 through 25 June 2015
49. Manuela Macri, Marco Antonio Mastratizi, Domenico Mirarchi, Erika De Francesco, Luigi Granata, Giuseppe Tradigo, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2015). LiSE: A Personal Booklet for Health Care Annotation. In: Proceedings of IEEE International Conference on Healthcare Informatics 2015 (ICHI 2015)
50. PH Guzzi, Veltri P, S Roy, JK Kalita (2015). MODULA: A network module based local protein interaction network alignment method. In: Proceedings of the 2015 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) . Washington; United States, Nov 2015
51. Giuseppe Tradigo, Barbara Calabrese, Manuela Macr, Eugenio Vocaturo, Nicola Lombardo, Veltri Pierangelo (2015). Voice signal features analysis and classification: looking for new diseases related parameters. In: Proceedings of the 6th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics, BCB 2015.
52. G Tradigo, C Pagliaro, G Canino, F Casalnuovo, C Graziani, Veltri P (2014). A model for the Geographical Analysis and monitoring of agricultural areas example and tests in south Italian regions. In: Proceedings of the ACM HealthGIS 2014.
53. Giovanni Canino, Pietro H Guzzi, Giuseppe Tradigo, Aidong Zhang, Veltri Pierangelo (2014). A system for Geoanalysis of Clinical and Geographical Data. In: Proceedings of the Third ACM SIGSPATIAL International Workshop on the Use of GIS in Public Health.
54. Pietro Cinaglia, Manuela Macr, Barbara Calabrese, Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2014). A system for ubiquitous distributed acquisition of voice alteration samples through a mobile application. In: Proceedings of the 5th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics.
55. Giuseppe Tradigo, Claudia Veneziano, Sergio Greco, Veltri Pierangelo (2014). An Architecture for Integrating Genetic and Clinical Data. In: Proc of International Conference on Computational Science (ICCS 2014).

56. Francesca Cristiano, Veltri Pierangelo (2014). An R-based tool for miRNA data analysis and correlation with clinical ontologies. In: Proceedings of the 5th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics.
57. Giuseppe Tradigo, Laura Mannella, Veltri Pierangelo (2014). Assessment of G-quadruplex prediction tools. In: Proceedings of IEEE 27th International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS), 2014
58. Giovanni Canino, Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2014). Relating Clinical Diagnosis and Biological Analytes via EMRs Clustering. In: 2014 IEEE International Conference on Healthcare Informatics (ICHI)
59. Patrizia Vizza, Giuseppe Tedesco, Barbara Calabrese, Olimpio Galasso, Giorgio Gasparini, Veltri Pierangelo (2014). Study on Squeaking Hip Analysis. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Healthcare Informatics (ICHI).
60. Pietro Hiram Guzzi, Simone Truglia, Marianna Milano, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2013). Modularity and community detection in Semantic Similarity Networks through Spectral Based Transformation and Markov Clustering. In: Proceedings of the ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics.
61. Guzzi P, Truglia S, Veltri P, Cannataro M (2013). Thresholding of Semantic Similarity Networks using a Spectral Graph Based Technique. In: (a cura di): Appice, A; Ceci, M; Loglisci, C; et al., LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, ISSN: 0302-9743. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, ISSN: 0302-9743, Prague, Czech Republic, 2013
62. Mario Cannataro, Pietro H Guzzi, Veltri Pierangelo (2013). Using open data in health care and tourism. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), .
63. Pietro Cinaglia, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2012). A System for Acquiring and Management of ECG Signals by Using Mobile Devices: a Support for First Intervention in Heart Attacks. . In: Proc. of Workshop on Parallel and Cloud-based Bioinformatics and Biomedicine (ParBio) in conj with ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM BCB 2012) . New York:ACM Digital Library, Orlando , Oct 2012
64. Giuseppe Tradigo, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro, Francesco Casalnuovo, Caterina Graziani, Federico Capuano, Mariella Pavia, Claudia Pileggi, Paolo Sarnelli, Fabio Arrigoni, Pasquale Turnio (2012). Health risk assessment of zoonotic infections agents through plant products in areas with high livestock pressure . In: Proc of First Workshop in Health GIS in conj with ACM SIGSPATIAL Int. Conference on Advances in Geographic Information Systems. Redondo Beach - CA (2012) . New York:ACM, Redondo Beach - CA, October 2012

65. Patrizia Vizza, Giuseppe Tradigo, Antonio Curcio, Ciro Indolfi, Veltri Pierangelo (2012). Intracavitary Signal Analysis for Atrial Fibrillation Prediction . In: In Proc. of IEEE Workshop on Biomedical and Health Informatics in conj with International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM -2012. IEEE Computer Society, Philadelphia, October 4-7, 2012
66. Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo, Onorina Marasco, Giovanna Scozzafava, Giuseppe Parlato, Sergio Greco. (2012). Studying human TSH distribution by using GIS.. In: In Proc. of First Workshop in Health GIS in conj with Int. Conference on Advances in Geographic Information Systems. Redondo Beach (ACM SIGSPATIAL) - CA (2012). New York:ACM, Redondo Beach, 2012
67. Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2012). Unraveling Multiple miRNA-mRNA Associations through a Graph based Approach. In: In Proc. of Biological Network Analysis and Applications in Translational and Personalized Medicine (BNA-M) Workshop in conj with ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM BCB) 2012. ISBN: 978-1-4503-1670-5, Orlando, Oct 2012, doi: 10.1145/2382936.2383052
68. Salvatore Scaramuzzino, Pietro H. Guzzi, Claudio Petrolo, Giuseppe Chiarella, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2012). audioEPR: A specialized electronic patient records for the semi-automatic management of clinical data in audiology. In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. IEEE Computer Society, ISBN: 978-146732051-1, Rome, Italy, 20-22 June 2012, doi: 10.1109/CBMS.2012.6266321
69. Patrizia Vizza, Veltri Pierangelo, Giuseppe Lucio Cascini (2011). A ROI-based algorithm for the classification of PET neuroimages. In: 2011 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine Workshops, BIBMW 2011. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-145771613-3, Atlanta, 12-15 Nov 2011, doi: 10.1109/BIBMW.2011.6112434
70. Barbara Calabrese, Franco Pucci, Miriam Sturniolo, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo, Antonio Gambardella, Mario Cannataro (2011). A System for the Analysis of Snore Signals. In: Procedia Computer Science. Elsevier, Singapore, Giugno 2011, doi: 10.1016/j.procs.2011.04.117
71. A Palumbo, Veltri Pierangelo, B Calabrese, P Vizza, M Cannataro, A Garozzo, N Lombardo, F Amato (2011). Experiences of using a DSP based device for vocal signal analysis.. In: 7th International Workshop on Models And Analysis Of Vocal Emissions For Biomedical Applications, Pages 187-189. ISBN 978-88-6655-009-9 (print), ISBN 978-88-6655-011-2 (online)
72. Pietro H. Guzzi, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro. (2011). Experimental Evaluation of ONTOPIN an ontology annotated PPI database. In: Proceedings of the 2nd ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine. New York:ACM, ISBN: 978-145030796-3, Chicago, doi: 978-1-4503-0796-3
73. Pietro Hiram Guzzi, Marianna Milano, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2011). Using semantic similarity to detect features in yeast protein complexes . In: 2011

IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine Workshops, BIBMW 2011 . NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-145771613-3, doi: 10.1109/BIBMW.2011.6112419

74. Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2011). VeNet: A framework for the analysis of protein interaction networks through vector space embedding. In: 2011 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine Workshops, BIBMW 2011. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-145771613-3, Atlanta, 12-15 Nov 2011, doi: 10.1109/BIBMW.2011.6112417
75. Vera Tomaino, Pietro Hiram Guzzi, Mario Cannataro, Veltri Pierangelo (2010). Experimental comparison of biclustering algorithms for PPI networks.. In: 2010 ACM International Conference on Bioinformatics and Computational Biology, ACM-BCB 2010. ISBN: 978-145030438-2, Niagara Falls, doi: 10.1145/1854776.1854910
76. Tradigo Giuseppe, Veltri Pierangelo, Greco Sergio (2010). Geomedica: Managing and querying clinical data distributions on geographical database systems. In: Procedia Computer Science. vol. 1, Elsevier Ltd, Amsterdam The Netherland,, June 2010, doi: 10.1016/j.procs.2010.04.108
77. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2010). Using RDF for managing protein-protein interaction data. In: 2010 ACM International Conference on Bioinformatics and Computational Biology. New York:ACM, ISBN: 978-145030438-2, Niagar Falls, Aug 2010, doi: 10.1145/1854776.1854909
78. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2010). Using RDF for managing protein-protein interaction data. In: Workshop on Protein-Protein Interaction Data: Management, Querying and Analysis - Proceedings of the First ACM International Conference on Bioinformatics and Computational Biology, BCB 2010
79. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2010). Using ontologies for querying and analysing protein-protein interaction data . In: Procedia Computer Science . vol. 1, Elsevier Ltd, Amsterdam The Netherland, May 31 - June 2, 2010, doi: 10.1016/j.procs.2010.04.110
80. M Cannataro, C Indolfi, G Tradigo, Veltri Pierangelo (2009). A device for stent designing in emodynamic surgery room. In: IEEE International Workshop on Medical Measurements and Applications, (MEMEA 2009). ISBN: 978-142443599-9, doi: 10.1109/MEMEA.2009.5167965
81. A. Palumbo, B. Calabrese, G. Cocorullo, M. Lanuzza, Veltri Pierangelo, P. Vizza, A. Gambardella, M. Sturniolo (2009). A novel ICA-based hardware system for reconfigurable and portable BCI. In: 2009 IEEE International Workshop on Medical Measurements and Applications, MeMeA 2009. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-142443599-9, Cetraro, Italy, May 29-30, 2009, doi: 10.1109/MEMEA.2009.5167962
82. Palumbo A., Amato F, Calabrese B, Cannataro M, Veltri Pierangelo, Garozzo Aldo, Lombardo Nicola (2009). A novel portable device for pathological voice analysis. In: 2009 IEEE International Workshop on Medical Measurements and Applications,

MeMeA 2009. IEEE, ISBN: 978-142443599-9, Cetraro, Cosenza, Italy, 29 - 30 May 2009, doi: 10.1109/MEMEA.2009.5167953

83. Mario Cannataro, Maria Teresa Di Martino, Pietro Hiram Guzzi, Pierosandro Tagliaferri, Pierfrancesco Tassone, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2009). An Extension of the TIGR M4 Suite to Preprocess and Visualize Affymetrix Binary Files. In: Masulli, Francesco; Tagliaferri, Roberto; Verkhivker, Gennady M. (Eds.), Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Lecture Notes in Computer Science. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, BERLINO:Springer Berlin / Heidelberg, ISBN: 978-3-642-02503-7, ISSN: 0302-9743, Vietri Sul Mare, 2008, doi: 10.1007/978-3-642-02504-4-24
84. B. Calabrese, F. Pucci, M. Sturniolo, Veltri Pierangelo, A. Gambardella, M. Cannataro (2009). Automatic Detection of Obstructive Sleep Apnea Syndrome based on snore signals. In: 6th Int Workshop on Models and Analysis of Vocal Emissions for Biomedical Applications (MAVEBA 2009)
85. Ciro Indolfi, Mario Cannataro, Veltri Pierangelo, Giuseppe Tradigo (2009). Cartesio: a Software Tool for Pre-Implant Stent Analyses. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 5544, BERLIN:Springer, ISBN: 978-3-642-01969-2, ISSN: 0302-9743, Baton Rouge Louisiana Usa, Maggio 25-27 2009, doi: <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-01970-8-81>
86. A. Palumbo, P. Vizza, Veltri Pierangelo, A. Gambardella, F. Pucci, M. Sturniolo (2009). Design of an electronic device for brain computer interface applications. In: IEEE International Workshop on Medical Measurements and Applications (MEMEA 2009). NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-142443599-9, Cetraro (CS), Italy, May 2009, doi: <http://dx.doi.org/10.1109/MEMEA.2009.5167953>
87. L. Miceli, L. Palopoli, S. E. Rombo, G. Terracina, G. Tradigo, Veltri Pierangelo (2009). Experimental Evaluation of Protein Secondary Structure Predictors. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics) . LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 5544, BERLIN:Springer, ISBN: 978-3-642-01969-2, ISSN: 0302-9743, Baton Rouge Louisiana Usa, Maggio 25-27 2009
88. F. Gullo, G. Ponti, A. Tagarelli, G. Tradigo, Veltri Pierangelo (2009). Hierarchical Clustering of Microarray Data with Probe-level Uncertainty. In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-142444878-4, Albuquerque, USA., 2-5 Aug. 2009, doi: 10.1109/CBMS.2009.5255403
89. Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro and Francesco Fera (2009). StiMaRe: A software tool supporting visual stimuli definition and analysis in magnetic resonance. In: 22nd IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems, (main track) 2009. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-142444878-4, Albuquerque, USA, 2-5 Aug. 2009, doi: 10.1109/CBMS.2009.5255327

90. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2009). Using Ontologies for Annotating and Retrieving Protein-Protein Interactions Data. In: 22nd IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems, 2009. IEEE, ISBN: 978-142444878-4, Albuquerque, USA. 2-5 Aug. 2009, doi: <http://dx.doi.org/10.1109/CBMS.2009.5255274>
91. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Veltri Pierangelo (2008). A Framework for the Prediction of Protein Complexes. In: Annual meeting of Bioinformatics Italian Society(BITS 2008). 2008
92. Cannataro Mario, Pietro H Guzzi, Veltri Pierangelo (2008). A grid-based protein complex predictor. In: Studies in Health Technology and Informatics. vol. 138, Amsterdam:IOS Press, ISBN: 978-158603874-8, Chicago, June 2008
93. M Cannataro, P H Guzzi, G Tradigo, Veltri Pierangelo (2008). A tool for the semiautomatic acquisition of the morphological data of blood vessel networks. In: Proceedings of the 2008 International Symposium on Parallel and Distributed Processing with Applications, ISPA 2008. ISBN: 978-076953471-8, Sydney, Dec 2008, doi: 10.1109/ISPA.2008.120
94. Pierangelo Veltri, Francesco Amato, Carlo Cosentino, Giuseppe Tradigo, Francesco Montefusco, Claudia Manfredi, Nicola Lombardo, Aaldo Garozzo, Sergio Greco. A Web-based System for the Collection and Analysis of Spectra Signals for Early Detection of Voice Alterations. *ACM Int. Symposium on Applied Computing (ACM SAC). (Fortaleza 2008).*
95. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2008). IMPRECO: a tool for improving the prediction of protein complexes. In: International Conference On Computational Science, Workshop on Bioinformatics' Challenges to Computer Science. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 5103, p. 148-157, Springer, ISSN: 0302-9743, Cracow
96. Francesco Gullo, Giovanni Ponti, Andrea Tagarelli, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2008). MSPtool: A Versatile Tool for Mass Spectrometry data processing. In: CBMS-2008, The 21st IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS-08). p. 209-214, IEEE, Jyvaskyla, Finland, June 17-19 2008
97. Cannataro M, Guzzi P.H., Veltri Pierangelo (2008). MyMCL: A web portal for protein complexes prediction . In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. p. 179-184, IEEE, ISBN: 978-076953165-6, Jyvaskyla, Finland, June 17-19 2008, doi: 10.1109/CBMS.2008.113
98. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Veltri Pierangelo (2008). Protein Complex Prediction on the Grid. In: Global Healthgrid: e-Science Meets Biomedical Informatics - Proceedings of HealthGrid 2008. ISBN: 978-1-58603-874-8, Chicago
99. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2008). Scalable Biomedical and Bioinformatics Applications . In: The Third International ICST Conference on Scalable Information Systems (INFOSCALE 2008)

100. Francesco Gullo, Giovanni Ponti, Andrea Tagarelli, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2007). A Time Series Based Approach for Classifying Mass Spectrometry Data. In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. NEW YORK:IEEE Computer Society, ISBN: 978-076952905-9, Maribor , 20 June 2007, doi: 10.1109/CBMS.2007.16
101. Cannataro M., Cuda G., Gaspari Marco, Veltri Pierangelo (2007). An interactive tool for the management and visualization of mass-spectrometry proteomics data. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics) . LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. Volume 4578 LNAI, p. 635-642, BERLIN HEIDELBERG:Springer-Verlag, ISBN: 978-354073399-7, ISSN: 0302-9743, Camogli, July 7-10 2007
102. Veltri Pierangelo, Francesco Amato, Carlo Cosentino, Giuseppe Tradigo, Francesco Montefusco, Claudia Manfredi, Nicola Lombardo, Aaldo Garozzo. (2007). Early Detection of Voice Diseases via a Web-Based System. In: 5th International Workshop on Models and Analysis of Vocal Emissions for Biomedical Applications. (Firenze 2007)
103. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri. Scalable Biomedical and Bioinformatics Applications. *The Third International ICST Conference on Scalable Information Systems (INFOSCALE 2008)*
104. Cannataro M., Gallucci L., Pietramala A, Rullo P., Veltri Pierangelo (2007). Semantic extraction and adaptive delivery of multimedia contents for the cultural assets. In: Proceedings of the Second Workshop on Use of P2P, GRid and Agents for the Development of Content Networks, UPGRADE-CN'07. ISBN: 978-159593718-6, doi: 10.1145/1272980.1272991
105. Mario Cannataro, Veltri Pierangelo (2007). Services, Standards, and Technologies for High Performance Computational Proteomics. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 4743, p. 404-413, BERLIN HEIDELBERG:Springer-Verlag, ISBN: 978-354074766-6, ISSN: 0302-9743
106. Mario Cannataro, Veltri Pierangelo (2006). A Grid Service based on Suffix Trees for Pattern Extraction from Mass Spectrometry Proteomics Data.. In: Proc. of Workshop on XEN in High-Performance Cluster and Grid Computing Environments as part of: The Fourth International Symposium on Parallel and Distributed Processing and Applications (ISPA2006). Sorrento, Italy. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, ISSN: 0302-9743
107. Mario Cannataro, Domenico Talia, Giuseppe Tradigo, Paolo Trunfio, Veltri Pierangelo, Giovanni Zarola. (2006). A Peer-to-Peer Infrastructure for Sharing Electronic Patient Records. In: Proc. of the Int. Workshop on the Use of P2P, GRID and Agents for the Development of Content Networks (UPGRADE-CN) 2006, 15th IEEE HPDC (High Performance Distributed Computing) Conference, Paris,. ISBN: 978-159593718-6

108. Mario Cannataro, Carmela Comito, Antonio Congiusta, Gianluigi Folino, Carlo Mastroianni, Andrea Pugliese, Giandomenico Spezzano, Domenico Talia, Veltri Pierangelo (2006). A general architecture for grid-based PSE toolkits. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 3732, Berlin: Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 978-354029067-4, ISSN: 0302-9743, doi: 10.1007/11558958-79
109. Cannataro M, Veltri Pierangelo (2006). A grid service for pattern extraction from mass spectrometry data. In: 2006 2nd International Conference on Semantics Knowledge and Grid, SKG. IEEE
110. Guzzi P.H., Cannataro M., Gaspari M., Mazza T., Quaresima B., Veltri Pierangelo, Costanzo F.S. (2006). Analysis and classification of proteomics data, a case study. In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. IEEE, ISBN: 978-076952517-4, Salt Lake City, Utah USA, 22-23 June 2006, doi: 10.1109/CBMS.2006.43
111. L. Gallucci, M. Cannataro, L. Palopoli, Veltri Pierangelo (2006). DISAS: a DISelect-based Middleware for Building Adaptive Systems. In: Proc. of International Workshop on Authoring of Adaptive and Adaptable Hypermedia in conjunction with International Workshop on Authoring of Adaptive & Adaptable Educational Hypermedia, June 2006, Dublin, Ireland. Dublin, Ireland
112. Luigi Palopoli, Simona E. Rombo, Giorgio Terracina, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2006). JSSPrediction: A framework to predict protein secondary structures using integration. In: Proceedings - IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems. IEEE, ISBN: 978-076952517-4, Salt Lake City, Utah USA, June 2006, doi: 10.1109/CBMS.2006.103
113. Mario Cannataro, Veltri Pierangelo (2006). MS-Analyzer: Composing and Executing Preprocessing and Data Mining Services for Proteomics Applications. In: BITS 2006 Annual Meeting of the Bioinformatic Italian Society. Bologna, 28-29 Aprile
114. Palopoli Luigi, Rombo Simona E., Terracina Giorgio, Tradigo Giuseppe, Veltri Pierangelo (2006). Protein secondary structure prediction: How to improve accuracy by integration. In: Ruan, D; DHondt, P; Fantoni, PF; DeCock, M; Nachtegael, M; Kerre, EE. Applied Artificial Intelligence. Genova, Italy, AUG 29-31, 2006
115. Mario Cannataro, Domenico Talia, Giuseppe Tradigo, Paolo Trunfio, Veltri Pierangelo, G. Zarola (2006). Querying XML-based Electronic Patient Records in a Peer-to-peer Environment. In: Fourteenth Italian Symposium on Advanced Database Systems. Ancona (Italy), June, 18-21, 2006
116. Cannataro M, Veltri P (2006). SpecDB: A database for storing and managing mass spectrometry proteomics data. In: Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, p. 236-245, BERLIN HEIDELBERG:Springer-Verlag, ISSN: 0302-9743

117. Cannataro M., Guzzi P.H., Mazza T., Tradigo G., Veltri Pierangelo (2005). Algorithms and databases in bioinformatics: Towards a proteomic ontology. In: International Conference on Information Technology: Coding and Computing, ITCC. IEEE, ISBN: 0769523153
118. Cannataro M., Guzzi P.H., Mazza T., Veltri Pierangelo (2005). Distributed management of ontologies on the Grid. In: Proceedings of the Workshop on Enabling Technologies: Infrastructure for Collaborative Enterprises, WET ICE. IEEE, 2005
119. Cannataro M., Guzzi P.H., Mazza T., Veltri Pierangelo (2005). MS-analyzer: Intelligent preprocessing, management, and data mining analysis of mass spectrometry data on the grid. In: Proceedings - First International Conference on Semantics, Knowledge and Grid, SKG 2005. IEEE
120. Cannataro M., Comin M., Ferrari C., Guerra C., Guzzo A., Veltri Pierangelo (2005). Modelling a protein structure comparison application on the Grid using PROTEUS. In: Lecture Notes in Computer Science. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE, vol. 3458, BERLIN HEIDELBERG:Springer-Verlag, ISSN: 0302-9743, 2004
121. Giuseppe Tradigo;Francesca Cristiano;Stefano Alcaro; Sergio Greco ; Gianluca Polastri; Pierangelo Veltri; Mattia Prosperi. Assessment of G-quadruplex Prediction Tools. BCB '16 Proceedings of the 7th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics
122. Cannataro M, Guzzi P.H., Mazza T., Tradigo G., Veltri Pierangelo (2005). On the preprocessing of mass spectrometry proteomics data. In: Lecture Notes in Computer Science Springer-Verlag, ISBN: 978-354033183-4, ISSN: 0302-9743, Vietri sul Mare, June 2005, doi: 10.1007/11731177-19
123. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Pierangelo Veltri. MS-Analyzer: Intelligent Preprocessing, Management, and Data Mining Analysis of Mass Spectrometry Data on the Grid,. *Proceedings of The First International Conference on Semantics, Knowledge and Grid (SKG-05)*, Nov. 2005, Beijing, China. IEEE Press.
124. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri. Algorithms and Databases in Bioinformatics: Towards a Proteomic Ontology. *In Proc. of the Int. Conference on Coding and Computing (ITCC) 2005*. IEEE Press.
125. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Antonio Oliverio, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri. An Architecture for Managing Mass Spectrometry Data for a Distributed Proteomics Laboratory. *Workshop on Heterogeneous and Distributed Information Retrieval, in conj with 28th Int. conf. on Research and Development Information Retrieval (ACM SIGIR)*. August 2005, Salvador-Bahia, Brasil.
126. Mario Cannataro, Pierangelo Veltri. SpecDB: a Database for Storing and Managing Mass Spectrometry Proteomics Data.

- In *Proc. of Meetings on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB WILF 2005)*, Crema, Italy. Lecture Notes in Computer Science n. 3849, Springer Verlag.
127. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
Preprocessing of Mass Spectrometry Proteomics Data on the Grid. In *Proc. of International conf on Computed Based Medical Systems (CBMS-IEEE). 23-25 June 2005 Dublino*. IEEE press..
 128. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Tommaso Mazza, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri.
Preprocessing, Management, and Analysis of Mass Spectrometry Proteomics Data. In *workshop on Workflows management: new abilities for the biological information overflow-NETTAB 2005*. Napoli.
 129. Mario Cannataro, Carmela Comito, Antonio Congiusta, Gianluigi Folino, Carlo Mastroianni, Andrea Pugliese, Giandomenico Spezzano, Domenico Talia, Pierangelo Veltri.
A General Architecture for Grid-Based PSE Toolkits. In *PARA'04 Workshop on state of the art in Scientific Computing*, 2004. Lecture Notes in Computer Science 3732. Springer Verlag.
 130. Mario Cannataro, Marco Comin, Claudio Ferrari, Concettina Guerra, Antonella Guzzo, Pierangelo Veltri.
Modelling a Protein Structure Comparison Application on the Grid Using PROTEUS. In *Scientific Applications of Grid Computing- Settembre 2004. Lecture Notes in Computer Science n. 3458*. Springer Verlag.
 131. Ester Zumpano, Sergio Greco, Irina Trubitsyna, Pierangelo Veltri.
On the semantics and expressive power of Datalog-like languages for NP search and optimization problems. In *Proceedings of ACM Symposium on Applied Computing (SAC) 2004, Nicosia- Cyprus*, 2004.
 132. Mario Cannataro, Carmela Comito, Antonella Guzzo, Pierangelo Veltri.
Integrating Ontology and Workflow in PROTEUS, a Grid-Based Problem Solving Environment for Bioinformatics. In *Proceedings of the Int. Conf. on Coding and Computing. ITCC 2004*. IEEE Press.
 133. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Tommaso Mazza, Pierangelo Veltri
Using PROTEUS for Modeling Data Mining Analysis of Proteomics Experiments on the Grid. In *Proceedings of the Workshop on Grid Computing and Its Application to Data Analysis (GADA)*. Lecture Notes in Computer Science 3292 Springer 2004.
 134. Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Tommaso Mazza, Pierangelo Veltri
Ontology-Based Data Mining Analysis of Proteomics Data on the Grid. In *Workshop on Data Mining and the Grid (DM-Grid 2004)* In conjunction with The Fourth IEEE International Conference on Data Mining (ICDM 2004).

135. Mario Cannataro, Antonio Massara, Pierangelo Veltri
The OnBrowser Ontology Manager: Managing Ontologies on the Grid. In *Proceedings of the ECAI 2004 Workshop on Semantic Intelligent Middleware for the Web and the Grid (SIM-ECAI '04)*, Valencia
136. Francesco Baudi, Mario Cannataro, Rita Casadonte, Francesco Costanzo, Giovanni Cuda, Maria Concetta Faniello, Marco Gaspari, Pietro Hiram Guzzi, Tommaso Mazza, Barbara Quaresima, Pierosandro Tagliaferri, Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, Salvatore Venuta.
Mass Spectrometry Data Analysis for early Detection of inherited breast cancer. *Proc. of the Int. Workshop on Neural Network WIRN, 2004*. LNCS Springer Verlag..
137. M. Cannataro, C. Comito, A. Congiusta, C. Mastroianni, A. Pugliese, D. Talia, P. Trunfio and P. Veltri.
Architecture, Metadata and Ontologies in the Knowledge Grid, *Workshop on Metadata Management in Grid and P2P Systems: Models, Services and Architectures (MMGPS)*, December 16, 2003. London. Also in K. Keenoy A, Poulouvasilis, V. Christophides (Eds), CEUR Workshop, Vol. 85, ISSN 1613-0073.
138. Mario Cannataro, Carmela Comito, Filippo Lo Schiavo, Pierangelo Veltri
Proteus: A Grid-based Problem Solving Environment for Bioinformatics. In *Proceedings of the First Workshop on Knowledge Grid and Grid Intelligence, In conjunction with 2003 IEEE/WIC International Conference on Web Intelligence / Intelligent Agent Technology- Halifax, Canada*
139. Laurent Mignet, Denilson Barbosa, and Pierangelo Veltri. The XML Web: A First Study. In *Proceedings of the 12th International Conference on World Wide Web*, Budapest, Hungary, May 20-24 2003.
140. Giovanni Cuda, Mario Cannataro, Barbara Quaresima, Francesco Baudi, Rita Casadonte, Maria Concetta Faniello, Pierosandro Tagliaferri, Pierangelo Veltri, Francesco Costanzo, Salvatore Venuta.
Proteomic profiling of inherited breast cancer: Identification of molecular targets for early detection, prognosis and treatment, and related bioinformatics tools. In *Proc. of the Proceedings of the International Meeting of Bioinformatics and Biostatistic (CIBB 2003)*. Lecture Notes in Computer Science, pages 245-257..
141. Sophie Cluet, Pierangelo Veltri, Dan Vodislav.
Views in a Large Scale XML Repository. In *Proceedings of the Int. Conference on Very Large Database (VLDB)*, 2001. Rome.
142. Pierangelo Veltri.
Constraint Database Query Evaluation with Approximation. In *Proc. Of Int. Conf. on Coding and Computing - IEEE computer society press*, 2001.
143. Laurent Mignet, Vincent Aguilera, Sebastien Ailleret, Pierangelo Veltri.
XyRo : The Xyleme Robot Architecture. *First workshop Data Integration over the Web*, Interlakos June 2001.

144. Vincent Aguilera, Sophie Cluet, Pierangelo Veltri, Dan Vodislav, Fanny Wattez. Querying xml documents in xyleme. In *ACM-SIGIR 2000, International Workshop on Research and Development in Information Retrieval*. Athen-Greece, 2000.
145. Stephane Grumbach, Philippe Rigaux, Pierangelo Veltri. Hierarchical Optimization of Linear Constraint Processing. *ERCIM-Compulog International Workshop*. Paphos, Cipro. Oct. 1999

10.4 Capitoli di Libri

1. Pietro H. Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2018). Database Community and Health Related Data: Experiences Through the Last Decade. In: *A Comprehensive Guide Through the Italian Database Research Over the Last 25 Years*. p. 473-487, BERLIN:Springer
2. Francesca Cristiano, Veltri Pierangelo (2016). Methods and Techniques for miRNA Data Analysis. In: *Microarray Data Analysis. METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY*, vol. 1375, p. 11-23, ISSN: 1064-3745. doi: 10.1007/76512015238 - Springer
3. Mario Cannataro, Pietro H Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2014). Biological Database. In: *Handbook of Bio-Neuroinformatics* (Springer).
4. Pietro H Guzzi, Veltri Pierangelo, Mario Cannataro (2014). Thresholding of Semantic Similarity Networks Using a Spectral Graph-Based Technique. In: *New Frontiers in Mining Complex Patterns (LNCS)*. vol. 8399, BERLIN:Springer
5. Pietro Hiram Guzzi, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2013). Distributed Data Management. In: *Encyclopedia of Systems Biology*. Springer
6. Luigi Palopoli, Simona E Rombo, Giorgio Terracina, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo (2013). Protein Structure Metapredictors. In: *Encyclopedia of Systems Biology*. Springer
7. Breton V., Dean K., olomonides T., Blanquer I., Hernandez V., Medico E., Maglaveras N., Benkner S., Lonsdale G., Lloyd S., Hassan K., McClatchey R., Mignet S., Montagnat J., Pennec X., De Neve W., De Wagter C., Heeren G., Maigne L., Nozaki K., Taillet M., Bilofsky H., Ziegler R., Hoffman M., Jones C., Cannataro M., Veltri P, Aloisio G., Fiore S., Mirto M., Chouvarda I., Koutkias V., Malousi A., Lopez V., Oliveira I., Sanchez J.P., Martin-Sanchez F., De Moor G., Claerhout B., Herveg J.A. (2005). The Health Grid Withe Paper. In: *Studies in health technology and informatics 112*, pp. 249-321. vol. 112
8. Mario Cannataro, Sophie Cluet, Giuseppe Tradigo, Veltri Pierangelo, Dan Vodislav. (2005). Using Views to Query XML Documents . In: *In Encyclopedia of Database Technologies and Applications IDEA GROUP, Laura Rivero et al. (2005), Pages 729-735.*
9. Cannataro Mario, Guzzi Pietro Hiram, Mazza Tommaso, Tradigo Giuseppe, Veltri Pierangelo (2005). Using Ontologies in PROTEUS for modeling proteomics data

mining applications. In: Stud. Health Technol. Inform. 2005; 112:17-26. vol. 112, p. 17-26

10.5 Pubblicazioni in atti di convegni nazionali

1. Giuseppe Tradigo, Patrizia Vizza, Pierangelo Veltri, Pietro Hiram Guzzi
An Information System to Track Data and Processes for Food Quality and Bacterial Pathologies Prevention. SEBD 2019
2. Pietro Hiram Guzzi, Pierangelo Veltri, Swarup Roy, Jugal Kalita.
A Novel Algorithm for Local Alignment of Protein Interaction Networks: MODULA. SEBD 2017.
3. Suo Q., Ma F., Canino G., Gao J., Zhang A., Gnasso A., Tradigo G., Veltri P. An Attention-based Recurrent Neural Networks Framework for Health Data Analysis. In SEBD, 2018.
4. Giuseppe Tradigo, Pierangelo Veltri, Gianluca Pollastri.
Machine Learning Approaches for Contact Maps Prediction in CASP9 Experiment. Conferenza italiana su Sistemi Evoluti Per Basi di Dati (SEBD) 2011.
5. Giuseppe Tradigo, Mario Cannataro, Pietro Hiram Guzzi, Pierangelo Veltri: Geomedica: a web portal for managing and querying clinical and biological data. Conferenza italiana su Sistemi Evoluti Per Basi di Dati (SEBD) 2010
6. Giuseppe Tradigo, Rocco Picarelli, Luciano Caroprese, Paolo Cappadone, Ester Zumpano, Andrea Tagarelli, Angelo Furfaro, Carlo Tansi, Pierangelo Veltri, Pietro Hiram Guzzi: A cloud based framework for Emergency Management: experiences in Calabria Region. SEBD 2017.
7. Pietro Cinaglia, Pierangelo Veltri, Mario Cannataro.
eMiRo: an ontology-based system for clinical data integration and analysis. SEBD 2017.
8. Mario Cannataro, Pietro H. Guzzi, Pierangelo Veltri.
A Framework for the Prediction of Protein Complexes. *Annual meeting of Bioinformatics Italian Society (BITS 2008)*, Aprile 2008 Napoli..
9. Mario Cannataro, Domenico Talia, Giuseppe Tradigo, Paolo Trunfio, Pierangelo Veltri, G. Zarola
Querying XML-based Electronic Patient Records in a Peer-to-peer Environment. *Conferenza italiana su Sistemi Evoluti Per Basi di Dati (SEBD 2006)*.
10. Mario Cannataro, Pierangelo Veltri.
MS-Analyzer: Composing and Executing Preprocessing and Data Mining Services for Proteomics Applications. *3rd Annual Conference of the Bioinformatics Italian Society (BITS 2006)*, Aprile 27-28, 2006, Bologna, Italy.

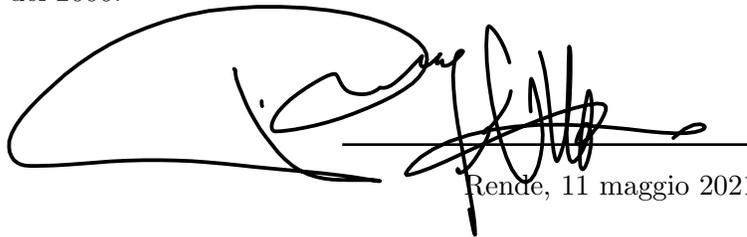
11. Mario Cannataro, Antonella Guzzo, Pierangelo Veltri
Modelling and Designing Bioinformatics Applications with PROTEUS. In *AICA2004*,
Sezione: Tecnologie software Grid Oriented legate ad internet
12. Mario Cannataro, Carmela Comito, Pierangelo Veltri.
Using Ontologies in PROTEUS, a Grid-Based Problem Solving Environment for
Bioinformatics. In *XII conferenza italiana su Sistemi Evoluti Per Basi di Dati*,
SEBD 2004 S.Margherita di Pula (CA).
13. Laurent Mignet, Denilson Barbosa, Pierangelo Veltri.
On the Characterization of the XML Web. In *XI Conferenza Italiana su Sistemi
Evoluti Per Basi di Dati, SEBD 2003*. Cetraro (CS).
14. Pierangelo Veltri, Vincent Aguilera, Sophie Cluet, Dan Vodislav, Fanny Wattez.
Querying a Web Scale XML Repository. In *IX Conferenza Italiana su Sistemi Evoluti
Per Basi di Dati, SEBD 2001 Venezia*.
15. S. Grumbach, P. Rigaux, P. Veltri
Hierarchical Optimization of Linear Constraint Processing. In *VIII Conferenza Ital-
iana su Sistemi Evoluti Per Basi di Dati, SEBD 2000*, L'Aquila.

Tesi di Dottorato

1. Pierangelo Veltri.
*A view mechanism for a large scale XML repository: design and implementation
Ph. D. Dissertation. INRIA-ROquencourt laboratories, France - Numero di Pub-
blicazione 02/PA11/2146*

Dichiarazione autocertificata ai sensi del DPR 445/2000

Il sottoscritto Pierangelo Veltri dichiara che il curriculum di seguito specificato corrisponde a verità ai sensi del DPR 445 del 2000.



Rende, 11 maggio 2021

Pierangelo Veltri