

L'attività di ricerca del Dott. Agapito, affronta tematiche centrali del Settore Scientifico Disciplinare ING-INF/05 con particolare riferimento al data mining, al calcolo parallelo e distribuito, e alla bioinformatica.

Le principali attività di ricerca si sono focalizzate sulla definizione, realizzazione e validazione di:

i) sistemi di analisi di dati omici (termine con il quale si indicano le discipline biomolecolari che presentano il suffisso “-omica”, come genomica, proteomica): Il genoma di un organismo è esaminato mediante l'uso di tecnologie sperimentali quali i microarray capaci di investigare in parallelo migliaia e/o centinaia di migliaia di geni (in base al dispositivo impiegato), consentendo di evidenziare connessioni tra varianti genomiche impossibili da rilevare investigando i geni singolarmente. Al fine di supportare il preprocessing e l'analisi statistica semiautomatica di dati genotyping SNP (Single Nucleotide Polymorphism) generati dalla piattaforma Affymetrix DMET (Drug Metabolism Enzymes and Transporters) per studi di farmacogenomica, si è progettato, realizzato e estensivamente valutato un framework denominato DMET-Analyzer, per il preprocessing e l'analisi statistica semiautomatica di dati genotyping SNP DMET. I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati in una prestigiosa rivista bioinformatica (BMC BIOINFORMATICS, 2012) e DMET-Analyzer è stato usato dai ricercatori dell'Unità Operativa di Oncologia in alcune ricerche mediche nel settore dell'oncologia e farmacogenomica (CANCER CHEMOTHERAPY AND PHARMACOLOGY 2016, ONCOTARGET, 2016, ONCOTARGET, 2017, CLINICAL PHARMACOLOGY & THERAPEUTICS, 2019). Occorre sottolineare che DMET-Analyzer è stato anche usato da vari gruppi di ricerca in Italia e all'estero come riportato nei lavori (LOMBARDI ET AL. AMERICAN JOURNAL OF CLINICAL ONCOLOGY: CANCER CLINICAL TRIALS 2015, HERTZ ET AL. CLINICAL CANCER RESEARCH 2014, RUMIATO ET AL. CANCER CHEMOTHERAPY AND PHARMACOLOGY 2013). Poiché i dati coinvolti negli studi di genomica e farmacogenomica possono crescere notevolmente (es. aumento della popolazione di pazienti o del numero di geni investigati dai microarray), gli algoritmi core di DMET-Analyzer sono stati parallelizzati sia su macchine multi-core (coreSNP) che in ambienti Cloud (Cloud4SNP et al. ACM-BCB '13) e i primi risultati sperimentali, usando vari dataset di dati reali, hanno mostrato speed-up lineare fino a 16 core (o macchine virtuali nel caso Cloud) e una altrettanto buona scalabilità rispetto al numero di pazienti. I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati nella prestigiosa rivista (IEEE TRANSACTION ON COMPUTERS, 2014). Vista la natura multifattoriale di molte patologie come tumore, diabete, e Alzheimer, cioè correlato a varianti in più di un singolo gene, le tecniche statistiche uni-variate di analisi dei dati quali il test di Fisher, sono in grado di estrarre associazioni tra una singola variante allelica e le condizioni cliniche dei soggetti, per cui si rende necessario raggruppare singole varianti insieme in un'unica informazione multifattoriale. In tale ambito, al fine di supportare l'identificazione automatica di varianti multiple correlate tra loro all'interno di uno o più geni, l'attività di ricerca è stata focalizzata sull'utilizzo di tecniche di data mining e in particolare sull'utilizzo delle Regole Associate per lo sviluppo di una nuova metodologia per l'analisi concorrente di varianti genomiche multiple in più di un gene. A tale scopo, è stato progettato, realizzato e estensivamente valutato un framework denominato DMET-Miner. I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati su alcune riviste di bioinformatica (JOURNAL OF BIOMEDICAL INFORMATICS 2015, BIBM 2014) e lo strumento è in fase di validazione presso l'Unità Operativa di Oncologia. Anche gli algoritmi core di estrazione delle regole associative di DMET-Miner sono stati resi più efficienti mediante la programmazione parallela e implementati in un software capace di sfruttare architetture multi-CPU o multi core (Parallel Rule Extraction PARES), e successivamente esteso, introducendo una nuova metodologia di bilanciamento automatico del carico di lavoro sul minor numero di CPU o core disponibili, al fine di evitare la saturazione delle risorse di computazione, chiamato (Balanced-PARES BPARES). I risultati di tale ricerca sono stati pubblicati in una prestigiosa rivista (APPLIED MATHEMATICS and COMPUTATION 2019, Pages 434-446 INFORMATION SCIENCES, 2018).

ii) algoritmi innovativi per la modellazione, memorizzazione e visualizzazione di reti Biologiche (l'insieme delle interazioni tra molecole biologiche in un organismo, usualmente rappresentate come un grafo): L'interattomica si occupa di studiare le interazioni tra le molecole biologiche all'interno di un organismo ed è particolarmente importante perché molte delle funzioni vitali delle proteine sono svolte quando esse interagiscono tra loro, ad es. per formare complessi proteici. Inoltre, l'interattomica si occupa di definire e rappresentare le interazioni tra piccole molecole quali zuccheri, lipidi, grandi molecole come RNA, e ormoni mediante grafi. In tale settore l'attività di ricerca ha riguardato un aspetto molto importante dello studio delle reti biologiche, ovvero la loro visualizzazione efficiente. Infatti, le reti biologiche possono avere migliaia di nodi ed archi per cui la visualizzazione efficiente e capace di evidenziare aspetti biologici è un problema aperto. Il lavoro (BMC BIOINFORMATICS 2013) analizza le principali metodologie per la visualizzazione delle reti biologiche ed effettua una rassegna dei principali algoritmi e strumenti software disponibili in letteratura.

Un pathway biologico è una serie di interazioni tra molecole all'interno di una cellula che porta alla formazione di un determinato prodotto biologico o a un cambiamento nella cellula stessa. Può innescare

l'assemblaggio di nuove molecole, come un lipide o una proteina, attivare e disattivare i geni o spronare una cellula a muoversi. I pathway biologici sono classificati in tre categorie pathway di trasmissione, di regolazione e metabolici. Lo scopo alla base dello studio dei pathway è quello di indentificare proteine e altre molecole responsabili di un improprio funzionamento del pathway e quindi, alla base del potenziale sviluppo di malattie complesse quali il cancro. In tale contesto, l'attività di ricerca ha esplorato approcci di preprocessing idonei all'integrazione e analisi di pathway biologici provenienti da diverse basi di dati e codificati nel formato BioPAX. In tale ambito la ricerca svolta in collaborazione con l'University Health Network di Toronto (Prof. Igor Jurisica), ha riguardato lo studio dello stato dell'arte della visualizzazione, integrazione e analisi dei pathway biologici. Una prima parte dell'attività di ricerca in tale ambito, è presentata nel lavoro (PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY 2013) illustra una metodologia utile per integrare, analizzare e visualizzare dati che provengono da differenti sorgenti.

Per velocizzare l'analisi di pathway biologici mediante la tecnica dell'enrichment funzionale, è stato sviluppato un algoritmo di pathway enrichment parallelo, i cui risultati preliminari sono stati presentati in (Agapito et al. NUMTA 2019).

- iii)* algoritmi e metodologie di data mining innovati per supportare i curatori di ontologie nel processo di valutazione della consistenza dei termini ontologici, mediante strumenti software automatici: Nonostante la struttura e l'imparzialità fornite dalle Ontologie, l'annotazione dei termini proteine è un compito complesso che è soggetto a errori e incoerenze. Le annotazioni inferite elettronicamente, in particolare, sono ampiamente considerate inaffidabili. In tale settore la ricerca si è focalizzata nell'ambito dell'analisi data mining di dati biologici (es. proteine o geni esaminati) arricchiti da annotazioni estratte da Gene Ontology, dove le annotazioni, dette GO Terms, rappresentano informazioni sulla funzione o localizzazione ad es. delle proteine. Al fine di individuare co-relazioni tra termini ontologici e validarne la consistenza, sono state impiegate tecniche di data mining in particolare l'estrazione di regole associative. Il lavoro (COMPUTER METHODS AND PROGRAMS IN BIOMEDICINE 2015) presenta tale metodologia e dimostra la sua superiorità rispetto allo stato dell'arte tramite diverse sperimentazioni su dataset annotati disponibili pubblicamente. Successivamente, tenuto conto che Gene Ontology è formata da tre distinte ontologie, Molecular Function (MF), Biological Process (BP) e Cellular Component (CC), GO-WAR è stato concepito per poter estrarre regole associative dette cross-ontology association rules, tra termini appartenenti a differenti ontologie di Gene Ontology. L'algoritmo per l'estrazione di cross-ontology association rules è stato pubblicato su una prestigiosa rivista di bioinformatica (IEEE/ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS 2016).

Usando dataset annotati disponibili pubblicamente per tre diversi organismi, è stato possibile estrarre nuove regole associative, non rilevate dagli altri algoritmi correntemente disponibili in letteratura, aventi un alto contenuto informativo (IC). Il sistema è stato validato manualmente cercando in letteratura l'evidenza biologica delle regole trovate. Nell'ambito del calcolo del contenuto informativo, i risultati dello studio condotto, sono stati pubblicati nella seguente prestigiosa rivista informatica (INTERNATIONAL JOURNAL OF MACHINE LEARNING AND CYBERNETICS, 2018).

Più di recente le attività si sono anche concentrate su metodologie e modelli Cloud e Web Computing per l'analisi efficiente di enormi volumi di dati genomici.

Le ricerche condotte hanno trovato ampia sperimentazione in ambiti applicativi emergenti quali la medicina P4 (Partecipativa, Preventiva, Predittiva e Personalizzata) e la farmacogenomica.

## 1 Pubblicazioni

La lista delle pubblicazioni di è anche disponibile su:

<https://scholar.google.ca/citations?user=wMxhIdEAAAAJ&hl=en>

### 1.1 Articoli Su Riviste Peer-Reviewed

- [1] C. Zucco, B. Calabrese, G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, "Sentiment analysis for mining texts and social networks data: Methods and tools," *Wiley Interdiscip. Rev. Data Min. Knowl. Discov.*, p. e1333, 2019.
- [2] M. Arbitrio, F. Scionti, E. Altomare, M. T. Di Martino, G. Agapito, T. Galeano, N. Staropoli, E. Iuliano, F. Grillone, F. Fabiani, D. Caracciolo, M. Cannataro, G. Arpino, D. Santini, P. Tassone, P. Tagliaferri, "Polymorphic Variants in NR1I3 and UGT2B7 Predict Taxane Neurotoxicity and Have Prognostic Relevance in Patients With Breast Cancer: A Case-Control Study," *Clin. Pharmacol. Ther.*, 2019.
- [3] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, "Parallel extraction of association rules from genomics data," *Appl. Math. Comput.*, vol. 350, pp. 434–446, 2019.
- [4] M. Milano, G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, "An experimental study of information content measurement of gene ontology terms," *Int. J. Mach. Learn. Cybern.*, vol. 9, no. 3, pp. 427–439, 2018.
- [5] G. Agapito, M. Simeoni, B. Calabrese, I. Carè, T. Lamprinoudi, P. H. Guzzi, A. Pujia, G. Fuiano, M. Cannataro, *et al.*, "DIETOS: A dietary recommender system for chronic diseases monitoring and management," *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 153, pp. 93–104, 2018.
- [6] G. Agapito, P. Guzzi, and M. Cannataro, "A Parallel Software Pipeline for DMET Microarray Genotyping Data Analysis," *High-Throughput*, vol. 7, no. 2, p. 17, 2018.
- [7] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, "Parallel and distributed association rule mining in life science: A novel parallel algorithm to mine genomics data," *Inf. Sci. (Ny)*, 2018.
- [8] F. Scionti, M. T. Di Martino, S. Sestito, A. Nicoletti, F. Falvo, K. Roppa, M. Arbitrio, P. H. Guzzi, G. Agapito, A. Pisani, E. Riccio, D. Concolino, L. Pensabene, "Genetic variants associated with Fabry disease progression despite enzyme replacement therapy," *Oncotarget*, vol. 8, no. 64, p. 107558, 2017.
- [9] G. Agapito, P. Guzzi, and M. Cannataro, "GenotypeAnalytics: a RESTful platform to mine multiple associations between SNPs and drug response in case-control studies," *PeerJ Prepr.*, vol. 5, p. e3299v1, 2017.
- [10] P. H. Guzzi, G. Agapito, M. Milano, and M. Cannataro, "Methodologies and experimental platforms for generating and analysing microarray and mass spectrometry-based omics data to support P4 medicine," *Brief. Bioinform.*, vol. 17, no. 4, pp. 553–561, 2016.

- [11] M. T. Di Martino, F. Scionti, S. Sestito, A. Nicoletti, M. Arbitrio, P. H. Guzzi, V. Talarico, F. Altomare, M. T. Sansevero, G. Agapito, A. Pisani, E. Riccio, O. Borelli, D. Concolino, L. Pensabene, “Genetic variants associated with gastrointestinal symptoms in Fabry disease,” *Oncotarget*, vol. 7, no. 52, pp. 85895–85904, 2016.
- [12] M. Arbitrio, M. T. Di Martino, F. Scionti, G. Agapito, P. H. Guzzi, M. Cannataro, P. Tassone, P. Tagliaferri, “DMET™ (Drug Metabolism Enzymes and Transporters): A Pharmacogenomic platform for precision medicine,” *Oncotarget*, vol. 7, no. 33, pp. 54028–54050, 2016.
- [13] M. Arbitrio, M. T. Di Martino, V. Barbieri, G. Agapito, P. H. Guzzi, C. Botta, E. Iuliano, F. Scionti, E. Altomare, S. Codispoti, S. Conforti, M. Cannataro, P. Tassone, P. Tagliaferri, “Identification of polymorphic variants associated with erlotinib-related skin toxicity in advanced non-small cell lung cancer patients by DMET microarray analysis,” *Cancer Chemother. Pharmacol.*, vol. 77, no. 1, pp. 205–209, 2016.
- [14] G. Agapito, M. Milano, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Extracting Cross-Ontology Weighted Association Rules from Gene Ontology Annotations,” *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinforma.*, vol. 13, no. 2, pp. 197–208, 2016.
- [15] G. Agapito, C. Botta, P. H. Guzzi, M. Arbitrio, M. T. Di Martino, P. Tassone, P. Tagliaferri, M. Cannataro, “OSAnalyzer: A Bioinformatics Tool for the Analysis of Gene Polymorphisms Enriched with Clinical Outcomes,” *Microarrays*, vol. 5, no. 4, p. 24, 2016.
- [16] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “DMET-Miner: Efficient discovery of association rules from pharmacogenomic data,” *J. Biomed. Inform.*, vol. 56, pp. 273–283, 2015.
- [17] G. Agapito, M. Cannataro, P. H. Guzzi, and M. Milano, “Using GO-WAR for mining cross-ontology weighted association rules,” *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 120, no. 2, pp. 113–122, 2015.
- [18] P. H. Guzzi, G. Agapito, and M. Cannataro, “CoreSNP: Parallel processing of microarray data,” *IEEE Trans. Comput.*, vol. 63, no. 12, pp. 2961–2974, 2014.
- [19] C. Pastrello, D. Otasek, K. Fortney, G. Agapito, M. Cannataro, E. Shirdel, I. Jurisica, “Visual Data Mining of Biological Networks: One Size Does Not Fit All,” *PLoS Comput. Biol.*, vol. 9, no. 1, pp. e1002833–e1002833, 2013.
- [20] P. H. Guzzi, G. Agapito, M. T. Di Martino, M. Arbitrio, P. Tassone, P. Tagliaferri, M. Cannataro, “DMET-Analyzer: automatic analysis of Affymetrix DMET Data,” *BMC Bioinformatics*, vol. 13, no. 1, p. 258, 2012.

## 1.2 *Articoli in Atti di Conferenza Peer-Reviewed*

- [1] M. Cannataro and G. Agapito, “A parallel software platform for pathway enrichment,” *Numer. Comput. Theory Algorithms NUMTA 2019*, p. 113, 2019.
- [2] R. Crespo-Cepeda, G. Agapito, J. L. Vazquez-Poletti, and M. Cannataro, “Challenges and Opportunities of Amazon Serverless Lambda Services in Bioinformatics,” in *Proceedings of*

*the 10th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics*, 2019, pp. 663–668.

- [3] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “S4S: RESTful Services to Collect, Integrate and Analyze SNPs and Clinical Data on the Web,” in *Proceedings - 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2018*, 2019, pp. 1686–1692.
- [4] G. Agapito, B. Calabrese, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “A pipeline for mining association rules from large datasets of retailers invoices,” in *Proceedings of the 2nd International Conference on Applications of Intelligent Systems*, 2019, pp. 1–6.
- [5] M. Settino, A. Bernasconi, G. Ceddia, G. Agapito, M. Masseroli, and M. Cannataro, “Using GMQL-Web for Querying, Downloading and Integrating Public with Private Genomic Datasets,” in *Proceedings of the 10th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics*, 2019, pp. 688–693.
- [6] G. Agapito and M. Cannataro, “Services4SNPs: A RESTful Platform for Association Rule Mining and Survival Analysis of Genotyping Data,” in *ACM-BCB 2018 - Proceedings of the 2018 ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*, 2018, p. 517.
- [7] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Learning association rules for pharmacogenomic studies,” in *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 2018, vol. 10785 LNAI, pp. 1–15.
- [8] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “A Parallel Software Pipeline for Personalized Medicine,” 2018.
- [9] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “High performance analysis of omics data: Experiences at university magna graecia of catanzaro,” in *Proceedings - 2017 International Conference on High Performance Computing and Simulation, HPCS 2017*, 2017, pp. 929–932.
- [10] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Using GenotypeAnalytics to analyze pharmacogenomic datasets,” in *ACM-BCB 2017 - Proceedings of the 8th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*, 2017, pp. 740–743.
- [11] G. Agapito *et al.*, “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*, 2017, pp. 519–526.
- [12] G. Agapito and M. Cannataro, “A software pipeline for multiple microarray data analysis,” in *Proceedings - 2017 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2017*, 2017, vol. 2017-Janua, pp. 1941–1944.
- [13] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Efficient data mining analysis of genomics and clinical data for pharmacogenomics applications,” in *Lecture Notes in Computer Science*

(including subseries *Lecture Notes in Artificial Intelligence* and *Lecture Notes in Bioinformatics*), 2017, vol. 10147 LNAI, pp. 239–248.

- [14] G. Agapito, M. Simeoni, B. Calabrese, G. Pietro Hiram, G. Fuiano, and M. Cannataro, “DIETOS: A recommender system for health profiling and diet management in chronic diseases,” in *CEUR Workshop Proceedings*, 2017, vol. 1953, pp. 32–35.
- [15] G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Parallel processing of genomics data,” in *AIP Conference Proceedings*, 2016, vol. 1776.
- [16] G. Agapito, M. Milano, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Extracting Cross-Ontology Weighted Association Rules from Gene Ontology Annotations,” *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinforma.*, vol. 13, no. 2, pp. 197–208, 2016.
- [17] F. Ciullo, C. Zucco, B. Calabrese, G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Computational challenges for sentiment analysis in life sciences,” in *2016 International Conference on High Performance Computing and Simulation, HPCS 2016*, 2016, pp. 419–426.
- [18] G. Agapito *et al.*, “DIETOS: A recommender system for adaptive diet monitoring and personalized food suggestion,” in *International Conference on Wireless and Mobile Computing, Networking and Communications*, 2016.
- [19] G. Agapito, M. Milano, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Efficient learning of association rules from human phenotype ontology,” in *BCB 2015 - 6th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*, 2015, pp. 568–573.
- [20] G. Agapito, M. Cannataro, P. H. Guzzi, and M. Milano, “GO-WAR: A tool for mining weighted association rules from gene ontology annotations,” in *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 2015, vol. 8623, pp. 3–18.
- [21] G. Agapito *et al.*, “Overall Survival Analyzer: A software tool to analyze genotyping and clinical data enriched with temporal events,” in *Proceedings - 2015 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2015*, 2015, pp. 1427–1433.
- [22] G. Agapito, M. Milano, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Improving annotation quality in gene ontology by mining cross-ontology weighted association rules,” in *Proceedings - 2014 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, IEEE BIBM 2014*, 2014, pp. 1–8.
- [23] P. H. Guzzi *et al.*, “DMET-miner: Efficient learning of association rules from genotyping data for personalized medicine,” in *Proceedings - 2014 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, IEEE BIBM 2014*, 2014, pp. 59–62.
- [24] M. Milano, G. Agapito, P. H. Guzzi, and M. Cannataro, “Biases in information content measurement of gene ontology terms,” in *Proceedings - 2014 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, IEEE BIBM 2014*, 2014, pp. 9–16.

- [25] G. Agapito *et al.*, “Profiling basic health information of tourists: Towards a recommendation system for the adaptive delivery of medical certified nutrition contents,” in *Proceedings of the 2014 International Conference on High Performance Computing and Simulation, HPCS 2014*, 2014, pp. 616–620.
- [26] G. Agapito, M. Cannataro, P. H. Guzzi, F. Marozzo, D. Talia, and P. Trunfio, “Cloud4SNP: Distributed analysis of SNP microarray data on the cloud,” in *2013 ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedical Informatics, ACM-BCB 2013*, 2013, pp. 468–475.
- [27] S. Greco, F. Gullo, G. Ponti, A. Tagarelli, and G. Agapito, “Clustering XML documents: A distributed collaborative approach,” in *SEBD 2010 - Proceedings of the 18th Italian Symposium on Advanced Database Systems*, 2010, pp. 406–413.

### 1.3 Capitoli di Libri

- [1] G. Agapito, “Computer Tools to Analyze Microarray Data,” in *Methods in Molecular Biology*, vol. 1986, Humana, New York, NY, 2019, pp. 267–282.
- [2] G. Agapito, “**Biological Pathways**”, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier 2019.
- [3] G. Agapito, “**Standards and Models for Biological Data: BioPAX**”, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier 2019.
- [4] G. Agapito, “**Standards and Models for Biological Data: SBML**”, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier 2019.
- [5] G. Agapito, “**Visualization of Biological Pathways**”, *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier 2019.
- [6] G. Agapito, “Computing Languages for Bioinformatics: BioPerl,” *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier 2018.
- [7] M. Cannataro and G. Agapito, “Computing for Bioinformatics,” *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*. Elsevier, 2018.
- [8] G. Agapito, “Grid Computing, Parallelization Techniques,” in *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 868–870.
- [9] G. Agapito, “General-Purpose Computation, Graphics Processing Units,” in *Encyclopedia of Systems Biology*, Springer, 2013, pp. 816–819.
- [10] G. Agapito, “GridMPI,” *Encyclopedia of Systems Biology*., pp. 871–872, 2013.
- [11] G. Agapito, “Message Passing Interface (MPI),” *Encyclopedia of Systems Biology*, p. 1226, 2013.

- [12] G. Agapito, "MPICH-G2," *Encyclopedia of Systems Biology*, p. 1459, 2013.

#### **1.4 Co-Editor di Atti di Conferenza Peer-Reviewed**

- [1] G. Agapito, W. Lloyd, and M. Cannataro, "ParBio'19 - 8th Workshop on Parallel and Cloud-based Bioinformatics and Biomedicine," in *ACM-BCB 2019 - Proceedings of the 10th ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics*, 2019, pp. 652–652.
- [2] G. Agapito, M. Cannataro, M. Castelli, R. Dondi, and I. Zoppis, "Editorial of the special issue of the 10th workshop on biomedical and bioinformatics challenges for computer science—BBC 2017," *Computers*, vol. 7, no. 1. Multidisciplinary Digital Publishing Institute, 2018.
- [3] G. Agapito and W. Lloyd, "ACM-BCB 2018 ParBio Chairs' Welcome & Organization," in *Proceedings of the 2018 ACM International Conference on Bioinformatics, Computational Biology, and Health Informatics*, 2018, pp. 687–688.
- [4] G. Agapito, M. Cannataro, M. Castelli, R. Dondi, and I. Zoppis, "10th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science-BBC2017," *Procedia Comput. Sci.*, vol. 108, pp. 1113–1114, 2017.
- [5] M. Cannataro, R. Dondi, G. Agapito, and M. Castelli, "11th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science: new computational models, algorithms and computer architectures\*."