

CURRICULUM VITAE

di Paolo Milazzo

DATI PERSONALI

- Data di nascita: 31 Gennaio 1979
- Luogo di nascita: Budrio (BO)
- Nazionalità: Italiana
- Codice Fiscale: MLZPLA79A31B249C
- Email: paolo.milazzo@unipi.it
- Web: <https://pages.di.unipi.it/milazzo/>

FORMAZIONE

- Dottorato di Ricerca in Informatica, Università di Pisa. Conseguito il 21/06/2007. Titolo della Tesi: *Qualitative and quantitative formal modeling of biological systems*. Relatori: Prof. Roberto Barbuti, Prof. Andrea Maggiolo-Schettini.
- Laurea in Informatica, Università di Bologna. Conseguita il 23/10/2003 con la valutazione di 110/110 con lode. Titolo della Tesi: *Implementazione di un linguaggio di programmazione distribuito*. Relatore: Prof. Cosimo Laneve.

POSIZIONI RICOPERTE

- Dal 1 Novembre 2016, professore associato presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa.
- Dal 30 Dicembre 2011 al 31 Ottobre 2016, ricercatore presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa.
- Dal 1 Gennaio 2011 al 6 Aprile 2011, titolare di borsa di studio per lo svolgimento di ricerche sul tema "Modelli computazionali per l'evoluzione: speciazione simpatica e polimorfismi stabili" presso il Centro Interdipartimentale Museo di Storia Naturale e del Territorio dell'Università di Pisa.
- Dal 1 Gennaio 2007 al 31 Dicembre 2010, assegnista di ricerca presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa.

ABILITAZIONE SCIENTIFICA NAZIONALE

- Abilitazione per il ruolo di professore di prima fascia per il settore concorsuale "01/B1 - Informatica". Validità dell'abilitazione: dal 29/04/2021 al 29/04/2030

ATTIVITÀ ISTITUZIONALI

Incarichi affidati a livello di Ateneo (dal Rettore, dal CdA o dal Prorettore Vicario)

- Referente istituzionale, su nomina del Prorettore Vicario, dello spoke 3 e, in collaborazione con la Prof. Claudia Martini, dello spoke 6 dell'Ecosistema per l'Innovazione "Tuscany Health Ecosystem (THE)" finanziato nell'ambito delle iniziative PNRR.
 - Mansioni: coordinamento contributi scientifici dai vari gruppi di ricerca dell'Università di Pisa coinvolti (51 tra professori e ricercatori coinvolti), interfacciamento con lo spoke leader (Università di Firenze per spoke 3, Università di Siena per spoke 6) e supervisione alla definizione del budget (3.5M euro di finanziamento per l'Università di Pisa).
- Membro, su nomina del CdA, di commissione per la definizione di indicatori per la valutazione della performance operativa di istituzione e delle strutture (da aprile 2020)
 - Mansioni: definizione di indicatori da utilizzare per la valutazione delle performance organizzativa di istituzione (POI), di struttura (POS) e individuale del dipendente singolo (PDS) da mettere a disposizione del Nucleo di Valutazione e del CdA per gli usi previsti dalla legge 240.
 - Membri della commissione: Prorettore Vicario, Direttore Generale, Responsabile Unità Valutazione, Prof. Mariacristina Bonti, Prof. Paolo Milazzo
 - Carico di lavoro: **oltre 30 riunioni**, inclusi incontri per la concertazione sugli indicatori con Direttori di Dipartimento/Centro e Dirigenti.
- Incaricato dal Rettore dell'Università di Pisa per l'analisi dei Ranking Internazionali delle università e il monitoraggio dei dati forniti per i relativi indicatori (da febbraio 2017)
 - Mansioni: collaborazione con i Servizi Statistici di Ateneo per la raccolta e l'invio dei dati utilizzati per ranking internazionali degli Atenei
 - Carico di lavoro: **circa 15/20 riunioni all'anno + lavoro di processamento dati**
- Membro, su nomina del Rettore, del Comitato Scientifico della Fondazione Toscana Life Sciences in rappresentanza dell'Università di Pisa (da novembre 2018)
- Membro, su nomina del Rettore, del Consiglio Scientifico-Didattico del Centro Interuniversitario per la Promozione dei Principi delle 3R nella Didattica e nella Ricerca (Centro 3R). Web: <https://www.centro3r.it> (da gennaio 2018)

Incarichi affidati a livello di Dipartimento/Corso di Studi

- Referente per il Laboratorio di Biomedical and Health Informatics del Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa
 - Mansioni: predisposizione di proposte di progetto comuni (bando POS Mis. Salute, piano complementare PNRR, bando Salute RT) e sviluppo sito web
- Delegato ai Tirocini del Corso di Laurea Triennale in Informatica (da dicembre 2018)
 - Mansioni: valutazione proposte di progetti di tirocinio, supervisione procedure tirocini, informazioni a studenti e aziende, manutenzione della piattaforma informatica attuale
- Referente per il l'unità di Pisa nel Laboratorio Nazionale InfoLife del consorzio CINI (da maggio 2017)

- Delegato per le attività di Job Placement del Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa (da marzo 2014)
 - Mansioni: pubblicazione offerte di lavoro, riunioni informative con aziende interessate (15-20 all'anno), organizzazione seminari aziendali e career days in collaborazione con il Career Center di Ateneo, partecipazione alle sedute del consiglio dei delegati al placement
- Membro della Commissione Paritetica del Consiglio dei Corsi di Laurea in Informatica Umanistica (da dicembre 2013 a settembre 2021)
- Membro della Giunta del Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa (da novembre 2016 a ottobre 2020)
- Membro della Commissione Tirocini del Consiglio Aggregato dei Corsi di Laurea in Informatica dell'Università di Pisa (da dicembre 2012 a novembre 2015)

Partecipazioni a commissioni di concorso/dottorato/esami di stato

- Membro di numerose commissioni per assegni o borse di ricerca
- Membro di commissione per l'ammissione al dottorato in informatica dell'Università di Pisa, 2022.
- Segretario (e unico membro interno) di commissione di concorso per due posti da RTD-B presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa, maggio 2021-settembre 2021.
- Membro di commissione per il rinnovo di un posto da RTD-A presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Verona, giugno 2021.
- Presidente di commissione di concorso per un posto da RTD-B presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Pisa, novembre 2018-gennaio 2019.
- Membro di commissione di concorso per un posto da RTD-A presso il Dipartimento di Informatica dell'Università di Verona, luglio-settembre 2018.
- Membro della commissione d'esame finale per il Dottorato in Informatica, Università di Milano-Bicocca, marzo e novembre 2017
- Membro della commissione d'esame finale per il Dottorato in Informatica, Università di Pisa, dicembre 2015
- Collaboratore alle attività di internazionalizzazione del Corso di Laurea Magistrale in Informatica dell'Università di Pisa (da gennaio 2014 ad aprile 2014)
- Membro della commissione per l'ammissione al Corso di Laurea in Scienze del Turismo nel 2013, 2014 e 2016
- Membro della commissione per l'esame di stato del Tirocinio Formativo Attivo (TFA) nel 2013 e 2015
- Membro di commissione d'esame finale per il dottorato in Informatica, Università di Torino, marzo 2013

ATTIVITÀ DIDATTICA

Attività didattica A.A. 2021/2022 (e programmata per l'A.A. 2022/2023)

- Titolare del corso "Paradigmi di Programmazione" (9 CFU). Corso di Laurea Triennale in Informatica, Università di Pisa.
- Titolare del corso "Orientamento Professionale e Competenze Trasversali in ambito ICT" (3 CFU). Corso di Laurea Triennale in Informatica, Università di Pisa.

- Titolare del corso “Computational Models for Complex Systems” (6 CFU). Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Università di Pisa.
- Titolare del corso “Metodologie Informatiche Applicate al Turismo” (6 CFU). Corso di Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa.

Attività didattica precedente

- Titolare del modulo “Laboratorio di Programmazione Java” (6 CFU) del corso “Programmazione e Analisi di Dati”. Corso di Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Università di Pisa. Anni Accademici 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 (per 9 CFU), 2016/2017 (per 9 CFU), 2017/2018, 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021.
- Titolare del corso “Computational Models for Complex Systems” (6 CFU). Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Università di Pisa. Anni Accademici 2019/2020, 2020/2021.
- Titolare del corso “Informatica Medica” (3 CFU). Corso di Laurea a ciclo unico in Medicina e Chirurgia, Università di Pisa. Anni Accademici 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021.
- Titolare del corso “Metodologie Informatiche Applicate al Turismo” (6 CFU). Corso di Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa. Anni Accademici 2011/2012, 2012/2013, 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016, 2016/2017, 2017/2018, 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021.
- Titolare del corso “Programmazione I e Laboratorio” (9 CFU). Corso di Laurea Triennale in Informatica, Università di Pisa. Anno Accademico 2016/2017 (per 4.5 CFU), 2017/2018.
- Co-titolare del corso “Architettura dell’Informazione” (per 28 ore). Master di I livello in Turismo e ICT, Università di Pisa. Anni Accademici 2015/2016, 2016/2017.
- Tutor (corso integrativo di 20 ore) per il corso di “Modelli di Calcolo - Models of Computation”, Corso di Laurea Magistrale in Informatica, Università di Pisa. Anno Accademico 2015/2016.
- Titolare del laboratorio pedagogico “Laboratorio 2: Basi di Dati e Reti” (3 CFU) all’interno del Tirocinio Formativo Attivo (TFA) e dei Percorsi Abilitanti Speciali (PAS) classe 42 - Informatica. Anni Accademici 2012/2013, 2013/2014, 2015/2015.
- Co-docente del corso di “Programmazione I” per la parte di esercitazioni e laboratorio (20 ore). Corso di Laurea in Informatica, Università di Pisa. Anno Accademico 2012/2013.
- Titolare del corso “Web Programming” (6 CFU). Corso di Laurea in Informatica Applicata, Università di Pisa. Anno Accademico 2010/2011.
- Titolare del corso “Fondamenti di Algoritmi” (modulo di 6 CFU dell’insegnamento “Programmazione e Algoritmi”). Corso di Laurea in Informatica per l’Economia e per l’Azienda (Business Informatics), Università di Pisa. Anno Accademico 2010/2011.
- Titolare del corso “Laboratorio di Basi di Dati” (modulo di 6 CFU dell’insegnamento “Sistemi Informatici Operazionali”). Corso di Laurea in Informatica per l’Economia e per l’Azienda (Business Informatics), Università di Pisa. Anno Accademico 2010/2011.
- Titolare del modulo di laboratorio (20 ore) all’interno del corso “Linguaggi di Programmazione”. Corso di Laurea in Matematica, Università di Pisa. Anni Accademici 2008/2009, 2009/2010.
- Ha tenuto lezioni su modelli matematici e simulazione stocastica di sistemi biologici (7 ore) all’interno del corso di “Bioinformatica”. Corso di Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa. Anno Accademico 2009/2010.
- Assistente per il corso di “Fondamenti di Programmazione”. Corso di Laurea in Informatica, Università di Pisa. Anno Accademico 2006/2007.
- Ha tenuto lezioni su strumenti di model checking e su modellazione e analisi di sistemi biologici all’interno del corso di “Metodi e Strumenti per la Verifica”. Corso di Laurea in Informatica, Università di Pisa. Anni Accademici 2006/2007, 2007/2008, 2008/2009 e 2009/2010.

Risultati ai questionari degli studenti sull'attività didattica

Media delle valutazioni ricevute con punteggi nell'intervallo [0, 4] (0=pessimo, 4=ottimo).

Paradigmi di Programmazione	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	3,5	-	-	-	-	-
Giudizio complessivo	3,3	-	-	-	-	-
Orientamento ICT	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	-	-	-	-	-	-
Giudizio complessivo	-	-	-	-	-	-
Comp. Mod. for Complex Systems	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	3,8	3,9	4	3,9	-	-
Giudizio complessivo	3,7	3,8	4	3,8	-	-
Met. Informatiche Appl. Turismo	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	3,6	3,6	3,7	3,5	3,5	3,6
Giudizio complessivo	3,6	3,4	3,7	3,6	3,4	3,7
Lab. Programmazione Java	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	-	3,8	3,8	3,8	3,6	3,9
Giudizio complessivo	-	3,6	3,6	3,6	3,2	3,6
Informatica Medica	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	-	3,5	3,4	3,8	-	-
Giudizio complessivo	-	3,4	3,3	3,5	-	-
Programmazione 1 e Laboratorio	2021-2022	2020-2021	2019-2020	2018-2019	2017-2018	2016-2017
Chiarezza del docente	-	-	-	-	3,7	3,6
Giudizio complessivo	-	-	-	-	3,7	3,5

Didattica a livello di dottorato

Supervisore di dottorandi in Informatica (salvo diversamente specificato):

- Martina Cirinciani. Argomento di ricerca: Metodi di biologia strutturale computazionale per lo studio di proprietà di proteine mutate. Dottorato in Biochemistry and Molecular Biology, in corso.
- Lucia Nasti. Argomento di ricerca: Metodi di analisi computazionale della robustezza delle reti di interazione biochimica. Tesi discussa a Marzo 2020.
- Giovanna Broccia. Argomento di ricerca: Modelli computazionali del comportamento umano nell'interazione con più di un device (human multitasking). Tesi discussa a Marzo 2019.
- Pasquale Bove. Argomento di ricerca: Modellazione e simulazione di ecosistemi. Tesi discussa a Ottobre 2016.
- Sheema Sameen. Argomento di ricerca: Modelli ibridi dei fenomeni di resistenza al trattamento farmacologico del cancro. Tesi discussa a Maggio 2016.
- Giulio Caravagna. Argomento di ricerca: Ritardi nella simulazione stocastica di sistemi biologici e in formalismi stocastici e temporizzati. Tesi discussa a Giugno 2011.
- Giovanni Pardini. Argomento di ricerca: Formalizzazione con calcoli di processo di notazioni grafiche per sistemi biologici e modellazione degli aspetti spaziali di tali sistemi. Tesi discussa a Giugno 2011.
- Peter Drabik. Argomento di ricerca: Verifica modulare e sintesi di modelli di sistemi biologici. Tesi discussa a Dicembre 2011.

Corsi e scuole per dottorandi:

- Organizzatore della scuola di dottorato internazionale "SEFM School 2010 – Advanced applications of model checking techniques" tenutasi dal 6 al 10 settembre 2010 a Pisa.

- Organizzatore di un ciclo di seminari su “Bio-inspired models of computation” rivolto a studenti di dottorato in Informatica dell’Università di Pisa, Anno 2009.
- Mini-corso (4 ore) sul Calculus of Looping Sequences alla scuola di dottorato BNC’08 (Bertinoro School on Natural Computation 2008).

Attività di revisore per dottorandi di altri atenei:

- Revisore esterno della tesi di dottorato di Livio Bioglio, Dottorato in Informatica, Università di Torino, 2013
- Revisore esterno del progetto di tesi di dottorato (proposta di tesi) di Michal Kováč, Dottorato in Informatica, Comenius University, Bratislava, 2013.

Supervisione di tesi di laurea

Relatore dei seguenti tesisti (Lauree Magistrali e Specialistiche):

- Giang Pham. Titolo della tesi: *A computational workflow for estimation of protein-ligand affinity with mutant proteins*. Laurea Magistrale in Informatica, Anno Accademico 2021/2022.
- Ilaria Belvedere. Titolo della tesi: *Progettazione e prototipazione di una soluzione basata su DataVerse per la condivisione di dataset e prodotto di ricerca*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2021/2022.
- Ilaria Petrossi. Titolo della tesi: *Definizione, analisi formale e implementazione del flusso di gioco della game app “Mistero al Museo” per il Museo di Storia Naturale di Calci.* Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2021/2022.
- Marta Scalisi. Titolo della tesi: *Realizzazione di un sito web per la raccolta e l’esplorazione di dati epigenomici sulla sindrome di Rett*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2021/2022.
- Roberto Sulas. Titolo della tesi: *C code generation from Discrete-Event actor-oriented models for generic embedded applications*. Laurea Magistrale in Informatica, Anno Accademico 2020/2021.
- Michele Fontanesi. Titolo della tesi: *Biochemical pathways dynamical properties prediction and analysis with Neural Networks for Graphs*. Laurea Magistrale in Informatica, Anno Accademico 2020/2021.
- Giuseppe Cassarà. Titolo della tesi: *Studio e prototipizzazione di una soluzione di data visualization basata su GraphQL*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2019/2020.
- Laura Turriani. Titolo della tesi: *Arpus: progettazione e sviluppo di una piattaforma per le analisi bibliometriche dell’Università di Pisa*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2018/2019.
- Marco Loddò. Titolo della tesi: *Realizzazione di un’applicazione distribuita a microservizi basata su container Docker e PaaS di orchestrazione per la ristorazione aziendale*. Laurea Magistrale in Informatica, Anno Accademico 2018/2019.
- Luca Vitriani. Titolo della tesi: *Progettazione e sviluppo di una piattaforma web per la realizzazione di test cognitivi*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2017/2018.
- Sara Benedetti (correlatore), Titolo della tesi: *Relating structural and dynamical properties of reaction networks*. Laurea Magistrale in Biologia Molecolare e Cellulare, Anno Accademico 2017/2018.
- Stefano Costanzo. Titolo della tesi: *Progettazione di un sistema di simulazione per reti sociali*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2017/2018.
- Guglielmo Lischi. Titolo della tesi: *Sviluppo di una applicazione ibrida per l’insegnamento del modello particellare nelle scuole secondarie di primo grado*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2016/2017.

- Lucia Nasti. Titolo della tesi: *Modelling and Simulation of the Dopaminergic System in addiction context. The case of Internet addiction*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2016/2017.
- Dimitri Belli. Titolo della tesi: *Progetti educativi, informatica e didattica della chimica. Come incoraggiare lo sviluppo della capacità di astrazione negli alunni delle scuole secondarie di primo grado con l'ausilio di applicazioni interattive*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica, Anno Accademico 2015/2016.
- Alessandro Bompadre. Titolo della tesi: *Multilevel Attributed Probabilistic P System Implementazione e Definizione*. Laurea Magistrale in Informatica, Anno Accademico 2015/2016.
- Giovanna Broccia. Titolo della tesi: *Un domain specific language per la modellazione di giochi*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica. Anno Accademico 2014/2015.
- Dario Sestini. Titolo della tesi: *Verifica di proprietà di modelli di giochi con tecniche di model checking probabilistico*. Laurea Magistrale in Informatica Umanistica. Anno Accademico 2014/2015.
- Teresa Fasano. Titolo della tesi: *Formalizzazione di alcune estensioni probabilistiche di P Systems*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2008/2009.
- Giovanni Cambria. Titolo della tesi: *Stochastic Calculus of Looping Sequences con ritardi*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2008/2009.
- Daniela Lepri. Titolo della tesi: *A formal semantics for molecular interaction maps*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2007/2008.
- Giulio Caravagna. Titolo della tesi: *An intermediate language for the simulation of biological systems*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2006/2007.
- Giovanni Pardini. Titolo della tesi: *Topological Calculus of Looping Sequences*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2006/2007.
- Guido Scatena. Titolo della tesi: *Development of a stochastic simulator for biological systems based on the Calculus of Looping Sequences*. Laurea Specialistica in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2006/2007.

Tutore dei seguenti tirocinanti e tesisti (Lauree Triennali):

- Elisa Cinini. Argomento della tesi: *Implicazioni del web 3.0 sulle attività legate al turismo*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, in corso di svolgimento.
- Ludovico Venturi. Titolo della tesi: *Protein Folding: dai metodi classici per la predizione della struttura di proteine alla rivoluzione di AlphaFold*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, A.A. 2021/2022
- Carlo Zazzetti. Argomento della tesi: *Sviluppo di giochi interattivi per l'ambito museale*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, A.A. 2020/2021.
- Andrea Zanobini. Argomento della tesi: *RAMSETE: Progetto di innovazione tecnologia in ambito museale*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, A.A. 2020/2021.
- Jeanne Milena Ndjebes. Titolo della tesi: *Realtà virtuale e l'Internet of things un binomio essenziale per la digitalizzazione del patrimonio culturale: Caso del Zamani project*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2020/2021.
- Gabriele Guariso. Titolo della relazione: *Sviluppo di un App Android per l'ambito museale*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2020/2021.
- Mariagiovanna Rotundo. Titolo della relazione: *SBML-batch: un package Python per la simulazione in batteria di reti di reazioni chimiche*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2019/2020.
- Domenico Profumo. Titolo della relazione: *Sviluppo app Android per il controllo di un sistema IoT per le coltivazioni in vaso*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2019/2020.

- Federico Pasquali. Titolo della tesi: *City Tour Planner*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2018/2019.
- Priscilla Raucci. Titolo della relazione: *Sviluppo firmware per Wearable bluetooth e App per il settore bio-medicale*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, A.A. 2018/2019.
- Valeryia Zveryeva. Titolo della tesi: *Il web marketing nello sviluppo di un sito web di una struttura ricettiva*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2016/2017.
- Alessia Ciuffreda. Titolo della tesi: *Ruolo dei travel blogger nella valorizzazione delle destinazioni turistiche*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2016/2017.
- Filippo Baudo. Titolo della tesi: *Sviluppo e analisi dell'impatto del sito di una struttura ricettiva*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2015/2016.
- Karyna Mazur. Titolo della tesi: *Il fenomeno della Sharing Economy come leva per lo sviluppo del turismo in Bielorussia*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2015/2016.
- Elisa Amato. Titolo della relazione: *Web application per l'identificazione di componenti di pathway biochimici*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2014/2015.
- Veronika Denezhnaya. Titolo della relazione: *Visita virtuale del Museo di Storia Naturale dell'Università di Pisa: sito web e altri strumenti di comunicazione*. Laurea in Scienze del Turismo, Università di Pisa, Anno Accademico 2014/2015.
- Luca Biscardi. Titolo della relazione: *Implementazione con di un algoritmo per l'identificazione di componenti di pathway biochimici con GWT*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2013/2014.
- Giulio Manzi. Titolo della relazione: *Realizzazione di un simulatore di reazioni chimiche basato sull'algoritmo di Gillespie*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2007/2008.
- Iacopo Tozzi. Titolo della relazione: *Realizzazione e sperimentazione di un simulatore di sistemi molecolari*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2004/2005.
- Giulio Caravagna. Titolo della relazione: *Progettazione e realizzazione di un simulatore di sistemi biologici*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2004/2005.
- Simone Pieraccioni. Titolo della relazione: *Realizzazione di un'interfaccia grafica per simulatori di sistemi biologici*. Laurea in Informatica, Università di Pisa, Anno Accademico 2004/2005.

Progetti per attività didattiche

- FIT for IU - Fondamenti di Tecnologie dell'Informazione per Informatica Umanistica, Progetto Speciale per la Didattica, finanziato dall'Università di Pisa

ATTIVITÀ DI RICERCA

Interessi di ricerca:

- Mechanistic Modeling of Complex Systems
- Theoretical Computer Science: Semantics and Formal Methods
- Computational Systems Biology
- Bio-inspired and Natural Models of Computation
- Precision Medicine
- Precision Agriculture

Descrizione dell'attività di ricerca:

IL PASSATO Il mio background è nei metodi formali per lo studio di sistemi concorrenti e distribuiti [111, 50]. Dopo essermi laureato a Bologna con una tesi su algebre di processo applicate nell'ambito dei **linguaggi di orchestrazione di Web Services** [125], mi sono spostato a Pisa per il dottorato di ricerca in cui ho iniziato a lavorare nell'ambito della **Systems Biology**. In particolare, mi sono occupato di metodi formali con applicazioni a reti di interazione tra proteine, regolazione dell'attività di geni, processi metabolici, processi di segnalazione tra cellule, ecc... Nella mia tesi di dottorato ho sviluppato un formalismo per la modellazione di sistemi biologici denominato **Calculus of Looping Sequences (CLS)** [53, 117, 124]. Tale formalismo ha una sintassi basata su regole di riscrittura che lo rende piuttosto semplice da usare anche a non esperti di metodi formali. Inoltre, esso è corredato di una semantica formale che consente l'applicazione di tecniche di analisi comuni nell'ambito dei metodi formali (e.g. model checking, interpretazione astratta e tecniche basate sull'utilizzo di sistemi di tipi o behavioral equivalences) e innovative in ambito biologico [51, 31].

Negli anni successivi il dottorato ho ampliato i miei interessi di ricerca iniziando ad occuparmi anche di **Natural Computing**, ossia di modelli di calcolo ispirati dai meccanismi alla base dei sistemi biologici, in cui mi sono prevalentemente occupato di definire semantiche composizionali [52, 23] e strumenti di analisi formale per tali modelli [37, 18]. Inoltre, ho iniziato a considerare altri contesti applicativi per i metodi di modellazione e analisi su cui avevo acquisito esperienza, andandomi ad occupare quindi non solo di biologia, ma più in generale di *sistemi complessi*, considerando problemi negli ambiti della dinamica di popolazioni, ecosistemi, evoluzione delle specie animali e agricoltura [28, 22, 20, 8].

In parallelo, ho consolidato alcune collaborazioni con biologi e medici dell'Università di Pisa, che mi hanno portato a lavorare su tematiche di modellazione dei processi biochimici [116]. In particolare ho lavorato su processi alla base dello **sviluppo del cancro** e dei meccanismi che portano della resistenza ai trattamenti farmacologici del tumore al polmone [80, 19]. Anche in questi studi applicativi ha però avuto un ruolo centrale la componente di modellistica computazionale, cercando di creare nuova conoscenza e di validare (o confutare) le ipotesi dei medici modellando i processi coinvolti nelle patologie di interesse, piuttosto che analizzando i dati clinici.

IL PRESENTE Avendo maturato una buona esperienza di ricerca sui metodi di modellazione e analisi di sistemi complessi (con un approccio meccanicistico) e avendo una buona conoscenza dei contesti applicativi negli ambiti della biologia e della medicina, in questo momento sto cercando di consolidare il mio ruolo di esperto in questi settori continuando a fare ricerca di base su alcuni aspetti che ritengo promettenti, e al tempo stesso stabilendo rapporti di collaborazione sia con ricercatori degli ambiti applicativi a cui mi rivolgo, sia con colleghi che si occupano di altre discipline informatiche.

Dal punto di vista della **ricerca di base**, attualmente mi sto occupando di metodi formali per l'analisi di proprietà dinamiche di reti di regolazione di geni [3] e pathway cellulari [63]. Questi sono i sistemi alla base del funzionamento delle cellule e all'interno dei quali si trovano le cause della maggior parte delle patologie umane. La complessità di questi sistemi è tale da imporre l'uso di tecniche computazionali per la loro analisi, e per questo ritengo sia cruciale continuare a sviluppare nuovi metodi in quest'ambito.

Collaborando con colleghi esperti di Machine Learning sto anche cercando di sviluppare **metodi che combinino approcci di modellazione meccanicistica e metodi di apprendimento automatico** in modo sinergico. In particolare, ci siamo concentrati sullo sviluppo di un metodo di classificazione che sia in grado di predire proprietà dinamiche di pathway cellulari descritti come reti di Petri, assumendo che esista una correlazione tra la struttura della rete e il suo comportamento, e facendo apprendere tale correlazione a un modello di Machine Learning per Grafi [62]. Questo apre alla possibilità di predire proprietà dinamiche di nuovi pathway interrogando il classificatore ed evitando di eseguire numerose (e costose) simulazioni computazionali. Inoltre, sto iniziando a lavorare su aspetti di *biologia struttura-*

le computazionale, sempre combinando metodi basati su machine learning (che uso come strumenti, non avendo l'esperienza per svilupparne dei nuovi) con metodi meccanicistici, detti di "Molecular Dynamics". Lo scopo, in questo caso, è di predire in-silico l'affinità proteina-ligando nel caso di proteine con mutazioni.

Dal punto di vista della **ricerca applicata**, sono al momento coinvolto in alcuni progetti che riguardano: la ricerca biomedica (PRA 2020), in cui è in corso una collaborazione con un gruppo di ricercatori che si occupa della Sindrome di Rett; la medicina di precisione per la prevenzione del diabete (PRE-MED2), in cui si andranno a raccogliere ed analizzare dati di pazienti diabetici; e l'agricoltura di precisione (HaloFarMs), in cui si svilupperanno modelli e un sistema di supporto alle decisioni nell'ambito delle coltivazioni in terreni ad elevata salinità. Sono inoltre coinvolto (anche con ruoli di responsabilità) in alcune proposte di progetto in corso di valutazione nell'ambito dei bandi PRIN 2020 e POS (de Ministero della Salute), e di progetti nell'ambito dell'ecosistema dell'innovazione "Tuscany Health Ecosystem" finanziato sul PNRR. Sulle tematiche di biologia strutturale computazionale sto collaborando con l'azienda Kedrion Biopharma e con la Fondazione Toscana Life Sciences (entrambe co-finanziatrici queste ricerche).

IL FUTURO Come prospettiva di ricerca per il futuro la mia intenzione è di continuare a lavorare sugli aspetti di ricerca di base nell'ambito della modellazione meccanicistica di sistemi complessi, e alle applicazioni di questi metodi nell'ambito di progetti interdisciplinari in ambito biomedico.

Sebbene in questo anni vadano molto per la maggiore gli approcci data-driven, che tendono a studiare i sistemi "dall'esterno", sulla base di dati ottenuti dalle osservazioni, ritengo che sia inevitabile in futuro una convergenza di tali metodi con gli approcci meccanicistici, che invece si concentrano sulla modellazione dei processi che "dall'interno" determinano il comportamento dei sistemi portando a tali osservazioni.

Solo entrando nel merito di meccanismi si può capire perché un sistema abbia un certo comportamento, andando anche oltre a quanto si può ottenere con i metodi di "Explainable AI" che si stanno sviluppando in questi anni e che mirano (giustamente) a spiegare le predizioni fatte da un modello di machine learning. In altre parole, l'obiettivo dei metodi di modellazione e analisi meccanicistica è spiegare il sistema studiato, non le predizioni fatte su di esso. Per questo motivo ritengo continui ad essere importante lavorare sui modelli meccanicistici, anche in sinergia con i metodi data-driven.

Premi e riconoscimenti:

- Vincitore del premio *IMCS 2017 Prize "The Theoretical Result of the Year"* attribuito all'articolo [73] dall'International Membrane Computing Society.
- Autore di articolo inserito nella collezione speciale *Top papers selected by the Editorial Board* della rivista *Journal of Logical and Algebraic Methods in Programming* per il periodo 2014-2019.
- Vincitore del *Best Paper Award* della conferenza BIOSTEC/Bioinformatics 2020

Responsabilità di progetti:

- Coordinatore locale (per l'Università di Pisa - 6 dipartimenti) per la proposta di progetto *Hub Multidisciplinare e Interregionale di Ricerca e Sperimentazione Clinica per il Contrasto alle Pandemie e all'Antibioticoresistenza (PAN-HUB)* inviata in risposta al bando POS 2021 (Traiettorie 4) del Ministero della Salute. (Finanziamento richiesto per Univ. di Pisa pari a **937k euro**)
- Referente istituzionale degli spoke 3 e 6 dell'Ecosistema per l'Innovazione "Tuscany Health Ecosystem (THE)" finanziato nell'ambito delle iniziative PNRR (vedere sezione "Attività Istituzionali").
- Responsabile del progetto *Metodi avanzati per l'analisi di dati biomedici* finanziato dall'Università di Pisa (PRA 2017/2018, cod. PRA_2017_44).

Partecipazioni a progetti:

- Membro del progetto *Precision Medicine for Preventing Type 2 Diabetes: a Step Forward (PRE-MED2)* finanziato dalla Regione Toscana nell'ambito del Bando Ricerca Salute 2018.
- Membro del progetto *Development and Optimization of Halophyte-based Farming systems in salt-affected Mediterranean Soils (HaloFarMs)* finanziato nell'ambito del programma internazionale PRIMA per la ricerca nell'area del Mediterraneo, 2020-2023.
- Membro del progetto *Metodi informatici integrati per la biomedica* finanziato dall'Università di Pisa (PRA_2020-2021_26).
- Membro del progetto *Rfid in Ambito MuSeale per un'Esperienza inTERattiva (RAMSETE)* finanziato dalla Regione Toscana come cofinanziamento di assegno di ricerca per il 2020-2022.
- Membro del progetto *High-Tech House Garden (HTHG)* ammesso al finanziamento dalla Regione Toscana nell'ambito del programma POR FESR 2014-2020.
- Membro del progetto *Metodologie computazionali per la medicina personalizzata* finanziato dall'Università di Pisa (PRA 2015)
- Membro del progetto *Bio-Inspired Systems and Calculi with Applications (BISCA)* finanziato da MIUR (PRIN 2006).
- Membro del progetto *Automata: from Mathematics to Applications (AutoMathA)* dell'European Science Foundation (ESF 2005-2010).
- Membro del progetto *Abstract Interpretation Design and Applications (AIDA)* finanziato da MIUR (PRIN 2004).

Proposte di progetto in corso di valutazione:

- Membro della proposta di progetto *Modelling and vErification of alkaptonuria and multiple sclerosis Driven by biomedICAL data (MEDICA)* inviata per in risposta al bando MIUR-PRIN 2022. (Finanziamento richiesto per Univ. di Pisa pari a 70k euro)

Finanziamenti da aziende per ricerca:

- Procurato cofinanziamento di 39k euro per borsa di dottorato in informatica da Fondazione Toscana Life Science sul tema "Caratterizzazione dell'interazione proteina-proteina attraverso approcci di deep learning e dinamica molecolare" (DM 352/2022, ciclo di dottorato 2022-2025). Borsa ottenuta da Sara Joubbi.
- Procurato finanziamento per borsa di dottorato industriale in "biochemistry and molecular biology" (dottorato regionale Pegaso) su bando PON 2021 con l'azienda Kedrion Pharma. Borsa ottenuta da Martina Cirinciani.
- Contribuito a procurare (con le Prof.sse Claudia Martini ed Eleonora Da Pozzo) cofinanziamento di 54k euro per posizione RTDa SSD BIO/10 da Kedrion Pharma. Posizione ottenuta da Nicole Ziliotto, Dipartimento di Farmacia

Partecipazioni a comitati editoriali di riviste:

- Guest Editor di special issue della rivista "Journal of Logical and Algebraic Methods in Programming (JLAMP)" di Elsevier su "Computational modelling and data-driven techniques for systems analysis", disponibile qui: <https://www.sciencedirect.com/journal/journal-of-logical-and-algebraic-methods-in-programming/special-issue/10PVWWRG3RH>.
- Guest Editor di special issue della rivista "Atti della Società Toscana di Scienze Naturali - Memorie B", volume 125, 2018.

- Membro dell'Editorial Board (Review Editor) della rivista "Frontiers in Applied Mathematics and Statistics", Frontiers publishing, Lausanne, Switzerland.

Partecipazioni a comitati direttivi di convegni internazionali:

- Membro dello Steering Committee del convegno internazionale "From Data to Models and Back (DataMod)" che si tiene annualmente.
- Chair degli eventi satellite (workshop chair) della federazione di convegni internazionali "Software Technologies: Applications and Foundations (STAF 2016)", Vienna (Austria), 4-8 luglio 2016.

Direzione di comitati scientifici (programme committee - PC) di convegni internazionali:

- PC chair del workshop internazionale "Modelling and Knowledge Management: Systems and Domains (MoKMaSD 2015)", York (Regno Unito), 8 Settembre 2015.
- PC chair del workshop internazionale "Modelling and Knowledge Management: Systems and Domains (MoKMaSD 2014)", Grenoble (Francia), 2 Settembre 2014.
- PC chair del workshop internazionale "Modelling and Knowledge Management for Sustainable Development (MoKMaSD 2013)", Madrid (Spagna), 24 Settembre 2013.
- PC chair e organizzatore del workshop internazionale "Applications of Membrane computing, Concurrency and Agent-based modelling in POPulation biology (AMCA-POP)", Jena (Germania), 25 Agosto 2010.

Partecipazioni a comitati scientifici (programme committee - PC) di convegni internazionali:

- PC member della conferenza internazionale "14th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2023)", Lisbona (Portogallo), 22-24 Febbraio 2023.
- PC member del workshop internazionale "Cognition: Interdisciplinary Foundations, Models and Applications (CIFMA 2022)", Berlino (Germania), 27 Settembre 2022.
- PC member della conferenza internazionale "13th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2022)", Virtual Event, 9-11 Febbraio 2022.
- PC member del convegno internazionale "From Data to Models and Back (DataMod 2021)", Virtual Event, 7 Dicembre 2021.
- PC member del workshop internazionale "Cognition: Interdisciplinary Foundations, Models and Applications (CIFMA 2021)", Virtual Event, 6 Dicembre 2021.
- PC member della conferenza internazionale "12th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2021)", Virtual Event, 11-13 Febbraio 2021.
- PC member del convegno internazionale "From Data to Models and Back (DataMod 2020)", Virtual Event, 20 Ottobre 2020.
- PC member del workshop internazionale "Cognition: Interdisciplinary Foundations, Models and Applications (CIFMA 2020)", Virtual Event, 14 Settembre 2020.
- PC member della conferenza internazionale "11th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2020)", Valletta (Malta), 24-26 Febbraio 2020.
- PC member del convegno internazionale "From Data to Models and Back (DataMod 2019)", Porto (Portogallo), 7-8 Ottobre 2019.
- PC member del workshop internazionale "Cognition: Interdisciplinary Foundations, Models and Applications (CIFMA 2019)", Oslo (Norvegia), 17 Settembre 2019
- PC member del workshop internazionale "Open Source Software Certification (OpenCert 2019)", Porto (Portogallo), 7 Ottobre 2019.

- PC member dell'“Italian Conference on Theoretical Computer Science (ICTCS)”, Como (Italia), 9-11 Settembre 2019
- PC member della conferenza internazionale “10th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2019)”, Praga (Repubblica Ceca), 22-24 Febbraio 2019.
- PC member della conferenza internazionale “9th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2018)”, Madeira (Portogallo), 19-21 Gennaio 2018.
- PC member della conferenza internazionale “8th Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS 2017)”, Porto (Portogallo), 21-23 Febbraio 2017.
- PC member del convegno internazionale “From Data to Models and Back (DataMod 2016)”, Vienna (Austria), 8 luglio 2016.
- PC member del workshop internazionale “Verification of Engineered Molecular Devices and Programs (VEMDP 2014)”, Vienna (Austria), 17 Luglio 2014.
- PC member del workshop internazionale “Open Source Software Certification (OpenCert 2014)”, Grenoble (Francia), 1 Settembre 2014.
- PC member del workshop internazionale “Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'13)”, Firenze, 6 Giugno 2013
- PC member del workshop internazionale “Open Source Software Certification (OpenCert 2013)”, Madrid (Spagna), 23 Settembre 2013.
- PC member del workshop internazionale “Modelling and Knowledge Management for Sustainable Development (MoKMaSD 2012)”, Salonico (Grecia), 2 Ottobre 2012.
- PC member del workshop internazionale “Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'12)”, Stoccolma (Svezia), 16 Giugno 2012.
- PC member del workshop internazionale “Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC 2012)”, Newcastle (UK), 8 Settembre 2012.
- PC member del workshop internazionale “Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'11)”, Reykjavik (Islanda), 9 Giugno 2011.
- PC member del workshop internazionale “Modelling for Sustainable Development”, special track di SEFM 2011, Montevideo (Uruguay), 14-18 Novembre 2011.
- PC member del workshop internazionale “Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC 2011)”, Parigi (Francia), 23 Agosto 2011.
- PC member del workshop internazionale “Open Source Software Certification (OpenCert 2011)”, Montevideo (Uruguay), 14-15 Novembre 2011.
- PC member del workshop internazionale “Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'10)”, Amsterdam (Olanda), 10 Giugno 2010.
- PC member del workshop internazionale “Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC 2010)”, Jena (Germania), 23 Agosto 2010.
- PC member del workshop internazionale “Open Source Software Certification (OpenCert 2010)”, Pisa (Italia), 17-18 Settembre 2010.

Partecipazioni a comitati di programma di convegni nazionali:

- PC member della conferenza “Tecnologie e innovazione per una gestione sostenibile dell’agricoltura, dell’ambiente e della biodiversità (Ti4AAB)”, Calci (PI), 7-8 Luglio 2016.

Partecipazioni a convegni e scuole internazionali su invito:

- Keynote Speaker al “17th International Conference on Membrane Computing (CMC17)”, Milano, 25-29 luglio 2016
- Seminario su invito al convegno “Natural Born Computations” organizzato dall’Università di Urbino (Urbino, 26-27 febbraio 2015)
- Seminario su invito alla XV Scuola Estiva di Filosofia della Fisica (Cesena, Settembre 2012)
- Seminario su invito alla scuola di dottorato BNC’08 (Bertinoro School on Natural Computation 2008).

Altre partecipazioni a convegni ed eventi di disseminazione su invito (solo A.A. 2021-2022):

- Moderatore della sessione “Organizzazione sanitaria, epidemiologia, sorveglianza” del Convegno ProSIT 2022 intitolato “Le sfide delle tecnologie digitali per la salute del futuro”, Pisa, 8 Luglio 2022.
- Relazione su invito (keynote) al convegno “Il ruolo delle immagini e degli strumenti digitali nella didattica delle scienze”, Pisa, 4-5 Luglio 2022.
- Relazione su invito al convegno internazionale “Regions4PerMed KA5 Conference - Tackling ethical, economical, legal and social aspects of Personalised Medicine”, Siena, 27-28 Giugno 2022
- Relazione su invito al convegno annuale dell Centro 3R intitolato “L’era delle 3R: modelli in silico, in vitro e in vivo per promuovere la ricerca traslazionale”, evento online, 30 Settembre e 1 Ottobre 2021
- Relazione su invito al convegno “3 anni, 3R”, evento online, 2 Febbraio 2021.

Attività di revisione di articoli:

- Riviste internazionali (lista non completa): Fundamenta Informaticae; Theoretical Computer Science; Journal of Biological Systems; Mathematical Structures in Computer Science; Int. Journal of Foundations of Computer Science; Natural Computing; Int. Journal of Computers, Communications & Control; Journal of Logic and Algebraic Programming; Theoretical Informatics and Applications; Journal of Universal Computer Science; Journal of Computational Biology; Science of Computer Programming; Information & Computation; Springer Plus; Information Sciences.
- Convegni e workshop internazionali (lista non completa): ICALP’05, ICTAC’05, CMSB’06, FBTC’07, CMSB’07, FOCLASA’07, SOS’07, FASE’07, ICALP’07, SOFSEM’08, SAC’08, ESOP’08, QAPL’09, PetriNets’09, PSI’09, CMSB’09, CILC’09, Concur’09, SAC’09, CMSB’10, CS2BIO’10, MeCBIC’10, OpenCert’10, CMSB’11, CS2BIO’11, SEFM’11, TGC’11, RECOMB’11 CS2Bio’12, MeCBIC’12, MoKMaSD’12, QAPL’12, MeCBIC’13, OpenCert’13, PSI’14, OpenCert’14, WABI’15, ECCS’15, CIBB’15, DataMod’16, WRLA’16, ICTCS’16, BioInformatics’17, ...

INDICATORI BIBLIOMETRICI

Dati aggiornati al 24 novembre 2022:

	Scopus	ResearchGate	Google Scholar
h-index	17	20	23
citazioni totali	880	1126	1513
documenti indicizzati	108	125	N.D.
anno prima pubblicazione	2005	2004	N.D.

PUBBLICAZIONI

Lavori su riviste internazionali

- [1] A. Kocian, G. Carmassi, F. Cela, S. Chessa, L. Incrocci, P. Milazzo. *Evapotranspiration Prediction of Sweet Basil from Static Empiric Modelling to Linear Dynamic Systems*, Computers and Electronics in Agriculture, submitted.
- [2] L. Brodo, R. Bruni, M. Falaschi, R. Gori, F. Levi, P. Milazzo. *Quantitative Extensions of Reaction Systems based on SOS Semantics*, Neural Computing and Applications, in press (accepted)
- [3] R. Barbuti, R. Gori, P. Milazzo. *Encoding Boolean networks into reaction systems for investigating causal dependencies in gene regulation*, Theoretical Computer Science, volume 881, pages 3-24, 2021.
- [4] R. Barbuti, A. Bernasconi, R. Gori, P. Milazzo. *Characterization and computation of ancestors in reaction systems*, Soft Computing, volume 25 (3), pages 1683-1698, 2021.
- [5] R. Barbuti, P. Bove, R. Gori, D. Gruska, F. Levi, P. Milazzo. *Encoding threshold Boolean Networks into reaction systems for the analysis of gene regulatory networks*, Fundamenta Informaticae, volume 179 (2), pages 205-225, 2021
- [6] R. Barbuti, R. Gori, P. Milazzo, L. Nasti. *A survey of gene regulatory networks modelling methods: from differential equations, to Boolean and qualitative bioinspired models*, Journal of Membrane Computing, volume 2 (3), pages 207-226, 2020
- [7] A. Kocian, G. Carmassi, F. Cela, L. Incrocci, P. Milazzo, S. Chessa. *Bayesian sigmoid-type time series forecasting with missing data for greenhouse crops*, Sensors, volume 20 (11), article num. 3246, 2020.
- [8] A. Kocian, D. Massa, S. Cannazzaro, L. Incrocci, S. Di Lonardo, P. Milazzo, S. Chessa. *Dynamic Bayesian network for crop growth prediction in greenhouses*, Computers and Electronics in Agriculture, volume 169, n. 105167, 2020.
- [9] G. Broccia, P. Milazzo, P.C. Olveczky. *Formal modeling and analysis of safety-critical human multitasking*, Innovations in Systems and Software Engineering, volume 15 (3), pages 533-571, 2019.
- [10] P. Milazzo and G. Pardini. *Objective/MC: A high-level model checking language: Formalization of the imperative core and translation into PRISM*, Journal of Intelligent Information Systems, volume 52, n. 3, pages 533-571.
- [11] R. Gori, D. Gruska, P. Milazzo. *Studying opacity of reaction systems through formula based predictors*, Fundamenta Informaticae, volume 165 (3-4), pages 303-319, 2019.
- [12] L. Nasti, P. Milazzo. *A Hybrid Automata model of social networking addiction*, Journal of Logical and Algebraic Methods in Programming, volume 100, pages 215-229, 2018.
- [13] R. Barbuti, R. Gori, P. Milazzo. *Predictors for flat membrane systems*, Theoretical Computer Science, volume 736, pages 79-102, 2018.
- [14] A. Ahluwalia, A.M. Bassi, P. Milazzo. *Inauguration of the Centro 3R for the promotion of the 3Rs principles in teaching and research*, ALTEX, volume 35 (2), pages 260-261, 2018.
- [15] R. Barbuti, P. Berni, P. Milazzo. *A mathematical model for the study of the impact of small commercial fishing on the biodiversity of artificial reefs*, Atti della Soc. T. di Scienze Naturali, Memorie Serie B, 125, pages 45-52, 2018
- [16] R. Barbuti, R. Gori, F. Levi and P. Milazzo. *Generalized contexts for reaction systems: definition and study of dynamic causalities*, Acta Informatica, volume 55, number 3, pages 227-267, 2018.
- [17] R. Barbuti, R. Gori, F. Levi and P. Milazzo. *Specialized Predictor for Reaction Systems with Context Properties*, Fundamenta Informaticae, volume 147, pages 173-191, 2016.
- [18] R. Barbuti, R. Gori, F. Levi and P. Milazzo. *Investigating Dynamic Causalities in Reaction Systems*, Theoretical Computer Science, volume 623, pages 114-145, 2016.
- [19] S. Sameen, R. Barbuti, P. Milazzo, A. Cerone, M. Del Re, R. Danesi. *Mathematical Modelling of Drug Resistance Due to KRAS Mutation in Colorectal Cancer*, Journal of Theoretical Biology, volume 389, pages 263-273, 2016.
- [20] R. Barbuti, P. Bove, P. Milazzo and G. Pardini. *Minimal probabilistic P systems for modelling ecological systems*, Theoretical Computer Science, volume 608, pages 36-56, 2015.

- [21] G. Pardini, P. Milazzo and A. Maggiolo-Schettini. *Component identification in biochemical pathways*, Theoretical Computer Science, volume 587, pages 104-124, 2015.
- [22] P. Bove, P. Milazzo and R. Barbuti. *The role of deleterious mutations in the stability of hybridogenetic water frog complexes*, BMC Evolutionary Biology, volume 14, reference 107, 2014.
- [23] G. Pardini, R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Compositional semantics and behavioural equivalences for reaction systems with restriction*, Theoretical Computer Science, volume 551, pages 1-21, 2014.
- [24] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *Simulation of spatial P system models*, Theoretical Computer Science, volume 529, pages 11-45, 2014.
- [25] G. Pardini, P. Milazzo and A. Maggiolo-Schettini. *Identification of components in biochemical pathways: extensive application to SBML models*, Natural Computing, volume 13, pages 351-365, 2014.
- [26] P. Milazzo. *Membrane Computing: from biology to computation and back*, Isonomia, ISSN 2037-4348, April 2014.
- [27] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, and G. Pardini. *Modular Verification of Qualitative Pathway Models with Fairness*, Scientific Annals of Computer Science, volume 23, pages 75-117, 2013.
- [28] R. Barbuti, S. Mautner, G. Carnevale, P. Milazzo, A. Rama and C. Sturmbauer. *Population dynamics with a mixed type of sexual and asexual reproduction in a fluctuating environment*, BMC Evolutionary Biology, volume 12, reference 49, 2012.
- [29] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *On conditions for modular verification in systems of synchronising components*, Fundamenta Informaticae, volume 120, pages 259–274, 2012.
- [30] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Foundational aspects of multiscale modelling of biological systems with process algebras*, Theoretical Computer Science, volume 431, pages 96–116, 2012.
- [31] R. Barbuti, F. Levi, P. Milazzo and G. Scatena. *Probabilistic model checking of biological systems with uncertain kinetic rates*, Theoretical Computer Science, volume 419, pages 2–16, 2012.
- [32] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Modular verification of interactive systems with an application to biology*, Scientific Annals of Computer Science, volume 21, pages 39–72, 2011.
- [33] R. Barbuti, F. Levi, P. Milazzo and G. Scatena. *Maximally parallel probabilistic semantics for Multiset Rewriting*, Fundamenta Informaticae, volume 112, pages 1-27, 2011.
- [34] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *Spatial Calculus of Looping Sequences*, Theoretical Computer Science, volume 412, pages 5976–6001, 2011.
- [35] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *An overview on operational semantics in membrane computing*, International Journal of Foundations of Computer Science, volume 22, pages 119–132, 2011.
- [36] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Delay stochastic simulation of biological systems: A purely delayed approach*, Transactions on Computational Systems Biology XIII, Springer LNCS journal, volume 6575, pages 61–84, 2011.
- [37] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, G. Pardini and L. Tesei. *Spatial P systems*, Natural Computing, volume 10, pages 3–16, 2011.
- [38] R. Barbuti, M. Dezani-Ciancaglini, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *A formalism for the description of protein interaction*, Fundamenta Informaticae, volume 103, pages 1-29, 2010.
- [39] R. Barbuti, D.P. Gruska, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *A Notion of biological diagnosability inspired by the notion of opacity in systems security*, Fundamenta Informaticae, volume 102, pages 19-34, 2010.
- [40] G. Caravagna, A. d’Onofrio, P. Milazzo and R. Barbuti. *Tumour suppression by immune system through stochastic oscillations*, Journal of Theoretical Biology, volume 265, pages 336–345, 2010.
- [41] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Compositional semantics of spiking neural P systems*, Journal of Logic and Algebraic Programming, volume 79, pages 304–316, 2010.
- [42] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and L. Tesei. *Timed P automata*, Fundamenta Informaticae, volume 94, pages 1–19, 2009.
- [43] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *P systems with endosomes*, Int. Journal of Computers, Communications & Control, Volume IV, pages 214–223, 2009.
- [44] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *P systems with transport and diffusion membrane channels*. Fundamenta Informaticae, volume 93, pages 17–31, 2009.
- [45] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, A. Troina. *A methodology for the stochastic modelling and simulation of sympatric speciation by sexual selection*. Journal of Biological Systems, World Scientific Publishing, volume 17, pages 349–376, 2009.
- [46] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *An intermediate language for the stochastic simulation of biological systems*, Theoretical Computer Science, volume 410, pages 3085–3109, 2009.
- [47] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *A P systems flat form preserving step-by-step behaviour*, Fundamenta Informaticae, volume 87, 1–34, 2008.

- [48] R. Lanotte, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *Design and verification of long-running transactions in a timed framework*, Science of Computer Programming, volume 73, pages 76–94, 2008.
- [49] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, P. Tiberi and A. Troina. *Stochastic CLS for the modeling and simulation of biological systems*, Transactions on Computational Systems Biology IX, Springer LNCS journal, volume 5121, pages 86–113, 2008.
- [50] D.P. Gruska, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo. *Security in a model for long-running transactions*, Fundamenta Informaticae, volume 85, pages 189–203, 2008.
- [51] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, and A. Troina, *Bisimulations in calculi modelling membranes*, Formal Aspects of Computing, volume 20, pages 351–377, 2008.
- [52] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Compositional semantics and behavioral equivalences for P systems*, Theoretical Computer Science, volume 395, pages 77–100, 2008.
- [53] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *A Calculus of Looping Sequences for modelling microbiological systems*, Fundamenta Informaticae, volume 72, pages 21–35, 2006.
- [54] R. Barbuti, S. Cataudella, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *A probabilistic model for molecular systems*, Fundamenta Informaticae, volume 67, pages 13–27, 2005.

Lavori su rendiconti di convegni internazionali

- [55] L. Nasti, R. Gori, P. Milazzo. *Analysis and verification of robustness properties in Becker-Döring model*, Proc. of 10th Int. Symposium “From Data to Models and Back (DataMod 2021)”, LNCS 13628, pages 27-43, 2022.
- [56] L. Nasti, R. Gori, P. Milazzo. *Formal characterization and efficient verification of a biological robustness property*, 9th IEEE/ACM Conference on Formal Methods in Software Engineering (FormalISE 2021), IEEE, pages 13-18, 2021.
- [57] L. Brodo, R. Bruni, M. Falaschi, R. Gori, F. Levi, P. Milazzo. *Exploiting modularity of SOS semantics to define quantitative extensions of reaction systems*, Proc. of 9th-10th Int. Conference on the Theory and Practice of Natural Computing (TPNC 2020 & 2021), LNCS 13082, pages 15-32, 2021.
- [58] M. Podda, P. Bove, A. Micheli, P. Milazzo. *Classification of Biochemical Pathway Robustness with Neural Networks for Graphs*, Communications in Computer and Information Sciences, volume 1400, pages 215-239, 2021.
- [59] P. Milazzo. *Analysis of COVID-19 Data with PRISM: Parameter Estimation and SIR Modelling*, Proc. of 9th Int. Symposium “From Data to Models and Back (DataMod 2020)”, LNCS 12611, pages 123-133, Springer, 2021.
- [60] M. Podda, D. Bacciu, A. Micheli, P. Milazzo. *Biochemical pathway robustness prediction with graph neural networks*, Proc. of 28th European Symposium on Artificial Neural Networks, Computational Intelligence and Machine Learning (ESANN 2020), pages 121-126, 2020
- [61] G. Broccia, P. Milazzo, C. Belviso, C.B. Montiel. *Validation of a simulation algorithm for safety-critical human multitasking*, Proc. of 8th Int. Symposium “From Data to Models and Back (DataMod 2019)”, LNCS 12232, pages 99-113, Springer, 2020.
- [62] P. Bove, A. Micheli, P. Milazzo, A. Podda. *Prediction of dynamical properties of biochemical pathways with graph neural networks*, 12th Int. Conference BIOSTEC/Bioinformatics, pages 32-43, 2020.
- [63] R. Gori, P. Milazzo, L. Nasti. *Towards an efficient verification method for monotonicity properties of chemical reaction networks*, 10th Int. Conference BIOSTEC/Bioinformatics, pages 250-257, 2019.
- [64] G. Broccia, P. Masci, P. Milazzo. *Modeling and analysis of human memory load in multitasking scenarios*, ACM SIGCHI Symposium on Engineering Interactive Computing Systems (EICS 2018), art. a9, 2018.
- [65] G. Burchi, S. Chessa, F. Gambineri, A. Kocian, D. Massa, P. Milazzo, L. Rimediotti, A. Ruggeri. *Information technology controlled greenhouse: A system architecture*, IoT Vertical and Topical Summit on Agriculture - Tuscany, pages 1-6, IEEE, 2018.
- [66] L. Nasti, R. Gori, P. Milazzo. *Formalizing a notion of concentration robustness for biochemical networks*, LNCS 11176, pages 81-97, 2018.
- [67] R. Gori, D. Gruska, P. Milazzo. *Hidden states in reaction systems*, CEUR Workshop Proceedings, vol 2240, 2018.
- [68] R. Barbuti, A. Bernasconi, R. Gori, P. Milazzo. *Computing preimages and ancestors in reaction systems*, LNCS 11324, pages 23-35, Springer, 2018.
- [69] R. Barbuti, P. Bove, R. Gori, F. Levi, P. Milazzo. *Simulating gene regulatory networks using reaction systems*, CEUR Workshop Proceedings, vol 2240, 2018.
- [70] Giovanna Broccia, Paolo Milazzo and Peter Csaba Olveczky. *An executable formal framework for safety-critical human multitasking*, 10th NASA Formal Methods Symposium (NFM 2018)”, LNCS 10811, pages 54-69, Springer, 2018.
- [71] Lucia Nasti and Paolo Milazzo. *A computational model of internet addiction phenomena in social networks*, 6th Int. Symposium “From Data to Models and Back (DataMod 2017)”, LNCS 10729, pages 86-100, Springer, 2018.

- [72] Giovanna Broccia, Paolo Milazzo and Peter Csaba Olveczky. *An algorithm for simulating human selective attention*, 6th Int. Symposium "From Data to Models and Back (DataMod 2017)", LNCS 10729, pages 48-55, Springer, 2018.
- [73] Roberto Barbuti, Roberta Gori and Paolo Milazzo. *Multiset patterns and their application to dynamic causalities in membrane systems*, 18th International Conference on Membrane Computing (CMC 2017), LNCS 10725, pages 54-73, Springer, 2018.
- [74] Roberto Barbuti, Pasquale Bove, Paolo Milazzo and Giovanni Pardini. *Applications of P systems in population biology and ecology: The cases of MPP and APP systems*, 17th International Conference on Membrane Computing (CMC 2016), LNCS 10105, pages 28-48, Springer, 2017
- [75] Giovanni Pardini and Paolo Milazzo, *A High-Level Model Checking Language with Compile-time Pruning of Local Variables*, 5th Int. Symposium "From Data to Models and Back (DataMod 2016)", LNCS 9946, pages 67-82, Springer, 2016.
- [76] Roberto Barbuti, Alessandro Bompadre, Pasquale Bove, Paolo Milazzo and Giovanni Pardini, *Attributed Probabilistic P Systems and their Application to the Modelling of Social Interactions in Primates*, 4th Int. Workshop on Modelling and Knowledge Management: Systems and Domains (MoKMaSD'15), LNCS 9509, pages 176-191, Springer, 2015.
- [77] Suryana Setiawan, Antonio Cerone and Paolo Milazzo, *A Tool for the Modelling and Simulation of Ecological Systems based on Grid Systems*, 4th Int. Workshop on Modelling and Knowledge Management: Systems and Domains (MoKMaSD'15), LNCS 9509, pages 198-212, Springer, 2015.
- [78] R. Barbuti, R. Gori, F. Levi and P. Milazzo. *A Specialized Predictor for Reaction Systems with Context Properties*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'15), CEUR Workshop Proceedings, volume 1492, pages 31-43 ISBN 978-83-7996-181-8, University of Rzeszow, 2015.
- [79] P. Milazzo, G. Pardini, D. Sestini and P. Bove. *Case studies of application of probabilistic and statistical model checking in game design*, 4th International Workshop on Games and Software Engineering (GAS'15), pages 29-35, IEEE Press, 2015.
- [80] S. Sameen, R. Barbuti, P. Milazzo and A. Cerone, *A Mathematical Model for Assessing KRAS Mutation Effect on Monoclonal Antibody Treatment of Colorectal Cancer*, 3rd Int. Workshop on Modelling and Knowledge Management: Systems and Domains (MoKMaSD'14), LNCS 8938, pages 243-258, Springer, 2015.
- [81] R. Barbuti, P. Bove, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *A Computational Formal Model of the Invasiveness of Eastern Species in European Water Frog Populations*, 2nd Int. Workshop on Modelling and Knowledge Management for Sustainable Development (MoKMaSD'13), LNCS 8368, pages 329-344, Springer, 2014.
- [82] R. Barbuti, A. Cerone, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Setiawan. *Modelling population dynamics using grid systems*. 1st Int. Workshop on Modelling and Knowledge Management for Sustainable Development (MoKMaSD'12), LNCS 7991, pages 172-189, Springer, 2014.
- [83] G. Pardini, P. Milazzo and A. Maggiolo-Schettini. *An algorithm for the identification of components in biochemical pathways*, 4th Int. Workshop on Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'13), ENTCS, volume 299, pages 69-84, Elsevier, 2013.
- [84] A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *Application of a Semi-automatic Algorithm for Identification of Molecular Components in SBML Models*, Italian Workshop on Artificial Life and Evolutionary Computation (Wivace 2013), EPTCS 130, pages 43-52, 2013.
- [85] G. Pardini, R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *A compositional semantics of reaction systems with restriction*, Computability in Europe (CIE'13), LNCS 7921, pages 330-339, Springer, 2013.
- [86] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Towards modular verification of pathways: fairness and assumptions*, 6th Int. Workshop on Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC'12), EPTCS 100, pages 63-81, 2012.
- [87] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Membrane systems working in generating and accepting modes: expressiveness and encodings*, 11th Conference on Membrane Computing (CMC11), LNCS 6501, pages 102-117, Springer, 2011.
- [88] R. Barbuti, F. Levi, P. Milazzo and G. Scatena. *Maximally Parallel Probabilistic Semantics for Multiset Rewriting*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'10), Informatik-Bericht Nr. 237, pages 25-36, Humboldt-Universitaet, 2010.
- [89] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Dynamic Sync-program for Modular Verification of Biological Systems*, 2nd Int. Workshop on Non-classical Models of Automata and Applications (NCMA'10), Osterreichischen Computer Gesellschaft, book@ocg.at series, 2010.
- [90] T.A. Basuki, A. Cerone, R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and E. Rossi. *Modelling the dynamics of an Aedes albopictus population*, 1st Int. Workshop on Applications of Membrane computing, Concurrency and Agent-based modelling in POPulation biology (AMCA-POP 2010), EPTCS 33, pages 18-36, 2010.
- [91] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Aspects of multiscale modelling in a process algebra for biological systems*, 4th Int. Workshop on Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC'10), EPTCS 40, pages 54-69, 2010.

- [92] P. Drábik, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Modular verification of interactive systems with an application to biology*, 1st Int. Workshop on Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'10), ENTCS 268, pages 61–75, Elsevier, 2010.
- [93] R. Barbuti, D. Lepri, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, G. Pardini and A. Rama. *Simulation of Kohn's Molecular Interaction Maps through traslation into Stochastic CLS+* 7th Int. Conference Perspectives of System Informatics (PSI'09), LNCS 5947, pages 58–69, Springer, 2010.
- [94] R. Barbuti, F. Levi, P. Milazzo and G. Scatena. *Probabilistic Model Checking of Biological Systems with Uncertain Kinetic Rates*, 3rd Int. Conference on Reachability Problems (RP'09), Springer LNCS 5797, pages 64–78, 2009.
- [95] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *On the Interpretation of Delays in Delay Stochastic Simulation of Biological Systems*, 2nd Int. Workshop on Computational Models for Cell Processes (CompMod'09), EPTCS 6, pages 17–29, 2009.
- [96] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo G. Pardini and A. Rama. *A Process Calculus for Molecular Interaction Maps*, Int. Meeting on Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC'09), EPTCS 11, pages 33-49, 2009.
- [97] R. Barbuti, D.P. Gruska, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Interpretation of some systems security notions in biological diagnostics*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'09), pages 38–49, Warsaw Univeristy Press, 2009.
- [98] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *P Systems with endosomes*, 7th Brainstorming Week on Membrane Computing (BWMC'09), RGNC Report 1/2009, Fénix Editora, Sevilla, 2009.
- [99] T.A. Basuki, A. Cerone and P. Milazzo. *Translating Stochastic CLS into Maude*, Int. Meeting on Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC'08), ENTCS 227, pages 37–58, Elsevier, 2009.
- [100] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and L. Tesei. *Timed P automata*, Int. Meeting on Membrane Computing and Biologically Inspired Process Calculi (MeCBIC'08), ENTCS 227, pages 21–36, Elsevier, 2009.
- [101] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *P systems with transport and diffusion membrane channels*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'08), Informatik-Bericht 225, pages 13-24, Humboldt-Universitaet, 2008.
- [102] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *Spatial Calculus of Looping Sequences*, Int. Workshop From Biology To Concurrency and back (FBTC'08), ENTCS 229, Elsevier, pages 21–39, 2009.
- [103] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and S. Tini. *Towards a P systems normal form preserving step-by-step behaviour*, 6th Brainstorming Week on Membrane Computing (BWMC'08), RGNC Report, Fénix Editora, Sevilla, 2008.
- [104] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *An intermediate language for the simulation of biological systems*, Int. Workshop From Biology To Concurrency and back (FBTC'07), ENTCS 194 (3), pages 19–34, Elsevier, 2008.
- [105] D.P. Gruska, A. Maggiolo-Schettini and P. Milazzo. *Security in Communicating Hierarchical Transaction-based Timed Automata*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'07), pages 267–278, Warsaw Univeristy Press, 2007.
- [106] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, and A. Troina. *The Calculus of Looping Sequences for Modeling Biological Membranes*, Invited paper at the 8th Workshop on Membrane Computing (WMC8), LNCS 4860, pages 54-76, Springer, 2007.
- [107] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, and P. Milazzo. *Extending the Calculus of Looping Sequences to Model Protein Interaction at the Domain Level*, Int. Symposium on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA'07), LNBI 4463, pages 638–649, Springer, 2007.
- [108] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, and A. Troina. *Bisimulation congruences in the Calculus of Looping Sequences*, 3rd Int. Colloquium on Theoretical Aspects of Computing (ICTAC'06), LNCS 4281, pages 93–107, Springer, 2006.
- [109] R. Lanotte, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *Modeling long-running transactions with Communicating Hierarchical Timed Automata*, 8th IFIP Int. Conference on Formal Methods for Open Object Based Distributed Systems (FMOODS'06), LNCS 4037, pages 108–122, Springer, 2006.
- [110] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *A Calculus of Looping Sequences for modelling micro-biological systems*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'05), pages 29–40, Warsaw Univeristy Press, 2005.
- [111] S. Carpineti, C. Laneve and P. Milazzo. *BoPi: a distributed machine for experimenting Web Service technologies*, Int. Conference on Application of Concurrency to System Design (ACSD'05), pages 202–211, IEEE CS Press, 2005.
- [112] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, and A. Troina. *An alternative to Gillespie's algorithm for the simulation of chemical reactions*, Int. Conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB'05), pages 167–178, 2005.
- [113] R. Barbuti, S. Cataudella, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and A. Troina. *A probabilistic calculus for molecular systems*, Int. Workshop on Concurrency, Specification and Programming (CS&P'04), Informatik-Bericht 170, pages 202–216, Humboldt-Universitaet, 2004.

Capitoli di libri

- [114] P. Milazzo. *Process Algebras in Systems Biology*, in *Systems Biology Modelling and Analysis: Formal Bioinformatics Methods and Tools*, Wiley, 2022.
- [115] R. Barbuti, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo, G. Pardini and S. Tini. *Systolic Automata and P Systems*, In: *Computing with New Resources*, pages 17-31), Springer International Publishing, 2014.
- [116] P. Milazzo, A. Del Corso, A. Maggiolo-Schettini, U. Mura and R. Barbuti. *Modelling Biochemical Pathways with the Calculus of Looping Sequences*, In: *New Challenges for Cancer Systems Biomedicine*, pages 105-125, Springer Milan, 2012.
- [117] R. Barbuti, G. Caravagna, A. Maggiolo-Schettini, P. Milazzo and G. Pardini. *The Calculus of Looping Sequences*, In: M. Bernardo, P. Degano and G. Zavattaro (Eds.), *Formal Methods for Computational Systems Biology (SFM 2008)*, LNCS 5016, pages 387-423, Springer, 2008.

Volumi

- [118] Special Issue of *Journal of Logical and Algebraic Methods in Programming (JLAMP)* on Computational modelling and data-driven techniques for systems analysis (V. Galpin and P. Milazzo eds.), Elsevier, in press.
- [119] Special issue of *Atti della Società Toscana di Scienze Naturali, Memorie B* for the conference “Tecnologie e innovazione per una gestione sostenibile dell’agricoltura, dell’ambiente e della biodiversità (Ti4AAB)” (R. Barbuti, S. Chessa, R. Fresco and P. Milazzo eds.), volume 125, 2018.
- [120] *Software Technologies: Applications and Foundations. STAF 2016 Collocated workshops: DataMod, GCM, HOFM, MELO, SEMS, VeryComp* (P. Milazzo, D. Varró and M. Wimmer eds.), LNCS 9946, Springer, 2016.
- [121] *Proc. of the 1st Workshop on Applications of Membrane computing, Concurrency and Agent-based modelling in POPulation biology* (P. Milazzo and M. de J. Pérez Jiménez eds.), ETPCS 33, 2010.

Monografie

- [122] P. Milazzo. *Formal modeling in Systems Biology. An approach from Theoretical Computer Science*, VDM Verlag Dr. Müller, Saarbruecken, ISBN 978-38-36494-83-0, 2008.

Riviste nazionali con revisione

- [123] P. Milazzo. *Computazione Naturale*, Portale Italiano di Filosofia Analitica (AphEx), ISSN 2036–9972, volume 10, 2014

Tesi

- [124] P. Milazzo. *Qualitative and Quantitative Formal Modeling of Biological Systems*, PhD Thesis, University of Pisa, 2007.
- [125] P. Milazzo. *Implementation of a Distributed Programming Language*, MSc Thesis, University of Bologna, 2003.

DICHIARAZIONE SOSTITUTIVA DI CERTIFICAZIONE (art. 46 e art. 47 del DPR 445/2000)

Io sottoscritto Paolo Milazzo, Codice Fiscale MLZPLA79A31B249C, nato a Budrio (BO) il 31/01/1979, consapevole della responsabilità penale prevista, dall’art. 76 del D.P.R. 445/2000, per le ipotesi di falsità in atti e dichiarazioni mendaci ivi indicate, dichiaro che quanto riportato in questo curriculum corrisponde a verità ai sensi dell’art. 46 e seguenti del D.R.R. 445/2000.

Pisa, 24 novembre 2022.

Paolo Milazzo