# CURRICULUM VITAE DELLA PROPRIA ATTIVITA' SCIENTIFICA E DIDATTICA RESO NELLE FORME DELL'AUTOCERTIFICAZIONE

#### DICHIARAZIONI SOSTITUTIVE DI CERTIFICAZIONI

(art. 46 D.P.R. n. 445/2000)

#### DICHIARAZIONI SOSTITUTIVE DELL'ATTO DI NOTORIETA'

(art. 19 e 47 D.P.R. n. 445/2000)

IL SOTTOSCRITTO:

COGNOME MONTEFUSCO

NOME FRANCESCO

NATO A PROV. SESSO M,
ATTUALMENTE RESIDENTE AD
INDIRIZZO
TELEFONO TELEFONO CELLULARE
E-MAIL

Il sottoscritto,

consapevole che le dichiarazioni mendaci sono punite ai sensi degli artt. 483, 495, 496 del codice penale e delle leggi speciali in materia,

#### **DICHIARA**

- Che tutte le informazioni contenute nel proprio curriculum vitae e di seguito riportate corrispondono al vero
- Di aver conseguito il titolo di **Dottore di Ricerca** in **Ingegneria Biomedica e Informatica** in data 26 Gennaio 2010 presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, con tesi intitolata "Reverse Engineering Biological Interaction Networks by Exploiting Prior Knowledge and Topological Features" (supervisori: Prof. Carlo Cosentino e Prof. Francesco Amato) (per dettagli si veda il paragrafo "**Identificazione di reti biologiche**", p. 8).
- Di aver conseguito l'**Abilitazione** all'esercizio della professione di **Ingegnere** conseguita nella seconda sessione dell'anno 2005 presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II".
- Di aver conseguito il **Diploma di Laurea** in **Ingegneria Elettronica** in data 18 Luglio 2005 presso l'Università degli Studi di Napoli "Federico II", con votazione 107/110, discutendo la tesi intitolata "Modellista e controllo di un portaghi meccatronico per applicazioni in chirurgia laparoscopica".
- Di aver conseguito il **Diploma di Maturità Classica** presso il Liceo Ginnasio "G. Scotti" di Ischia nel Luglio 1998, con votazione 54/60.
- Di aver concluso in data 30/09/2019 presso l'Università degli Studi di Padova il Percorso Formativo per il **Conseguimento 24 CFU**, ai sensi dell'art. 3, commi 3 e 4 del D.M. 617/2017.
- Di avere ORCID ID: 0000-0002-3264-9686; Scopus Author ID: 25031756300; h-index pari a 6.
- Di svolgere/aver svolto le seguenti **ATTIVITA' PROFESSIONALI DI RICERCA**:
  - Da Novembre 2019, **Collaboratore di ricerca** con il gruppo del Prof. Morten G. Pedersen, presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova (contratto di lavoro autonomo di tipo occasionale), lavorando sullo sviluppo e l'applicazione di modelli di

- elettrofisiologia e di esocitosi per cellule neuroendocrine (per dettagli sull'attività si veda il paragrafo "Modellistica matematica per cellule con attività elettrica", p. 5).
- Dal 1 Dicembre 2017 al 30 Novembre 2019, **Assegnista di ricerca** di tipo B (*senior*) presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova. Questa attività è svolta grazie al finanziamento del progetto di ricerca intitolato "A multicellular computational model of glucagon secretion from pancreatic islets" che il dichiarante (Francesco Montefusco, **FM**) ha ottenuto dal "Budget Integrato per la Ricerca dei Dipartimenti (BIRD)", presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova, per il sostegno di ricerche di carattere innovativo e di eccellenza proposte da giovani non strutturati (fondi ottenuti: €60K; bando 2017, si veda <a href="http://www.dei.unipd.it/bandi/archivio/tid/389/9798">http://www.dei.unipd.it/bandi/archivio/tid/389/9798</a>; per dettagli sull'attività si veda il paragrafo "**Modellistica matematica per cellule con attività elettrica**", p. 5).
- Dal 1 Aprile 2014 al 30 Novembre 2017, **Assegnista di ricerca** presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova. Quest'attività è stata finanziata dal progetto strategico di Ateno di Padova *Dycendi* e dal progetto "Control of glucagon secretion and exocytosis involving alpha-cell enriched microRNAs" finanziato dall "European Foundation for the Study of Diabetes", ed è stata svolta presso il laboratorio del Prof. Morten G. Pedersen dell'Università di Padova. **FM** ha sviluppato modelli matematici per cellule che esibiscono attività elettrica, quali quelle neuronali, le alfa- e beta-cellule pancreatiche responsabili rispettivamente della secrezione di glucagone ed insulina (per dettagli si veda il paragrafo "**Modellistica matematica per cellule con attività elettrica**", p. 5).
- Ola 1 Agosto 2013 al 1 Aprile 2014, "Associate Research Fellow" (attività di ricerca postdottorato) presso la "School of Life Sciences" dell'Università di Warwick, UK. Questa attività è stata
  finanziata da un progetto di ricerca intitolato "Evolving controllers and controlling evolution" da
  parte dell'"UK Engineering and Physical Sciences Research Council (EPSRC)" (numero del
  progetto EP/I017445/1, responsabile del progetto: Prof. Orkun S. Soyer, co-responsabili: Prof.
  Declan G. Bates, Dr. Ozgur E. Akman). L'attività è stata svolta presso i laboratori del Prof. Orkun S.
  Soyer e del Prof. Declan G. Bates. FM ha identificato i principi che sono alla base dell'omeostasi
  cellulare, analizzando il ruolo di specifici meccanismi biochimici, e ha sfruttato tale conoscenza per
  il design di nuovi schemi di controllo nell'ambito della biologia sintetica (per dettagli si veda il
  paragrafo "Biologia dei sistemi e biologia sintetica", p. 7).
- Dal 1 Ottobre 2011 al 31 Luglio 2013, "Associate Research Fellow" (attività di ricerca postdottorato) presso il "College of Engineering, Mathematics and Physical Sciences" dell'Università di Exeter, UK. Quest'attività è stata finanziata dal progetto di ricerca menzionato al punto precedente (EP/I017445/1).
- Dal 1 Marzo 2010 al 30 Settembre 2011, "Associate Research Fellow" (attività di ricerca post-dottorato) presso il "College of Engineering, Mathematics and Physical Sciences" dell'Università di Exeter, UK. Quest'attività è stata svolta presso il laboratorio del Prof. Declan G. Bates. FM ha sviluppato nuovi metodi di inferenza di reti biologiche a partire da dati sperimentali, basati sulla teoria di identificazione dei sistemi dinamici (per dettagli si veda il paragrafo "Identificazione di reti biologiche", p. 8).

#### • Di aver svolto le seguenti **ATTIVITA**' **PROFESSIONALI DI DIDATTICA**:

- Anni Accademici 2011-12 e 2012-13, Docente del corso "ECMM724 Mathematical Analysis of Biological Systems" (leader del corso: Prof. Declan G. Bates) presso l'Università di Exeter, UK, con un impegno di 20 ore di lezione frontale per a.a. (per dettagli si veda il paragrafo "Mathematical Analysis of Biological Systems", p. 10).
- Anno Accademico 2009-10, **Professore a contratto** per l'insegnamento "Controllo dei Processi per la Biomedicina", settore scientifico-disciplinare ING-INF/06, del Corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e Biomedica, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, con un impegno di 40 ore di lezione frontale (per dettagli si veda il paragrafo "Controllo dei Processi per la Biomedicina", p. 10).
- O Anno Accademico 2009-10, Docente di didattica integrativa per l'insegnamento "Elementi di analisi matematica e geometria", settore scientifico-disciplinare MAT/05-03, del Corso di Laurea Triennale in Ingegneria Informatica e Biomedica, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, con un impegno di 30 ore di lezione frontale (per dettagli si veda il paragrafo "Elementi di Analisi Matematica e Geometria", p. 11).
- o Anno Accademico 2009-10, Servizio di tutorato per gli insegnamenti di "Fondamenti di

- Automatica" e "Controllo Digitale" del Corso di Laurea Triennale in Ingegneria Informatica e Biomedica, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, con un impegno di 250 ore
- Anni Accademici 2005-06 e 2006-07, **Servizio di tutorato** per gli insegnamenti di "*Modellistica dei Sistemi Biologici*" e "*Controllo dei Processi*" del Corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e Biomedica, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, con un impegno di 250 ore per l'a.a. 2005-06 e di 125 ore per l'a.a. 2006-07.
- Di aver frequentato i seguenti corsi di formazione e svolto le seguenti esperienze formative:
  - Dal 1 Marzo al 30 Giugno 2009, Periodo di formazione e ricerca all'estero presso il "Control and Instrumentation Research Group" del Dipartimento di Ingegneria dell'Università di Leicester, UK. FM ha collaborato con il gruppo del prof. Declan G. Bates su progetti di biologia dei sistemi e, in particolare, ha sviluppato un nuovo algoritmo di inferenza di reti biologiche a partire da dati sperimentali, che si basa sulla tecnica Constrained Total Least Squares (CTLS).
  - o Dal 30 Settembre al 2 Ottobre 2008, frequenza della "Summer School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna.
  - Dal 14 al 18 Luglio 2008, frequenza e superamento esame finale nell'ambito della XII Scuola Nazionale SIDRA ("Società Italiana Docenti e Ricercatori in Automatica") del corso (di 40 ore) "Introduzione al Controllo dei Sistemi Nonlineari", organizzata dal SIDRA, svoltasi a Bertinoro (FO).
  - o 1 Luglio 2008, superamento esame di "*Biochimica Clinica e Biologia Molecolare Clinica*" presso la Facoltà di Medicina dell'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro (esito 30/30).
  - O Dal 9 al 14 Luglio 2007, frequenza, nell'ambito della XI Scuola Nazionale CIRA ("Centro Interuniversitario per le Ricerche in Automatica"), dei corsi "*Identificazioni di sistemi nonlineari*" e "*Networked embedded control*", organizzata dal CIRA, svoltasi a Bertinoro (FO).
  - o Dal 4 al 6 Giugno 2007, frequenza del Corso "*Medical Ultrasound*", a cura del Prof. Michel Versluis dell'Università di Twente, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro.
  - O Dal 27 Febbraio al 2 Marzo 2007, frequenza della "Winter School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna.
  - O Dal 12 al 14 Settembre 2006, frequenza del corso "Metodi di stima spettrale parametrica per applicazioni biomediche", a cura della Prof.ssa Claudia Manfredi dell'Università degli Studi di Firenze, presso l'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro.
- Di avere una **solida formazione** nei settori della **Bioingegneria** e dell'**Automatica** e, in particolare, di aver sviluppato durante e dopo il dottorato una significativa competenza nella modellistica, analisi, identificazione, *design* e controllo di sistemi biologici e nell'analisi ed elaborazione di segnali biomedici.
- Di possedere una **conoscenza multidisciplinare** che si estende dall'ingegneria e le scienze matematiche alla biologia e alla medicina.
- Di possedere le seguenti competenze personali:
  - O Capacità di lavorare in maniera autonoma e in gruppo, in particolare con esperti di diversa formazione in gruppi multidisciplinari, favorita dalla padronanza dei linguaggi specifici dei vari ambiti disciplinari e dalla capacità di comunicare in maniera chiara ed efficace.
  - O Capacità di risolvere problemi grazie ad una visione globale che permette l'utilizzo di metodologie appartenenti a diversi ambiti scientifici.
  - o Capacità di pianificare e organizzare il lavoro per portarlo a compimento nei tempi previsti.
  - o Fronteggiare e adattarsi agli imprevisti raggiungendo l'obiettivo prefissato.
  - Capacità di supportare le attività di studenti e di coordinare le attività svolte da altri colleghi nella realizzazione di progetti di ricerca.
  - Capacità di creare reti di lavoro e stabilire proficue collaborazioni con colleghi dello stesso istituto e appartenenti ad altri enti o università, basate su professionalità, correttezza e una profonda motivazione.
  - Capacità di presentare la propria attività in pubblico e di sostenere il confronto con altri studiosi.
  - Capacità di sviluppare in maniera autonoma idee e proposte per la realizzazione di nuovi progetti di ricerca.

- Di possedere le seguenti competenze informatiche:
  - Sistemi operativi:
    - Ottima conoscenza dei sistemi operativi Windows e Mac.
  - Linguaggi di programmazione:
    - Ottima conoscenza dei linguaggi C, C++.
    - Eccellente conoscenza dell'ambiente di calcolo MATLAB e dei relativi toolbox.
  - Applicativi:
    - Ottima conoscenza del pacchetto Microsoft Office, OpenOffice, Latex.
- Di essere di madrelingua italiana e di avere un'ottima conoscenza della lingua inglese.
- Di aver ottenuto il **finanziamento del progetto di ricerca** intitolato "A multicellular computational model of glucagon secretion from pancreatic islets", dal "Budget Integrato per la Ricerca dei Dipartimenti (BIRD)", presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova, per il sostegno di ricerche di carattere innovativo e di eccellenza proposte da giovani non strutturati (fondi ottenuti: €60K; bando 2017, si veda http://www.dei.unipd.it/bandi/archivio/tid/389/9798).
- Di aver supportato negli anni le attività di studio e ricerca di studenti e dottorandi, in particolare, di aver supportato le attività di tesi degli studenti delle lauree triennali e specialistiche/magistrali, e cosupervisionato l'attività svolta da Rucha Sawlekar, studente di dottorato presso la "School of Engineering" dell'Università di Warwick, UK, dal 2013 al 2016 (supervisore: Prof. Declan G. Bates).
- Di aver svolto attività di revisore
  - o Per le seguenti riviste internazionali:
    - Scientific Reports (Nature Publishing Group); ACS Synthetic Biology; PLoS ONE; BMC Systems Biology; Journal of Mathematical Problems in Engineering (Hindawi Publishing Corporation).
  - o Per le seguenti conferenze internazionali:
    - IEEE Conference on Decision and Control; IEEE American Control Conference; IEEE
      European Control Conference; IEEE Mediterranean Conference on Control and Automation;
      IEEE International Conference on Networking, Sensing and Control.
- Di aver partecipato e presentato la propria attività di ricerca alle seguenti conferenze:
  - o Presentazione dell'articolo di cui è coautore "Exploiting Ultrasensitivity for Biomolecular Implementation of a Control System without Error Detection" (articolo selezionato per talk), alla "8<sup>th</sup> IFAC Conference on Foundations of Systems Biology in Engineering (FOSBE 2019)", svoltasi a Valencia, Spagna, dal 15-18 Ottobre 2019.
  - Presentazione intitolata "How is granule release affected by location and number of different types of Ca2+ channels? Markov chain models provide analytic results" (abstract selezionato per talk), al "Quantitative Aspects of Membrane Fusion and Fission meeting", organizzato dalla Biophysical Society, svoltosi a Padova, Italia, dal 6 al 10 Maggio, 2019.
  - O Presentazione del poster "The stoichiometry of the BK<sub>Ca</sub>-CaV complex determines its properties: concise whole-cell modeling respecting local control", al workshop "Nanoscale mathematical modeling of synaptic transmission, calcium dynamics, transduction and cell sensing", svoltosi a Pisa, Italia, dal 8 al 12 Ottobre 2018.
  - O Presentazione intitolata "A concise and exhaustive ODE model for characterizing the Ca²+ channel BK<sub>Ca</sub> channel complex at local and whole-cell levels" (talk su invito, all'interno della Special Session "Differential Equation Modeling and Analysis for Brain and other complex bio-systems"), alla "11<sup>th</sup> AIMS Conference on Dynamical Systems, Differential Equations and Applications", svoltasi ad Orlando, Fl, USA, dal 1 al 5 Luglio 2016.
  - Presentazione del poster "Exploiting Mathematical Modelling to Address the Enigmas of Glucagon Secretion", al V Congresso Gruppo Nazionale di Bioingegneria (GNB 2016), svoltosi a Napoli, Italia, dal 20 al 22 Giugno 2016.
  - o Presentazione del poster "*How can we design robust synthetic biological feedback control circuits?*", alla "BioBricks Foundation SB6.0 Conference", svoltasi a Londra, UK, dal 9 al 11 Luglio 2013.
  - Presentazione dell'articolo di cui è coautore "On the Role of Ultrasensitivity in Biomolecular Control Systems" (talk su invito, all'interno della Invited Session "Control Theory in Synthetic Biology"), alla "51<sup>st</sup> IEEE Conference on Decision and Control (CDC'12)", svoltasi a Maui, HI,

- USA, dal 10 al 13 Dicembre 2012.
- Presentazione intitolata "A control system for the osmoregulation process in Saccharomyces cerevisiae" (talk e presentazione del poster), alla "enGENEious 2012 Conference", svoltasi a Oxford, UK, dal 25 al 26 Giugno 2012.
- Presentazione dell'articolo di cui è coautore "Reverse-Engineering Biological Interaction Networks from Noisy Data using Regularized Least Squares and Instrumental Variables" (talk), alla "50<sup>th</sup> IEEE Conference on Decision and Control and European Control Conference (CDC-ECC'11)", svoltasi ad Orlando, Fl, USA, dal 12 al 15 Dicembre 2011, all'interno della sessione intitolata "Genetic Regulatory Systems" di cui è stato co-chair.
- O Presentazione dell'articolo di cui è coautore "Reverse Engineering Partially-Known Interaction Networks from Noisy Data" (talk su invito, all'interno della Invited Session "Modeling and Identification in Systems Biology: Advances and Challenges"), al "18<sup>th</sup> World Congress of the International Federation of Automatic Control (IFAC'11), svoltosi a Milano, Italia, dal 28 Agosto al 2 Settembre 2011.
- o Presentazione del poster "Inferring Partially-Known Scale-Free Interaction Networks from Noisy Data", alla Conferenza "Frontiers of Multidisciplinary Research: Mathematics, Engineering and Biology (Frontiers 2010)", svoltasi presso l'Università di Exeter, UK, dal 21 al 24 Settembre 2010.
- o Presentazione dell'articolo di cui è coautore "Inferring Gene Regulatory Networks with a Partially Known Scale-Free Topology" (talk), alla "10<sup>th</sup> European Control Conference (ECC'09)", svoltasi a Budapest, Ungheria, dal 23 al 26 Agosto 2009.
- o Presentazione del poster "Inferring Biological Interaction Networks from Time Series Measurements", alla "Summer School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna, dal 30 Settembre al 2 Ottobre 2008.
- Presentazione dell'articolo di cui è coautore "Inferring Scale-Free Networks via Multiple Linear Regression and Preferential Attachment" (talk), alla "16<sup>th</sup> Mediterranean Conference on Control and Automation 2008 (MED'08)", organizzata dalla Mediterranean Control Association, svoltasi ad Ajaccio, Francia, dal 25 al 27 Giugno 2008.
- O Presentazione del poster "Exploiting prior biological knowledge to infer interaction networks", alla "Winter School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna, dal 27 Febbraio al 2 Marzo.
- Che la sua **produzione scientifica** riguarda principalmente i settori della bioingegneria e dell'automatica, in particolare lo sviluppo e l'applicazione di metodi per la modellistica, l'analisi, l'identificazione, il design e il controllo di sistemi biologici. Ulteriori attività sono state svolte nello sviluppo di un sistema in remoto per l'acquisizione e l'analisi automatica di segnali vocali. In generale, la sua produzione scientifica può essere sintetizzata attraverso le tematiche di seguito riportate.

#### Modellistica matematica per cellule con attività elettrica

Mediante l'applicazione e lo sviluppo di modelli matematici, FM ha esaminato il comportamento di cellule con attività elettrica, come ad esempio i neuroni, le alfa- e beta-cellule pancreatiche che rilasciano rispettivamente glucagone e insulina, ormoni responsabili del controllo dei livelli di glucosio nel sangue.

FM ha ideato e sviluppato un modello dettagliato per i canali di potassio ad elevata conduttanza (canali BK<sub>Ca</sub>), regolati sia dal calcio locale che dal potenziale di membrana cellulare (Montefusco et al, Biophysical Journal 2017, si veda [A.8] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). Questi canali, infatti, sono localizzati con i canali di calcio (CaV), con i quali formano dei complessi di canali ionici (BK<sub>Ca</sub>-CaV) con una stechiometria che va da 1 a 4 canali CaV per ogni BK<sub>Ca</sub>. Tali canali ionici sono, come dimostrato sperimentalmente, fondamentali per cellule con attività elettrica, quali le beta-cellule pancreatiche, i neuroni, le cellule pituitarie. Pertanto, è stato ideato un modello generale capace di simulare il comportamento del singolo complesso BK<sub>Ca</sub>-CaV e, successivamente, applicato ai diversi sistemi cellulari. Mediante analisi delle scale dei tempi al fine di ridurre la complessità del sistema, è stato possibile ricavare un modello del tipo Hodgink-Huxley per la corrente del canale BK<sub>Ca</sub>, che tiene conto degli effetti locali, ossia del controllo dei canali CaV localizzati con il canale BK<sub>Ca</sub>. Tale modello è stato, poi, utilizzato per descrivere il comportamento dei diversi sistemi cellulari. In particolare, utilizzando il modello sviluppato, è stato possibile dimostrare per le beta-cellule che l'attività elettrica è regolata dalle correnti di BK<sub>Ca</sub> in maniera differente in base al tipo di canale CaV (di tipo T, L o P/Q) accoppiato al  $BK_{Ca}$ . Ciò è dovuto al fatto che i diversi tipi di canali CaV presentano differenze nelle funzioni di attivazione ed inattivazione.

Inoltre, è stato possibile evidenziare come la stechiometria del complesso  $BK_{Ca}$ -CaV determina la fAHP (iperpolarizzazione postuma veloce) nelle cellule neuronali e il *bursting* per le cellule pituitarie.

La metodologia ideata per descrivere i canali BK<sub>Ca</sub> è stata poi utilizzata per caratterizzare le interazioni tra i canali di calcio e i granuli contenenti gli ormoni rilasciati dalle cellule per mezzo del processo di esocitosi. In particolare, FM ha sviluppato modelli che si basano sulla teoria delle catene di Markov, che consentono di calcolare analiticamente la probabilità di esocitosi del singolo granulo (Montefusco & Pedersen, Computational and Mathematical Methods in Medicine, 2018; si veda [A.9] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). I risultati hanno mostrano come tale probabilità aumenta all'aumentare del numero di CaV accoppiati al singolo granulo e tale aumento, nel caso di CaV che si inattivano, risulta molto più pronunciato quando il granulo è vicino ai canali CaV (10 nm), mentre, inaspettatamente, nel caso di CaV che non si inattivano, risulta più vantaggioso in termini relativi nel caso in cui i canali sono distanti dal granulo (50 nm): quest'ultimo risultato può essere spiegato dal fatto che non sia necessario che il granulo sia molto vicino ai canali CaV nel caso in cui questi non si inattivano. Inoltre, la metodologia sviluppata è stata utilizzata per calcolare la relazione che sussiste tra esocitosi e flusso di calcio in ingresso ai canali CaV: i risultati hanno mostrato che le quantità sono linearmente correlate come sperimentalmente osservato. Per il caso di canali CaV che si inattivano, l'analisi ha mostrato un cambio di linearità dovuta alla quasi completa inattivazione dei canali CaV: questo può essere spiegato dal fatto che durante l'inattivazione il numero effettivo di CaV si riduce, generando un risultato simile a quello derivato dalla diminuzione dei canali CaV e, di conseguenza, la pendenza della relazione tra esocitosi e flusso decresce. Questo risultato conferma che un cambio di linearità non necessariamente implica lo svuotamento del granulo e fornisce una nuova spiegazione per tale scenario. Infine, i modelli di esocitosi sono stati accoppiati con quelli di attività elettrica al fine di investigare come differenti risposte elettrofisiologiche possano influenzare il conseguente processo di esocitosi (Montefusco & Pedersen, International Journal of Molecular Sciences, 2019; si veda [A.10] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato): in particolare, è stato possibile osservare come il comportamento elettrofisiologico di pseudo-bursting, con il potenziale di membrana caratterizzato da piccole oscillazioni intorno al livello di depolarizzazione, può aumentare la probabilità di esocitosi rispetto al tipico comportamento di spiking, caratterizzato dalle classiche oscillazioni del potenziale di membrane cellulare. Questo risultato può essere spiegato dal maggior flusso di calcio che entra nella cellula nel caso di pseudo-bursting; infatti, normalizzando rispetto al calcio, è stato possibile evidenziare come non vi sia una sostanziale differenza tra spiking e pseudo-bursting nel caso di canali CaV prossimi al granulo, mentre, nel caso di CaV distanti dal granulo, si nota una lieve differenza, con lo pseudo-bursting essere leggermente più efficiente nel promuovere la secrezione del granulo.

FM ha sviluppato, inoltre, un modello dettagliato delle dinamiche di calcio e di esocitosi per le alfa-cellule, al fine di mettere in chiara evidenza quali siano i meccanismi intracellulari a valle dell'attività elettrica che determinano la secrezione di glucagone che, nel caso in cui sia irregolare, risulta essere una causa dello sviluppo del diabete (Montefusco & Pedersen, The Journal of Physiology, 2015; Pedersen et al, Mathematical Biosciences, 2017; si veda [A.4] e [A.7] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). Tale modello è stato ideato a partire da dati sperimentali per le alfa-cellule, ma è facilmente adattabile per altre cellule con attività elettrica, come le beta-cellule. A tal scopo è stata utilizzata modellistica compartimentale per caratterizzare nel dettaglio le dinamiche del calcio intracellulare, con particolare attenzione alla modellizzazione del calcio nelle vicinanze dei vari tipi di canali di calcio, aperti o chiusi, in prossimità della membrana cellulare, nel citoplasma e nel reticolo endoplasmatico. Inoltre, la caratterizzazione dettagliata del calcio ha permesso di descrivere l'esocitosi come una funzione dei vari compartimenti di calcio. Tale analisi, infine, ha evidenziato i principali meccanismi di controllo che operano nelle alfa-cellule e determinano il rilascio di glucagone. I risultati del modello, infatti, mostrano come il numero di canali di calcio aperti risulta essere un fattore dominante per la secrezione di glucagone, e spiegano come i livelli di calcio del citoplasma siano un debole "read-out" dell'esocitosi per le alfa-cellule.

Di recente, FM ha ottenuto il finanziamento di un progetto da parte dell'Università di Padova (BIRD 2017). Uno degli obiettivi principali del progetto riguarda lo sviluppo di modelli computazionali multicellulari delle isole pancreatiche, al fine di investigare i principali fattori che determinano il rilascio di glucagone da parte delle alfa-cellule e, in particolare, di fare chiarezza sul ruolo del glucosio, uno dei principali regolatori della secrezione di glucagone, ma i cui meccanismi non sono del tutto definiti (Montefusco et al, Journal of Theoretical Biology, 2020; si veda [A.11] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). Infatti, dati presenti in letteratura appaiono

spesso contrastanti: il glucosio sembra a volte depolarizzare la cellula, altre volte iperpolarizzarla, determinando una differente risposta di calcio e del conseguente processo di esocitosi a valle dell'attività elettrica. Questi risultati, apparentemente differenti, possono essere spiegati dalla vasta eterogeneità della popolazione delle alfa-cellule pancreatiche, come si può evincere dai dati di elettrofisiologia. Pertanto, FM ha sviluppato modelli della popolazione alfa-cellulare che tengono conto della variabilità cellulare all'interno della stessa popolazione mediante la variazione dei parametri elettrofisiologici, come osservato sperimentalmente. Attraverso le popolazioni sintetiche simulate, è stato possibile mostrare come le alfa-cellule esibiscono una grande diversità rispetto al loro comportamento elettrofisiologico. In particolare, combinando e simulando gli effetti intracellulari e quelli paracrini, è stato possibile riprodurre le diverse e apparentemente contrastanti risposte elettrofisiologiche in seguito ad un incremento della concentrazione di glucosio a livelli fisiologici: i) la riduzione dell'ampiezza degli spike durante l'attività elettrica, con conseguente diminuzione dell'attivazione dei canali di calcio coinvolti nell'esocitosi, ii) la ripolarizzazione che determina l'inibizione del rilascio di glucagone, o iii) la depolarizzazione di cellule silenti che genera attività elettrica con conseguente flusso entrante di calcio e aumento del rilascio di glucagone. In generale, attraverso i modelli di popolazione simulati, è stato possibile dimostrare come l'effetto inibitorio dovuto all'aumento di glucosio prevale sugli altri fattori a livello di popolazione, determinando una ridotta attività elettrica, con conseguente inibizione del rilascio di glucagone, solo nel caso in cui vengono riprodotti sia gli effetti intracellulari che quelli paracrini. Infine, mediante metodi statistici, è stato possibile ottenere una migliore comprensione del ruolo dei singoli canali ionici e degli effetti paracrini (come ad esempio il ruolo di somatostatina, ormone rilasciato dalle vicine delta-cellule pancreatiche), di possibili disturbi in alfa-cellule diabetiche, e di come le varie correnti possono essere manipolate per ottenere il desiderato comportamento elettrico.

Quest'attività è stata finanziata dal BIRD 2017 dell'Università di Padova come accennato sopra, dal progetto strategico di Ateno di Padova *Dycendi* e dal progetto "Control of glucagon secretion and exocytosis involving alpha-cell enriched microRNAs" finanziato dall' "European Foundation for the Study of Diabetes". L'attività è stata svolta presso il laboratorio del Prof. Morten G. Pedersen dell'Università di Padova e ha prodotto diversi articoli pubblicati su riviste internazionali come menzionato sopra (Montefusco & Pedersen, The Journal of Physiology, 2015; Pedersen et al, Mathematical Biosciences, 2017; Montefusco et al, Biophysical Journal, 2017; Montefusco & Pedersen, Computational and Mathematical Methods in Medicine, 2018; Montefusco & Pedersen, International Journal of Molecular Sciences, 2019; Montefusco et al, Journal of Theoretical Biology, 2020; si veda [A.4], [A.7]-[A.11] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato) e ad atti di conferenze nazionali ed internazionali (GNB'16, AIMS'11 e 2019 Padova Thematic Meeting; si veda [D.9], [D.10] e [D.12] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

#### Biologia dei sistemi e biologia sintetica

FM ha investigato i principi che sono alla base dell'omeostasi cellulare, analizzando il ruolo di specifici meccanismi biochimici, ed ha sfruttato tale conoscenza per il design di nuovi schemi di controllo. In particolare, ha preso in esame il processo di osmoregolazione nel lievito: una complessa rete di segnalazione e di regolazione che consente di mantenere l'omeostasi del volume cellulare a fronte di shock osmotico (perfetto adattamento a fronte di segnali di disturbo di tipo a gradino). Ha sviluppato un nuovo modello di tale processo, utilizzando un sistema di controllo non lineare ultrasensitivo (Montefusco et al, PLoS ONE, 2016). Tale sistema di controllo si basa sulle dinamiche osservate nel processo biochimico in esame (risposte ultrasensitive con relazioni ingresso-uscita rappresentabili con curve di tipo sigmoide con soglia) e rappresenta un'alternativa al controllo integrale che consente di realizzare un robusto adattamento, ma la cui realizzazione biologica in un circuito sintetico risulta non semplice. Inoltre, FM ha mostrato come tale controllo ultrasensitivo risulta essere un'approssimazione di un ben noto controllo non lineare, il controllo sliding mode, le cui performance e proprietà di robustezza sono riconosciute nel campo della teoria dei controlli. In particolare, ha derivato una relazione diretta tra la caratteristica fondamentale del controllore quasisliding mode (il "boundary layer" che specifica il valore massimo del segnale di errore, vale a dire la deviazione massima dell'uscita effettiva del sistema dall'uscita desiderata) e i parametri biologici del controllore ultrasensitivo. Dinamiche di tipo ultrasensitive sono osservate in molti sistemi biologici, che esibiscono risposte adattative, e sono implementabili attraverso una serie di meccanismi molecolari come i cicli di fosforilazione e di de-fosforilazione. Pertanto, il controllo non lineare ultrasensitivo realizzato può rappresentare un modello alternativo per la progettazione di circuiti di controllo per sistemi biologici sintetici. Inoltre, utilizzando strumenti e idee dalla teoria dei controlli, e la modellistica basata sulle reti di reazioni chimiche ("Chemical reaction networks" (CRN)), ha

ideato ed implementato circuiti di controllo biomolecolari con proprietà di robustezza (Sawlekar, Montefusco, et al, IEEE Transactions on NanoBioscience, 2016).

Quest'attività è stata finanziata da un progetto di ricerca (EP/I017445/1) intitolato "Evolving controllers and controlling evolution" da parte dell'"UK Engineering and Physical Sciences Research Council (EPSRC)" ed è stata avviata presso il laboratorio del Prof. Orkun S. Soyer, all'Università di Exeter, da ottobre 2011 a luglio 2013, e all'Università di Warwick, UK, da agosto 2013 a marzo 2014. Tale attività ha prodotto diversi articoli pubblicati su riviste internazionali come menzionato sopra (Montefusco et al, PLoS ONE, 2016; Sawlekar, Montefusco et al, IEEE Transactions on NanoBioscience, 2016; si veda [A.6] e [A.5] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato), ad atti di conferenze internazionali (enGENEious'12, CDC'12, BioBricks Foundations SB6.0-2013, SEED'14, SEED'15 e EMBC'15, si veda [C.8]-[C.9], [D.4] e [D.6]-[D.8] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato) e un capitolo di un libro (Montefusco et al, In: "A Systems Theoretic Approach to Systems and Synthetic Biology II", Springer 2014, si veda [B.2] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

Di recente, FM ha sviluppato un sistema di controllo implementabile mediante circuiti biomolecolari che opera senza l'utilizzo di un sistema di rilevazione del segnale errore (Montefusco & Bulai, IFAC-FOSBE 2019; si veda [C.10] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). Molto spesso nello sviluppo di modelli per processi cellulari con proprietà adattative (come ad esempio per il processo di osmoregolazione del lievito) viene fatta l'assunzione che la cellula sia in grado di misurare un segnale errore, calcolato come la differenza tra il valore desiderato dell'uscita del sistema di controllo (ossia il segnale di riferimento) e quello effettivo. La generazione di un tale segnale errore non è di semplice attuazione per i sistemi biologici, come invece risulta essere per i sistemi di controllo standard. Pertanto, FM ha implementato uno schema di controllo biomolecolare, senza l'utilizzo di un sistema di rilevazione dell'errore, con un controllore caratterizzato da tipiche dinamiche ultrasensitive. FM ha dimostrato come tale sistema permette di ottenere risposte adattative; in particolare, il sistema è in grado di seguire un segnale di riferimento che non è imposto dall'esterno, ma che è determinato dalle proprietà ultrasensitive del controllore: la soglia e la pendenza della relazione ingresso-uscita del controllore ultrasensitivo, parametri che possono essere opportunamente modificati, determinano il segnale di riferimento da seguire. Infine, FM ha mostrato come tale sistema di controllo può essere implementato all'interno del processo di osmoregolazione del lievito, e consente di riprodurre le tipiche risposte adattative del lievito a fronte di shock osmotico (Montefusco & Bulai, in fase di sottomissione, si veda [A.12] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

#### o Identificazione di reti biologiche

Negli ultimi anni, grazie all'avvento delle nuove biotecnologie che permettono di produrre grandi quantità di dati sperimentali, si è avvertita sempre di più la necessità di sviluppare tecniche per la ricostruzione della topologia di reti di interazioni biologiche, oggetto di ampie attività di ricerca nelle aree della bioinformatica e della biologia dei sistemi. In tale ambito, durante l'attività di dottorato, svolta presso il laboratorio di Biomeccatronica dell'Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro, diretto dal Prof. Francesco Amato, sotto la supervisione del Prof. Carlo Cosentino, e durante la prima esperienza di post-dottorato, presso il laboratorio del Prof. Declan G. Bates dell'Università di Exeter, UK, da Marzo 2010 a Settembre 2011, FM ha sviluppato nuovi metodi di inferenza della topologia di reti biologiche, basati sulla teoria di identificazione dei sistemi dinamici.

Nello specifico, FM ha ideato e sviluppato nuovi metodi basati su tecniche di ottimizzazione convessa che, per la ricostruzione della rete, sfruttano sia le conoscenze note a priori di specifiche interazioni, come ad esempio, in una rete di regolazione genica, l'effetto di inibizione o di attivazione di una proteina sull'espressione di un gene, sia una strategia di selezione dei rami della rete da inserire, che tiene conto delle possibili topologie delle reti da identificare (Cosentino et al, IET Systems Biology, 2007; Montefusco et al, IET Systems Biology, 2010; Montefusco, Tesi di Dottorato; si veda [A.1], [A.3] ed [E.1] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). In particolare, studi in letteratura hanno dimostrato che le reti biologiche - come le reti di regolazione genica, metaboliche, di interazione proteina-proteina - esibiscono una tipologia di tipo scale-free, con pochi nodi (gli *hub*) altamente connessi e la maggior parte invece con un basso numero di interazioni: pertanto, FM ha ideato una tecnica iterativa utilizzando, nel processo di ricostruzione della rete, una strategia che sfrutta gli stessi principi alla base della generazione delle reti scale-free, la crescita e il "*preferenital attachement*".

FM ha realizzato ulteriori metodi di inferenza che derivano dall'estensione della tecnica standard "Least Squares" (LS). In particolare, ha sviluppato un nuovo algoritmo che si basa sulla

tecnica "Constrained Total Least Squares": tale approccio consente di tenere in conto, nel processo di identificazione, della natura rumorosa dei dati sperimentali, oltre alla tipologia della rete da ricostruire e di specifiche interazioni note a priori (Montefusco et al, In: Proc. of IFAC'11; si veda [C.6] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). Inoltre, FM ha ideato un algoritmo che combina la tecnica "Regularized Least Squares" (RLS) con il metodo "Instrumental Variables" (IV): la tecnica RLS mira a ridurre la complessità del modello limitandone i gradi di libertà; l'approccio IV consente di evitare l'introduzione di bias e non-consistency nella stima dei parametri mediante la tecnica standard LS, a causa della natura rumorosa dei dati (Montefusco et al, In: Proc. of CDC-ECC'11; si veda [C.7] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

Quest'attività ha prodotto diverse pubblicazioni su riviste internazionali come menzionato sopra (Cosentino et al, IET Systems Biology, 2007; Montefusco et al, IET Systems Biology, 2010; si veda [A.1] e [A.3] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato), ad atti di conferenze internazionali (MED'08, MED'09, ECC'09, Frontiers'10, IFAC'11, CDC-ECC'11 e FOSBE'12, si veda [C.3]-[C.7], [D.3] e [D.5] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato) e un capitolo a libro (Montefusco et al, In: "Handbook of Statistical Systems Biology", Wiley 2011; si veda [B.1] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

Di recente, FM ha ulteriormente sviluppato l'algoritmo che combina le tecniche RLS e IV al fine di ricostruire reti a larga scala (Montefusco et al, in fase di sottomissione; si veda [A.13] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). In particolare, la nuova versione dell'algoritmo (denominato RIVA) è stata testata per la ricostruzione di reti generate *in-silico*, utilizzando *GeneNetWeaver*, uno strumento *open-source* per la generazione di *benchmark in-silico*: in particolare, sono state utilizzate cinque reti di 100 nodi e una rete di regolazione trascrizionale dell'*Escherichia coli* di 1565 nodi. Inoltre, l'algoritmo è stato utilizzato per l'identificazione di una sottorete del ciclo cellulare del *Saccharomyces cerevisiae* a partire da serie temporali di dati sperimentali di microarray, ottenuti dal database *ArrayExpress*. I risultati dei test numerici e del caso biologico hanno evidenziato come RIVA, grazie anche alla possibilità di utilizzare contemporaneamente più di una serie temporale per la rete da identificare, migliori le predizioni rispetto ad altri approcci che si basano sulla LS ed altri algoritmi ben noti in letteratura, che utilizzano serie di dati che evolvono nel tempo.

#### o Sviluppo di un sistema in remoto per acquisizione ed elaborazione di segnali vocali

Durante il dottorato, inoltre, FM ha contribuito alla realizzazione di un sistema in remoto per l'acquisizione e l'analisi automatica di segnali vocali, denominato *REmote Voice Analysis* (REVA). In particolare, ha sviluppato metodi di analisi del segnale vocale, che consentono di estrapolare dalla registrazione audio un set di parametri significativi, utile per la classificazione dei campioni vocali, in particolare, 1) la frequenza fondamentale che indica la velocità di vibrazione delle corde vocali, la cui alta variabilità di valore è propria di un paziente malato, 2) la misura della disfonia, ossia una stima della componente di rumore presente nel segnale vocale. Per valutare le performance del sistema REVA è stato collezionato un set di segnali provenienti da voci sane e patologiche fornito dall'Unità Operativa di Otorinolaringoiatria dell'Ateneo di Catanzaro. Il data set è stato suddiviso in due gruppi. Il primo è stato utilizzato per definire i diversi parametri di *tuning*, il secondo per stimare la capacità del sistema di riconoscere voci sane e patologiche.

Quest'attività ha prodotto articoli pubblicati su rivista internazionale (Amato et al, Biomedical Signal Processing and Control, 2009, si veda [A.2] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato) e ad atti di conferenze internazionali (SAC'08, MAVEBA'07, si veda [C.1] e [C.2] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato).

#### • Di aver sviluppato i seguenti software per l'identificazione di reti biologiche:

- CORE-Net, un algoritmo per la ricostruzione di reti biologiche, utilizzando sia dati steady-state sia dati di serie temporali, basato sulla teoria dei sistemi dinamici e sull'ottimizzazione convessa (Montefusco et al, IET Systems Biology 2010; si veda [A.3] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). FM ha sviluppato CORE-Net in collaborazione con il Prof. Carlo Cosentino presso il Laboratorio di Biomeccatronica, diretto dal Prof. Francesco Amato, dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro, Italia. Ulteriori dettagli, codice e dati possono essere trovati all'indirizzo internet http://wpage.unina.it/carcosen/CORE-Net.htm.
- PACTLS, un algoritmo per la ricostruzione di reti biologiche, utilizzando sia dati steady-state sia dati di serie temporali, basato sulla teoria dei sistemi dinamici e sulla tecnica *Constrained Total Least Squares* (CTLS) (Montefusco et al, In: Proc. of IFAC World Congress 2011, si veda [C.6] nell'elenco delle pubblicazioni di seguito riportato). FM ha sviluppato PACTLS presso il laboratorio

del Prof. Declan G. Bates dell'Università di Exeter, UK, e in collaborazione con il Prof. Carlo Cosentino presso il Laboratorio di Biomeccatronica, diretto dal Prof. Francesco Amato, dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro, Italia. Ulteriori dettagli, codice e dati possono essere trovati all'indirizzo internet <a href="http://wpage.unina.it/carcosen/PACTLS.htm">http://wpage.unina.it/carcosen/PACTLS.htm</a>.

#### • Di aver svolto le attività didattiche di Docente/Professore a contratto dei seguenti corsi:

#### Mathematical Analysis of Biological Systems

FM è stato *Docente* del modulo "*ECMM724 Mathematical Analysis of Biological Systems*" (leader del modulo: Prof. Declan G. Bates) presso l'Università di Exeter, UK, negli anni accademici 2011-12 e 2012-13. Ha svolto 20 ore di lezioni frontali per a.a. (di teoria ed esercitazioni) fornendo agli studenti di laurea magistrale e ai dottorandi gli strumenti per l'analisi dei sistemi biologici, utilizzando concetti tipici dell'ingegneria e della matematica. Ha preparato e sviluppato il materiale didattico, verificato e valutato le attività degli studenti durante il corso, preparato, corretto e valutato le prove d'esame. Inoltre, ha svolto attività di ricevimento.

Durante il corso ha introdotto gli studenti alla teoria dei controlli fornendo esempi di sistemi di controllo biologici, con relativa implementazione in MATLAB. In primo luogo, sono state fornite una serie di strumenti e tecniche fondamentali per l'analisi dei sistemi lineari e non lineari. Sono stati introdotti concetti quali il modello nello spazio degli stati, l'analisi nel dominio della frequenza e la stabilità per i sistemi lineari ed è stato illustrato come tali metodi possono essere utilizzati per fornire informazioni utili per il design di alcuni importanti sistemi biologici. Sono state discusse le teorie più avanzate di stabilità per i sistemi non lineari ed illustrata ed applicata una serie di metodi di ottimizzazione numerica per l'analisi di modelli complessi non lineari. Quindi, ci si è focalizzati sul ruolo del feedback negativo in biologia (introducendo i concetti di robustezza, controllo integrale e i "trade-off" delle performance) e sul ruolo del feedback positivo (introducendo strumenti quali diagrammi di biforcazione, teoria dei sistemi monotoni e teoria delle reti di reazioni chimiche) per analizzare sistemi bistabili e oscillatori, tipici in biologia. Infine, sono state presentate e descritte diverse tecniche per la ricostruzione di reti d'interazione biologica a partire dai dati sperimentali.

#### o Controllo dei Processi per la Biomedicina

FM, in qualità di *Professore a contratto*, ha ideato e strutturato il corso "*Controllo dei Processi per la Biomedicina*" per gli studenti del corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Informatica e Biomedica dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro nell'anno accademico 2009-10. Ha svolto 40 ore di lezioni frontali (di teoria ed esercitazioni) fornendo gli strumenti per implementare strategie di controllo avanzate per processi biomedici. Ha preparato e sviluppato il materiale didattico, verificato e valutato le attività degli studenti durante il corso, preparato, corretto e valutato le prove d'esame. Inoltre, ha svolto attività di ricevimento.

Nel corso, ha introdotto gli studenti all'area interdisciplinare della dinamica e controllo dei processi, descrivendo semplici processi in cui la dinamica risulta importante e discutendo il ruolo delle strategie di controllo standard (feedback e feedforward control). È stato evidenziato il ruolo della modellistica matematica, fornendo metodi e tecniche per sviluppare un modello di un processo fisico o chimico con dinamica. Sono state discusse le dinamiche dei bioreattori per la produzione di penicillina, illustrando i diversi modi di funzionamento (modalità batch e continua). Successivamente, è stato preso in esame il sistema che regola il livello di glucosio nel sangue, tipico esempio di sistema di controllo fisiologico a retroazione negativa. È stato introdotto un semplice modello fisiologico che descrive le concentrazioni di glucosio e insulina (principale ormone regolatore dei livelli di glucosio) nel sangue. Il modello è stato utilizzato per studiare l'equilibrio glucosio-insulina, al fine di determinare un'azione terapeutica ottima per diversi tipi di pazienti diabetici. Quindi, sono state presentate le azioni di controllo standard (controllori proporzionaleintegrale-derivato (PID)), con alcune applicazioni biologiche. È stata introdotta la tecnica del luogo delle radici, utilizzata per studiare la stabilità dei sistemi di controllo. Sono state anche discusse in dettaglio tecniche di controllo che integrano e migliorano il controllo in retroazione standard, come il controllo in cascata, la compensazione in avanti, il controllo di rapporto e il controllo con selettore. Infine, è stato introdotto il controllo multivariabile, è stato discusso come combinare le variabili controllate e manipolarle per minimizzare l'effetto delle interazioni degli anelli di controllo, e come progettare i disaccoppiatori, riducendo o eliminando l'effetto delle interazioni. È stato presentato il calcolo e l'interpretazione del metodo della matrice di guadagno relativa (RGM), che fornisce una misura del grado d'interazione tra le variabili di controllo e quelle controllate, e degli accoppiamenti ideali tra ingressi e uscite in base ai quali progettare un regolatore decentralizzato.

#### Elementi di Analisi Matematica e Geometria

FM, come *Docente di didattica integrativa*, ha svolto esercitazioni per il corso fondamentale "*Elementi di Analisi Matematica e Geometria*", per gli studenti del Corso di Laurea in Ingegneria Informatica e Biomedica dell'Università "Magna Græcia" di Catanzaro nell'anno accademico 2009-10. Ha svolto 30 ore di lezioni frontali fornendo gli strumenti per il calcolo e l'analisi differenziale e integrale. In particolare, sono stati illustrati e spiegati i metodi numerici per il calcolo dei limiti, le tecniche di differenziazione, il grafico delle funzioni, le tecniche di integrazione, le applicazioni di integrali definiti, le serie e le soluzioni delle equazioni differenziali.

• Di essere **co-autore dei seguenti articoli scientifici**, pubblicati su riviste internazionali, in capitoli di libro e agli atti delle principali conferenze nazionali ed internazionali del settore della bioingegneria e dell'automatica:

#### A. Articoli a Riviste Internazionali con peer-review

- [A.13] <u>F. Montefusco</u>, A. Procopio, D. G. Bates, F. Amato, C. Cosentino. "Scalable Reverse-Engineering of Gene Regulatory Networks from Time-Course Measurements". Da sottomettere.
- [A.12] **F. Montefusco**\*, I. M. Bulai. "New insights in the role of ultrasensitivity in biomolecular circuitry". Da sottomettere.
- [A.11] <u>F. Montefusco\*</u>, G. Cortese, M. G. Pedersen. "Heterogeneous alpha-cell population modeling of glucose-induced inhibition of electrical activity". Journal of Theoretical Biology, 2020, Vol. 485, 110036, doi: https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2019.110036.
- [A.10] F. Montefusco\*, M. G. Pedersen. "From local to global modeling for characterizing calcium dynamics and their effects on electrical activity and exocytosis in excitable cells". International Journal of Molecular Sciences, 2019, Vol. 20 (23), no. 6057, doi: 10.3390/ijms20236057.
- [A.9] <u>F. Montefusco</u>\*, M. G. Pedersen. "Explicit theoretical analysis of how the rate of exocytosis depends on local control by Ca<sup>2+</sup> channels". Computational and Mathematical Methods in Medicine, 2018, Vol. 2018, no. 5721097, doi: 10.1155/2018/5721097.
- [A.8] F. Montefusco, A. Tagliavini, M. Ferrante, M. G. Pedersen. "Concise Whole-Cell Modeling of BK<sub>Ca</sub>-CaV Activity Controlled by Local Coupling and Stoichiometry". Biophysical Journal, 2017, Vol. 112, pp. 2387-2396, doi: 10.1016/j.bpj.2017.04.035.
- [A.7] M. G. Pedersen, A. Tagliavini, G. Cortese, M. Riz, F. Montefusco. "Recent advances in mathematical modeling and statistical analysis of exocytosis in endocrine cell". Mathematical Biosciences, 2017, Vol 283, pp. 60-70, doi: 10.1016/j.mbs.2016.11.010.
- [A.6] F. Montefusco\*, O. E. Akman, O. S. Soyer, D. G. Bates. "Ultrasensitive negative feedback control: a natural approach for the design of synthetic controllers". PLoS ONE, 2016, 11(8): e0161605, doi: 10.1371/journal.pone.0161605.
- [A.5] R. Sawlekar, <u>F. Montefusco</u>, V. V. Kulkarni, D. G. Bates. "Implementing Nonlinear Feedback Controllers using DNA Strand Displacement Reactions". IEEE Transactions on NanoBioscience, 2016, Vol. 15, no. 5, pp. 443-454, doi: 10.1109/TNB.2016.2560764.
- [A.4] F. Montefusco\*, M. G. Pedersen. "Mathematical modelling of local calcium and regulated exocytosis during inhibition and stimulation of glucagon secretion from pancreatic alphacells". The Journal of Physiology, 2015, Vol. 593, no. 20, pp. 4519-4530, doi: 10.1113/JP270777.
- [A.3] F. Montefusco, C. Cosentino, F. Amato. "CORE-Net: Exploiting Prior Knowledge and Preferential Attachment to Infer Biological Interaction Networks". IET Systems Biology, 2010, Vol. 4, no. 5, pp. 296-310, doi: 10.1049/iet-syb.2009.0047.
- [A.2] F. Amato, M. Cannataro, C. Cosentino, A. Garozzo, N. Lombardo, C. Manfredi, <u>F. Montefusco</u>, G. Tradigo, P. Veltri. "Early Detection of Voice Disease via a Web-Based System". Biomedical Signal Processing and Control, 2009, Vol. 4, no. 3, pp. 206-211, doi: 10.1016/j.bspc.2009.01.005.
- [A.1] C. Cosentino, W. Curatola, **F. Montefusco**, M. Bansal, D. di Bernardo, F. Amato. "Linear Matrix Inequalities Approach to Reconstruction of Biological Networks". IET Systems Biology, 2007, Vol. 1, no. 3, pp.164-173, doi: 10.1049/iet-syb:20060054.

#### \*Corresponding author

#### B. Capitoli di Libro

- [B.2] F. Montefusco\*, O. E. Akman, O. S. Soyer, D. G. Bates. "Modelling and Analysis of Feedback Control Mechanisms Underlying Osmoregulation in Yeast". In: "A Systems Theoretic Approach to Systems and Synthetic Biology II: Analysis and Design of Cellular Systems", (Eds: V.V. Kulkarni, G.-B. Stan, K. Raman), Springer, 2014, doi: 10.1007/978-94-017-9047-5 4.
- [B.1] F. Montefusco\*, C. Cosentino, D. G. Bates. "Control Engineering Approaches to Reverse Engineering Biomolecular Networks". In: "Handbook of Statistical Systems Biology", (Eds: M. P. H. Stumpf, D. J. Balding, M. Girolami), Wiley, 2011, doi: 10.1002/9781119970606.ch5.

#### C. Atti di Conferenze Internazionali con peer-review

- [C.10] F. Montefusco\*, I. M. Bulai. "Exploiting Ultrasensitivity for Biomolecular Implementation of a Control System without Error Detection". Agli Atti della "8<sup>th</sup> IFAC Conference on Foundations of Systems Biology in Engineering (FOSBE 2019)", 15-18 Ottobre 2019, Valencia, Spagna (articolo completo), doi: da assegnare.
- [C.9] R. Sawlekar, F. Montefusco, V. V. Kulkarni, D. G. Bates. "Biomolecular Implementation of a Quasi Sliding Mode Feedback Controller based on DNA Strand Displacement Reactions". Agli Atti della "37<sup>th</sup> Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'15)", 25-29 Agosto 2015, Milano, Italia (articolo completo), doi: 10.1109/EMBC.2015.7318520.
- [C.8] F. Montefusco\*, A. Steinacher, O. E. Akman, D. G. Bates and O. S. Soyer. "On the Role of Ultrasensitivity in Biomolecular Control Systems". Agli Atti della "51<sup>st</sup> IEEE Conference on Decision and Control (CDC'12)", 10-13 Dicembre 2012, Maui, HI, USA (articolo completo), doi: 10.1109/CDC.2012.6426064.
- [C.7] F. Montefusco\*, C. Cosentino, F. Amato, D. G. Bates. "Reverse-Engineering Biological Interaction Networks from Noisy Data using Regularized Least Squares and Instrumental Variables". Agli Atti della "50<sup>th</sup> IEEE Conference on Decision and Control and European Control Conference (CDC-ECC'11)", 12-15 Dicembre 2011, Orlando, FL, USA (articolo completo), doi: 10.1109/CDC.2011.6161266.
- [C.6] F. Montefusco\*, C. Cosentino, J. Kim, F. Amato, D. G. Bates. "Reverse Engineering Partially-Known Interaction Networks from Noisy Data". Agli Atti del "18<sup>th</sup> World Congress of the International Federation of Automatic Control (IFAC'11)", 28 Agosto 2 Settembre 2011, Milano, Italia (articolo completo), doi: 10.3182/20110828-6-IT-1002.01198.
- [C.5] F. Amato, C. Cosentino, <u>F. Montefusco</u>\*. "Inferring Gene Regulatory Networks with a Partially Known Scale-Free Topology". Agli Atti della "10<sup>th</sup> European Control Conference 2009 (ECC'09)", 23-26 Agosto 2009, Budapest, Ungheria, (articolo completo), ISBN 978-963-311-369-1.
- [C.4] F. Amato, C. Cosentino, <u>F. Montefusco</u>\*. "Exploiting Prior Knowledge and Preferential Attachment to Infer Biological Interaction Networks". Agli Atti della "17<sup>th</sup> Mediterranean Conference on Control and Automation 2009 (MED'09)", 24-26 Giugno 2009, Thessaloniki, Grecia (articolo completo), doi: 10.1109/MED.2009.5164755.
- [C.3] F. Amato, C. Cosentino, F. Montefusco\*. "Inferring Scale-Free Networks via Multiple Linear Regression and Preferential Attachment". Agli Atti della "16<sup>th</sup> Mediterranean Conference on Control and Automation 2008 (MED'08)", 25-27 Giugno 2008, Ajaccio, Corsica, Francia (articolo completo), doi: 10.1109/MED.2008.4602172.
- [C.2] F. Amato, M. Cannataro, C. Cosentino, A. Garozzo, N. Lombardo, C. Manfredi, F. Montefusco, G. Tradigo, P. Veltri. "A Web-based System for the Collection and Analysis of Spectra Signals for Early Detection of Voice Alterations". Agli Atti della "23<sup>rd</sup> Annual ACM Symposium on Applied Computing (SAC'08)", 16-20 Marzo 2008, Fortaleza, Ceará, Brasile (articolo completo), doi: 10.1145/1363686.1364010.
- [C.1] F. Amato, M. Cannataro, C. Cosentino, A. Garozzo, N. Lombardo, C. Manfredi, <u>F. Montefusco</u>, G. Tradigo, P. Veltri. "Early Detection of Voice Disease via a Web-Based System". Agli Atti della "5<sup>th</sup> International Workshop on Models and Analysis of Vocal

Emissions for Biomedical Applications (MAVEBA'07)", 13-15 Dicembre 2007, Firenze, Italia, (articolo completo), doi: 10.1400/82430.

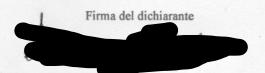
#### D. Abstract in Conferenze Nazionali ed Internazionali

- [D.12] F. Montefusco\*, M. G. Pedersen. "How is granule release affected by location and number of different types of Ca2+ channels? Markov chain models provide analytic results". Agli atti del "Quantitative Aspects of Membrane Fusion and Fission meeting", Padova, Italia, 6-10 Maggio, 2019 (abstract per presentazione orale).
- [D.11] F. Montefusco\*, A. Tagliavini, M. Ferrante, M. G. Pedersen. "The stoichiometry of the  $BK_{Ca}$ -CaV complex determines its properties: concise whole-cell modeling respecting local control". Agli atti del workshop "Nanoscale mathematical modeling of synaptic transmission, calcium dynamics, transduction and cell sensing", Pisa, Italia, 8-12 Ottobre, 2018 (abstract per presentazione del poster).
- [D.10] F. Montefusco\*, M. G. Pedersen. "A concise and exhaustive ODE model for characterizing the  $Ca^{2+}$  channel  $BK_{Ca}$  channel complex at local and whole-cell levels". Agli Atti della "11<sup>th</sup> AIMS Conference on Dynamical Systems, Differential Equations and Applications", Orlando, Florida, USA, 1-5 Luglio, 2016 (abstract per talk su invito).
- [D.9] F. Montefusco\*, M. G. Pedersen. "Exploiting Mathematical Modelling to Address the Enigmas of Glucagon Secretion". Agli Atti del "V Congresso Gruppo Nazionale di Bioingegneria (GNB) 2016", Napoli, Italia, 20-22 Giugno, 2016 (abstract per presentazione del poster).
- [D.8] R. Sawlekar, F. Montefusco, V.V. Kulkarni, D. G. Bates. "Biomolecular Implementation of a Quasi Sliding Mode Controller using an Ultrasensitive Cell Signalling Pathway". Agli Atti della "Synthetic Biology: Engineering, Evolution & Design (SEED'15) Conference", Boston, MA, USA, 10-13 Giugno 2015 (abstract per presentazione del poster).
- [D.7] C. Cosentino, M. Bilotta, **F. Montefusco**, R. Sawlekar, F. Amato, D. G. Bates. "A Modular Approach to the Design of Embedded Controllers for Chemical Reaction Networks". Agli Atti della "Synthetic Biology: Engineering, Evolution & Design (SEED'14) Conference", Manhattan Beach, California, 14-17 Luglio 2014 (abstract per presentazione del poster).
- [D.6] **F. Montefusco**\*, O. E. Akman, D. G. Bates and O. S. Soyer. "How can we design robust synthetic biological feedback control circuits?". Agli Atti della "BioBricks Foundation SB6.0 Conference", Londra, UK, 9-11 Luglio 2013 (abstract per presentazione del poster).
- [D.5] F. Montefusco\*, C. Cosentino, S. Mohammed, K. Haynes and D.G. Bates. "Exploiting Instrumental Variables and Regularized Least Squares for Reverse-Engineering Large Scale Biological Networks from Noisy Data". Agli Atti della "Foundations of Systems Biology Engineering (FOSBE'12) Conference", Tsuruoka, Giappone, 21-25 Ottobre 2012 (abstract per presentazione del poster).
- [D.4] F. Montefusco\*, A. Steinacher, O. E. Akman, D. G. Bates and O. S. Soyer. "A control system for the osmoregulation process in Saccharomyces cerevisiae". Agli Atti della "enGENEious 2012 Conference", Oxford, UK, 25-26 Giugno 2012 (abstract per talk e presentazione del poster).
- [D.3] F. Montefusco\*, C. Cosentino, J. Kim, D.G. Bates, F. Amato. "Inferring Partially-Known Scale-Free Interaction Networks from Noisy Data". Agli Atti della "Frontiers of Multidisciplinary Research: Mathematics, Engineering and Biology (Frontiers 2010)". Exeter, UK, 21-24 Settembre 2010 (abstract per presentazione del poster).
- [D.2] F. Amato, C. Cosentino, <u>F. Montefusco</u>\*. "Inferring Biological Interaction Networks from Time Series Measurements", Agli Atti della "Summer School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna, dal 30 Settembre al 2 Ottobre 2008 (abstract per presentazione del poster).
- [D.1] F. Montefusco. "Exploiting prior biological knowledge to infer interaction networks". Agli atti della "Winter School on Systems Biology for Medical Application", organizzata dall'Università di Rostock, svoltasi a Tenerife, Spagna, dal 27 Febbraio al 2 Marzo 2007 (abstract per presentazione del poster).

#### E. Tesi di Dottorato

[E.1] F. Montefusco. "Reverse Engineering Biological Interaction Networks by Exploiting Prior Knowledge and Topological Features". Biblioteche Nazionali Centrali di Roma e Firenze, Italia, Gennaio 2010.

Luogo e Data



Allega fotocopia del documento di identità



Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A ING-INF/06 - dipertimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco - CF;

## NON CI SONO TITOLI E/O BREVETTI INDICATI DAL CANDIDATO

ISCHIA, 26/12/2019

Luogo e data



Il Candidato (firma leggibile)



Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco - CR

#### ELENCO DELLE PUBBLICAZIONI INDICATE DAL CANDIDATO

#### Domanda n. 981 - Montefusco Francesco

Cod. Progr.: 1

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Heterogeneous alpha-cell population modeling of glucose-induced inhibition

of electrical activity

Titolo della rivista: Journal of Theoretical Biology

Volume: 485

Autori: F. Montefusco, G. Cortese, M. G. Pedersen

Anno: 2019

ISSN: 0022-5193

DOI: 10.1016/j.jtbi.2019.110036

Pagina iniziale: 1

Pagina finale: 13

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Altre informazioni: Impact Factor 2018

Impact Factor (IF): 1.875 - vedi il campo 'altre informazioni'

Citazioni: 0

Anni decorsi: (

Media citazioni/anno: 0

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_et\_al\_JTB\_2019.pdf (3 Mb)

Cod. Progr.: 2

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: From local to global modeling for characterizing calcium dynamics and their

effects on electrical activity and exocytosis in excitable cells

Titolo della rivista: International Journal of Molecular Sciences

Volume: 20

Autori: F. Montefusco, M. G. Pedersen

Questo documento è stato stampato da Francesco Montefusco -



## Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco - CF

Anno: 2019

ISSN: 1422-0067

DOI: 10.3390/ijms20236057

Pagina iniziale: 1

Pagina finale: 23

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Altre informazioni: Impact Factor 2018

Impact Factor (IF): 4.183 - vedi il campo 'altre informazioni'

Citazioni: 0

Anni decorsi: 0

Media citazioni/anno: 0

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_and\_Pedersen\_Int\_J\_Mol\_Sci\_2019.pdf (2.5 Mb)

Cod. Progr.: 3

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Explicit theoretical analysis of how the rate of exocytosis depends on local

control by Ca2+ channels

Titolo della rivista: Computational and Mathematical Methods in Medicine

Volume: 2018

Autori: F. Montefusco, M. G. Pedersen

Anno: 2018

ISSN: 17486718

DOI: 10.1155/2018/5721097

Pagina iniziale: 1

Pagina finale: 12

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Impact Factor (IF): 1.563 - riferito all'anno della pubblicazione

Citazioni: 1

Anni decorsi: 1

Media citazioni/anno: 1



#### Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco - CF

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco and Pedersen CMMM 2018.pdf (705 Kb)

Cod. Progr.: 4

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Concise Whole-Cell Modeling of BKCa-CaV Activity Controlled by Local

Coupling and Stoichiometry

Titolo della rivista: Biophysical Journal

Volume: 112

Autori: F. Montefusco, A. Tagliavini, M. Ferrante, M. G. Pedersen

Anno: 2017

ISSN: 0006-3495

DOI: 10.1016/j.bpj.2017.04.035

Pagina iniziale: 2387

Pagina finale: 2396

Contributo del candidato: Autore leader

Impact Factor (IF): 3.665 - riferito al primo anno successivo alla pubblicazione

Citazioni: 4

Anni decorsi: 2

Media citazioni/anno: 2

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_et\_al\_Biophys\_J\_2017.pdf (2.1 Mb)

Cod. Progr.: 5

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Recent advances in mathematical modeling and statistical analysis of

exocytosis in endocrine cell

Titolo della rivista: Mathematical Biosciences

Volume: 283

Autori: M. G. Pedersen, A. Tagliavini, G. Cortese, M. Riz, F. Montefusco

Anno: 2017



#### Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco -

ISSN: 0025-5564

DOI: 10.1016/j.mbs.2016.11.010

Pagina iniziale: 60

Pagina finale: 70

Contributo del candidato: Autore leader

Impact Factor (IF): 1.68 - riferito al primo anno successivo alla pubblicazione

Citazioni: 3

Anni decorsi: 2

Media citazioni/anno: 1.5

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Pedersen\_et\_al\_Math\_Biosc\_2017.pdf (1.3 Mb)

Cod. Progr.: 6

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Ultrasensitive negative feedback control: a natural approach for the design

of synthetic controllers

Titolo della rivista: PLoS ONE

Volume: 11

Autori: F. Montefusco, O. E. Akman, O. S. Soyer, D. G. Bates

Anno: 2016

ISSN: 1932-6203

DOI: 10.1371/journal.pone.0161605

Pagina iniziale: e0161605

Pagina finale: e0161605

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Altre informazioni: Impact Factor 2018

Impact Factor (IF): 2.776 - vedi il campo 'altre informazioni'

Citazioni: 5

Anni decorsi: 3

Media citazioni/anno: 1.66

Banca dati: Scopus



## Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco -

Nome del file caricato: Montefusco\_et\_al\_PLoS\_One\_2016.pdf (3.1 Mb)

Cod. Progr.: 7

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Implementing Nonlinear Feedback Controllers using DNA Strand

Displacement Reactions

Titolo della rivista: IEEE Transactions on NanoBioscience

Volume: 15

Autori: R. Sawlekar, F. Montefusco, V. V. Kulkarni, D. G. Bates

Anno: 2016

ISSN: 1536-1241

DOI: 10.1109/TNB.2016.2560764

Pagina iniziale: 443

Pagina finale: 454

Contributo del candidato: Autore co-leader

Impact Factor (IF): 2.771 - riferito all'anno della pubblicazione

Citazioni: 21

Anni decorsi:

Media citazioni/anno: 7

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Sawlekar\_Montefusco\_et al\_Transactions\_on\_Nanobioscience\_2016.pdf

(2.5 Mb)

Cod. Progr.: 8

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Mathematical modelling of local calcium and regulated exocytosis during

inhibition and stimulation of glucagon secretion from pancreatic alpha-cells

Titolo della rivista: The Journal of Physiology

Volume: 593

Autori: F. Montefusco, M. G. Pedersen

Anno: 2015

ISSN: 0022-3751



#### Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco

DOI: 10.1113/JP270777

Pagina iniziale: 4519

Pagina finale: 4530

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Impact Factor (IF): 5.037 - riferito all'anno della pubblicazione

Citazioni: 10

Anni decorsi:

Media citazioni/anno: 2.5

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_and\_Pedersen\_J\_Physiol\_2015.pdf (919 Kb)

Cod. Progr.: 9

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: CORE-Net: Exploiting Prior Knowledge and Preferential Attachment to Infer

**Biological Interaction Networks** 

Titolo della rivista: IET Systems Biology

Volume: 4

Autori: F. Montefusco, C. Cosentino, F. Amato

Anno: 2010

ISSN: 1751-8849

DOI: 10.1049/iet-syb.2009.0047

Pagina iniziale: 296

Pagina finale: 310

Contributo del candidato: Autore leader

Impact Factor (IF): 1.735 - riferito all'anno della pubblicazione

Citazioni: 11

Anni decorsi: 9

Media citazioni/anno: 1.22

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_et\_al\_IET\_Systems\_Biology\_2010.pdf (1 Mb)



#### Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco

Cod. Progr.:

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Early Detection of Voice Disease via a Web-Based System

Titolo della rivista: Biomedical Signal Processing and Control

Volume:

F. Amato, M. Cannataro, C. Cosentino, A. Garozzo, N. Lombardo, C. Autori:

Manfredi, F. Montefusco, G. Tradigo, P. Veltri

2009 Anno:

ISSN: 1746-8094

DOI: 10.1016/j.bspc.2009.01.005

Pagina iniziale: 206

Pagina finale: 211

Contributo del candidato: Il candidato ha contribuito in tutti gli aspetti relativi alla preparazione e

> revisione del manoscritto e, in particolare, ha ideato e sviluppato in prima persona la metodologia di analisi del segnale vocale e scritto l'articolo

Altre informazioni: Impact Factor 2018

Impact Factor (IF): 2.943 - vedi il campo 'altre informazioni'

Citazioni:

Anni decorsi:

Media citazioni/anno:

Banca dati: Scopus

Amato\_et\_al\_Biomedical\_Signal\_ Processing\_Control\_2009.pdf (378 Kb) Nome del file caricato:

Cod. Progr.: 11

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Linear Matrix Inequalities Approach to Reconstruction of Biological Networks

Titolo della rivista: **IET Systems Biology** 

Volume:

Autori: C. Cosentino, W. Curatola, F. Montefusco, M. Bansal, D. di Bernardo, F.

Amato

2007 Anno:

ISSN: 1751-8849



#### Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A

ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco -

DOI: 10.1049/iet-syb:20060054

Pagina iniziale: 164

Pagina finale: 173

Contributo del candidato: Il candidato ha sviluppato la metodologia, implementato l'algoritmo, eseguito

le simulazioni, preparato le figure e revisionato il manoscritto

Impact Factor (IF): 2.143 - riferito al primo anno successivo alla pubblicazione

Citazioni: 23

Anni decorsi: 12

Media citazioni/anno: 1.92

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Cosentino\_et\_al\_IET\_Systems\_Biology\_2007.pdf (565 Kb)

Cod. Progr.: 12

Tipologia: Articolo su rivista scientifica

Titolo dell'articolo: Exploiting Ultrasensitivity for Biomolecular Implementation of a Control

System without Error Detection

Titolo della rivista: IFAC-PapersOnLine

Volume: 52

Autori: F. Montefusco, I. M. Bulai

Anno: 2019

ISSN: 2405-8963

Pagina iniziale: 165

Pagina finale: 171

Contributo del candidato: Autore leader e corresponding

Altre informazioni: Impact Factor 2018

Impact Factor (IF): 0.96 - vedi il campo 'altre informazioni'

Citazioni: 0

Anni decorsi: 0

Media citazioni/anno: 0

Banca dati: Scopus

Nome del file caricato: Montefusco\_and\_Bulai\_IFAC\_FOSBE\_2019.pdf (1.4 Mb)





Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefus

1SCHIA, 26/12/2019

Luogo e data

Il Candidato (firma leggibile)



Procedure Pubbliche di Selezione - Sistema per la gestione delle candidature

PROCEDURA PER IL RECLUTAMENTO DI UN RICERCATORE CON RAPPORTO DI LAVORO A TEMPO DETERMINATO - TIPOLOGIA A ING-INF/06 - dipartimento di NEUROSCIENZE, IMAGING E SCIENZE CLINICHE - DR 2359/2019 prot. 83614 del 15/11/2019

Domanda: 981 - Candidato: Francesco Montefusco - CF

## **ELENCO PRODUZIONE SCIENTIFICA COMPLESSIVA**

#### Domanda n. 981 - Francesco Montefusco

Il sottoscritto Montefusco Francesco precisa che il settore concorsuale 09/G2 rientra nell'elenco dei settori bibliometrici ed, inoltre, dichiara con riferimento alla propria produzione scientifica complessiva quanto segue:

- 1. Periodo di riferimento (periodo in cui la produzione è stata posta in essere): dal 2007 al 2019
- Consistenza della produzione scientifica complessiva (numero totale delle pubblicazioni, con riferimento al periodo indicato): 23
- Intensità della produzione scientifica complessiva (media delle pubblicazioni per anno, con riferimento al periodo indicato): 1.77
- Continuità della produzione scientifica complessiva (numero di anni continuativi della produzione scientifica, con riferimento al periodo indicato): 6

File allegato: Elenco\_pubblicazioni\_Montefusco\_F.pdf

|SeHIA, 26/12/2019

Luogo e data

Il Candidato (firma leggibile)