

1. CURRICULUM IN FORMATO STANDARD

ESPERIENZA LAVORATIVA

- dal 2013, settore scientifico disciplinare: Bioingegneria elettronica ed informatica (ING-INF/06)
- dall'1/11/2000, professore associato, in servizio presso Sapienza Università di Roma, Facoltà di Ingegneria dell'Informazione, Informatica e Statistica, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale "A. Ruberti".
- dal 1996 al 2013 settore disciplinare: Automatica (ING-INF/04).
- abilitazione nazionale (tornata 2012) per Professore Ordinario, nel settore concorsuale 09/G (Ingegneria dei sistemi e bioingegneria) ssd. ING-INF/04. L'abilitazione è valida anche per gli altri settori 09/G e cioè: ING-INF/06 e ING-IND/34. L'abilitazione scade il 31 Gennaio 2020.
- dal 2017, Associato di Ricerca dell'Istituto di Analisi dei Sistemi e Informatica (IASI) del CNR

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

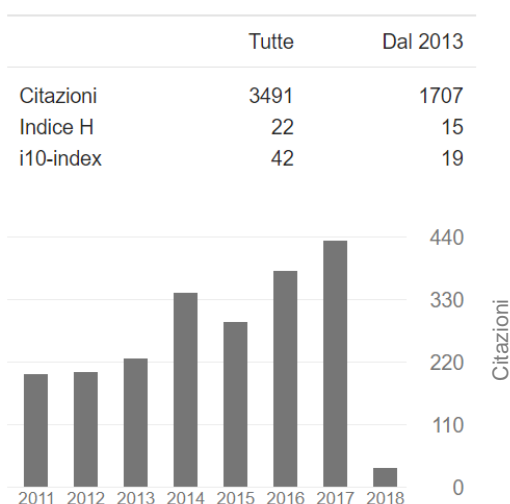
- Laurea quinquennale in Ingegneria Elettronica, indirizzo biomedico, votazione 110 e lode, Sapienza Università di Roma, con una tesi dal titolo "*I sistemi positivi: un contributo allo studio delle proprietà strutturali*"
- Dottore di ricerca in Ingegneria dei Sistemi, Sapienza Università di Roma, conseguito nell'a.a. 1997/1998, con una dissertazione dal titolo "*I sistemi positivi e il problema della realizzazione*".

CAPACITÀ E COMPETENZE PERSONALI

Premi internazionali

- IEEE Circuits and Systems Society Guillemin-Cauer Award per l'anno 2001, insieme a L. Benvenuti and B.D.O. Anderson per l'articolo [JP14].

Indicatori Google Scholar Citations



- h-index Scopus: 20
- Il libro "*Positive systems: theory and applications*" (Wiley, 2000) ha ricevuto, alla data odierna, 1550 citazioni.

– Ho pubblicato 55 articoli su riviste internazionali, 30 a conferenze, un libro di argomenti di ricerca con John Wiley (in inglese) e un libro di testo per i corsi universitari di ingegneria per McGrawHill (in italiano).

Posizioni precedenti

- dal 10 Dicembre 1996: ricercatore, settore scientifico disciplinare Automatica (ING-INF/04) – Sapienza, Università di Roma, Facoltà di Ingegneria dell'Informazione, Informatica e statistica, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale "A. Ruberti".
- dal 3 Febbraio 1997 al 14 Marzo 1997: visitatore (departmental visitor) presso il Department of Systems Engineering, Research School of Information Sciences and Engineering, Australian National University, Canberra ACT, Australia, dove ha svolto attività seminariale e di ricerca.
- dal 15 Febbraio 1995 al 31 Agosto 1995: coordinatore del progetto di monitoraggio remoto di pazienti cardiopatici ad alto rischio presso la Tecnobiomedica S.p.A.
- dal 9 Settembre 1994 al 31 Dicembre 1994: consulente scientifico del programma d'emergenza regionale per l'Est e il Sud Africa dell'UNICEF (fondo delle Nazioni Unite per l'infanzia), Nairobi (Kenya).
- dal 1 Settembre 1993 al 31 Agosto, 1994: borsista presso il CNR. La ricerca ha avuto come oggetto le proprietà strutturali dei sistemi positivi.
- dal 10 Dicembre 1992 al 10 Marzo, 1993: consulente scientifico al Centro di Ricerche per l'Informatica Territoriale ed Ambientale (CIRITA, Politecnico di Milano). La ricerca ha avuto come oggetto tematiche di modellistica di ecosistemi.

Attività didattica istituzionale

- a.a. 1992/1993: esercitazioni dei corsi di Teoria dei Sistemi e Fondamenti di Automatica.
- a.a. 1993/1994: ciclo di seminari didattici per il corso di Teoria dei Sistemi, Politecnico di Milano.
- 16-17/3/1994: docente del corso per dottorandi e ricercatori su 'I sistemi lineari positivi' organizzato dal Centro Teoria dei Sistemi, CNR, Milano.
- a.a. 1994/1995: tutore del primo modulo di Controlli Automatici per il Diploma in Ingegneria Informatica e Automatica, per conto dell'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", presso il Centro Studi di Latina.
- a.a. 1995/1996: tutore del primo e secondo modulo di Controlli Automatici per il Diploma in Ingegneria Informatica e Automatica, per conto dell'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", presso il Centro Studi di Latina.
- a.a. 1998/1999: esercitazioni del corso di Identificazione dei Modelli e Analisi dei Dati.
- a.a. 1998/1999: docente nel Corso di Perfezionamento in Metodi Matematici per l'Analisi, il Controllo e l'Ottimizzazione dei Sistemi, dell'Università degli Studi di Roma "La Sapienza".
- dall'a.a. 1999/2000: è docente nel Corso di Dottorato in Ingegneria dei Sistemi, dell'Università degli Studi di Roma "La Sapienza".
- dall'a.a. 1999/2000 all'a.a. 2001/2002: docente di ruolo del corso di "Modellistica e Simulazione", Corso di Laurea in Ingegneria Informatica, presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", Sede di Roma
- dall'a.a. 1999/2000 all'a.a. 2001/2002: docente di ruolo del corso "Modellistica e Controllo dei Sistemi Ambientali", Corso di Diploma in Ingegneria dell'Ambiente e delle Risorse, presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", Sede di Roma.
- dall'a.a. 2002/2003 all'a.a. 2012-2013: docente di ruolo del corso "Automatica" (6CFU), Corso di Laurea in Ingegneria Gestionale, presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", Sede di Roma.
- dall'a.a. 2002/2003 all'a.a. 2012-2013: docente di ruolo del corso "Modelli dinamici per l'ingegneria gestionale", (6 CFU) Corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Gestionale, presso l'Università degli Studi di Roma "La Sapienza", Sede di Roma.
- a.a. 2005/2006 : co-docente del corso "I sistemi positivi", scuola nazionale di dottorato "A. Ruberti", organizzata dal CIRA, Luglio 2006.
- dall'a.a. 2012/2013: docente di ruolo del corso "Modelli di sistemi biologici" (6 di 9CFU), corso di laurea magistrale in Ingegneria biomedica, Sapienza università di Roma

- dall'a.a. 2012/2013 all'a.a. 2017/2018: docente di ruolo del corso “Metodi computazionali per la biologia molecolare” (6CFU) , corso di laurea magistrale in Ingegneria biomedica, Sapienza università di Roma
- dall'a.a. 2012/2013 docente di riferimento del corso di “Bioinformatica” (3 di 9CFU), corso di laurea magistrale in Ingegneria biomedica, Sapienza Università di Roma
- dall'a.a. 2018/2019 docente di ruolo del corso di “Bioingegneria per la genomica” (9CFU), corso di laurea magistrale in Ingegneria biomedica, Sapienza università di Roma

Altre attività di servizio e organizzative

- Organizzatore e Co-chairman della prima, quinta e sesta edizione dell'*International Symposium on Positive Systems: Theory and Applications* (POSTA 2003, Roma Sapienza, POSTA 2016, Roma Campus Biomedico, e POSTA 2018, Hangzhou, China) e membro del comitato internazionale di POSTA 2006, Grenoble, POSTA 2009, Valencia e POSTA 2012, Maynooth, Ireland). La conferenza è co-sponsorizzata dalla IEEE Control Systems Society. Gli atti della conferenza sono pubblicati nelle *Lecture Notes in Control and Information Sciences*, Springer-Verlag, London.
- a.a. 2015/2016: Proponente ed estensore, insieme al Prof. Macino (biologia generale) ed il Prof. Negri (biologia molecolare), del progetto di laurea in “Bioinformatics” (inglese, primo livello), Sapienza Università di Roma, interfacoltà: Ingegneria dell'Informazione, Informatica e Statistica, Medicina e Farmacia, Medicina e Odontoiatria, Scienze Fisiche e Naturali. La laurea è ormai al suo secondo anno di vita.
- dal 2005 al 2008, membro del comitato di selezione del premio "Antonio Ruberti Young Researcher Prize", istituito nel 2005 dalla Fondazione Ruberti e dalla IEEE Control Systems Society.
- dal 2002 al 2005: Coordinamento scientifico di “Incontri al Chiostro”, una serie di incontri su temi divulgativi di carattere scientifico, per l'a.a. 2002/2003 si sono svolti i seguenti incontri: “*Simulazioni. La realtà rifatta nel computer*” di Domenico Parisi, “*Segmenti e bastoncini*” di Lucio Russo, “*La visione matematica della realtà*” di Giorgio Israel, “*Il computer di Dio. Pensieri di un matematico impertinente*” di Piergiorgio Odifreddi. Nell'anno 2003/2004 si sono svolti i seguenti incontri: “*BIT e DNA. Scienze della vita e scienze dell'informazione*”, di Ernesto Di Mauro, “*Una scienza fuori dal mondo? La dimensione storica e sociale del linguaggio scientifico*” di Marcello Cini, “*Una Ikea di Università*” di Maurizio Ferraris, “*Alle sorgenti della complessità: sistemi aperti, strani anelli, non linearità*” di Antonio Lepschy, “*Macchine come noi*” di Oliviero Stock e Yuriy Castelfranchi.
- dal 1999 al 2002: promuove ed organizza cicli di seminari sulle tecnologie appropriate in qualità di rappresentante dell'Università di Roma “La Sapienza” nel “Comitato per le Tecnologie Sostenibili”, che comprende L'Università di Roma III, L'Associazione ILITEC e Il Comitato Italiano per l'UNICEF (fondo delle Nazioni Unite per l'infanzia). In questo ruolo, ha inoltre partecipato attivamente alla creazione di un Master in “Ingegneria dell'emergenza” in co-operazione con i Vigili del Fuoco, La Protezione Civile e varie organizzazioni no-profit non governative.

Descrizione sintetica dell'attività scientifica

La mia attività di ricerca ha riguardato, nella prima fase (1994-2006), la teoria e le applicazioni dei *sistemi positivi* e cioè di modelli ad equazioni differenziali o alle differenze, caratterizzati dal vincolo di positività (o non-negatività) delle variabili di stato, ingresso e uscita. Tale vincolo è legato al significato fisico delle grandezze di interesse, come per esempio nel caso dei sistemi compartimentali, largamente utilizzati nei modelli fisiologici a livello di organo (si veda il pancreas artificiale) e in farmacologia, per lo studio della cinetica dei farmaci. Le variabili di interesse in un sistema compartimentale rappresentano le concentrazioni di una data sostanza nei vari distretti del corpo umano (cellule, recettori, tessuti, liquidi fisiologici). Val la pena notare che il solo vincolo di positività (o non negatività) sulle variabili, seppure del tutto naturale in quanto diretta conseguenza del problema di interesse, renda il sistema semi-lineare e quindi perdere tutte le proprietà ben note per i sistemi lineari. Per esempio, non si possono considerare sottospazi invarianti per la decomposizione di Kalman ma si deve far riferimento alla teoria dei "coni poliedrici invarianti" [JP15], molto più complessa e per la quale non esistono risultati in alcun modo equivalenti a quelli dei sottospazi. D'altra parte, la positività, permette invece di risolvere in modo più agevole altri problemi, come la caratterizzazione dello spettro (autovalori) che si lega alla, ormai matura, teoria delle matrici non-negative [JP24,JP27].

Il principale problema da me studiato in questa prima fase è stato quello della cosiddetta *realizzazione positiva*. Più precisamente: assumendo di avere a disposizione una relazione ingresso/uscita (funzione di trasferimento, risposta in frequenza o risposta impulsiva) di un processo le cui variabili di stato debbano necessariamente essere positive, si vuole sapere sotto quali condizioni sia possibile costruire un modello completo (cioè nello spazio di stato) del processo con tale proprietà e, possibilmente, anche il numero minimo di variabili di stato necessarie. Questo problema è stato formulato - ma non risolto - negli anni '60 da Rudolph Kalman e collaboratori in relazione alla costruzione di rappresentazioni di serie aleatorie mediante "funzioni di catene di Markov finite", oggi note come "modelli di Markov nascosti" e largamente applicate in molti settori della scienza e della tecnica (basti pensare al riconoscimento del parlato). In farmacologia, per esempio, il problema si riformula in modo diretto considerando come risposta impulsiva l'andamento temporale di concentrazione nel sangue di un bolo di farmaco somministrato per via endovenosa. Si tratta quindi di trovare il modo di individuare quanti compartimenti si rendano necessari per costruire un modello spazio di stato, cioè dove le variabili che rappresentano il contenuto dei compartimenti sia ammissibile, cioè positivo (o non-negativo se si preferisce). Le basi teoriche per la soluzione del problema sono state poste nei lavori [JP1,JP2,JP3,JP4] e la soluzione completa per il problema dell'esistenza (con procedura costruttiva) è stata individuata in [JP7]. Il problema della minimalità (cioè del minimo numero di variabili di stato necessarie per avere una rappresentazione con o spazio di stato positivo) è ancora aperto, anche se soluzioni parziali sono state proposte [JP6,JP12,JP13,JP16]. Un articolo di rassegna e di definizione dei problemi risolti ed ancora aperti si trova in [JP25].

Il problema della realizzazione positiva può essere riformulato, e quindi applicato, in molti contesti applicativi del tutto diversi. Per esempio, considerando una risposta in frequenza assegnata di un sistema (p.e. un filtro), la tecnologia utilizzata per la realizzazione del dispositivo può essere vincolata ad avere variabili di stato (cioè elementi base di progettazione) che devono assumere valori positivi per poter funzionare. E' questo il caso della tecnologia dei sensori ad accoppiamento di carica (CCD), dove le variabili di stato sono definite da una quantità di carica (positiva) e ormai presenti in moltissimi prodotti tecnologici come sensori ottici. La progettazione di filtri digitali in questo caso richiede l'applicazione diretta della teoria della realizzazione positiva [JP5,JP9]. Un altro contesto applicativo simile, è quello dei filtri in fibra ottica, dove la variabile di stato è rappresentata dal flusso di fotoni che può muoversi in una sola direzione. Anche il questo caso, con le opportune varianti, è possibile applicare la teoria della realizzazione positiva al progetto di filtri in fibra ottica [JP19].

In generale, si può quindi parlare di "filtri positivi", al di là della tecnologia considerata, e definire una procedura sistematica per la loro progettazione. Tale tematica è stata affrontata nel lavoro [JP14] e premiato come miglior articolo del 2001, dalla IEEE Circuits and Systems Society con il Guillemin-Cauer Award. Premiazione avvenuta in occasione della ISCAS 2001 Conference a Sidney, Australia.

La teoria della realizzazione positiva è stata poi applicata all'identificazione di parametri fisiologici nei sistemi compartimentali [JP17,JP22] in presenza di rumore aleatorio. Altri temi di ricerca, in questa prima fase, sono stati la caratterizzazione dell'insieme degli stati raggiungibili con vincolo di positività sull'ingresso [JP11,JP15,JP18,JP26], la determinazione di leggi di controllo in presenza di vincoli sullo stato e/o sull'ingresso [JP8,JP18] e di incertezze parametriche casuali [JP10].

La seconda fase della mia attività di ricerca (dal 2005 ad oggi) si è rivolta a molte applicazioni di analisi e modellistica di dati provenienti da esperimenti di biologia e medicina molecolare, con l'obiettivo di individuare i sottostanti meccanismi di regolazione.

I miei primi lavori su questo argomento si sono svolti in collaborazione con l'Istituto Superiore di Sanità (Dr. Alessandro Giuliani) e con il Dipartimento di Farmacologia Umana, (Prof. Alfredo Colosimo) dell'Università di Roma, Sapienza. Abbiamo studiato il ruolo della struttura della rete metabolica del lievito (*Saccharomyces cerevisiae*) nel determinare le capacità di sopravvivenza delle cellule in assenza di specifici geni [JP31,JP35], l'impatto della regolazione post-trascrizionale nel ciclo metabolico del lievito [JP36] e le proprietà dei cicli trascrizionali delle cellule umane e di lievito [JP34, JP42] in collaborazione con la parte sperimentale effettuata nel laboratorio del Prof. Michele Bianchi (Dipartimento di biologia e biotecnologie C. Darwin, Sapienza). Utilizzando metodi di analisi spettrale dei dati di espressione genica, si è dimostrata la presenza di oscillazioni dei trascritti dell'intero genoma e quindi di una dinamica "collettiva" delle cellule in coltura.

Un tema ricorrente della seconda fase della mia ricerca, riguarda lo studio della regolazione post-trascrizionale, sin dai miei primi lavori del 2008. In particolare, mi sono occupato dell'effetto della modulazione dell'emivita (tempo di dimezzamento) dei trascritti sul complesso dell'espressione genica che è il risultato di un bilancio fra trascrizione (produzione di RNA) e degradazione (distruzione di RNA) che costituisce un fenomeno dinamico che evolve nel tempo. Oggi, questo tipo di regolazione è ampiamente riconosciuta essere estremamente importante perché disregolata in tutti i processi biologici che portano a malattie, incluso cancro, malattie immunitarie e cardio-vascolari. Dopo la scoperta (ed il conferimento del Nobel) di piccoli RNA (microRNA) che, legandosi ai messaggeri ne producono il blocco mediante inibizione della traduzione o rapida degradazione, i meccanismi di regolazione post-trascrizionali sono diventati negli ultimi anni il centro dell'interesse della comunità medica e biologica.

In collaborazione con l'Istituto di Biologia e Patologia Molecolari del CNR (Dr.ssa Ida Ruberti) e dell'Istituto Nazionale di Ricerca per gli Alimenti e la Nutrizione (Dr. Giorgio Morelli), è stata sviluppata una metodologia computazionale di analisi dei dati di espressione genica che permette di identificare fattori di trascrizione comuni anche in presenza di regolazione post-trascrizionale al livello della stabilità dei messaggeri [JP33,JP37].

In collaborazione con l'Istituto di Analisi dei Sistemi e Informatica (IASI) del CNR (Dr.ssa Paola Paci) e con il Campus Biomedico (Prof. Filippo Cacace), è stato sviluppato un modello stocastico dell'espressione genica in grado di identificare i valori di emivita di ciascun trascritto a partire da serie temporali di espressione genica su larga scala (genome-wide). Questa esperienza mi ha permesso di scrivere, su invito, una review sul tema della modellistica della degradazione degli RNA [JP50].

In collaborazione con il laboratorio di genetica delle piante dell'Università di Verona, guidato dal Prof. Mario Pezzotti, sono stati sviluppati modelli sperimentali ed una campagna di misura per studiare i processi biologici sottostanti la maturazione delle bacche di vite (uva). I risultati sono stati presentati nelle pubblicazioni [JP43] e [JP46]. Quest'ultimo lavoro ha avuto ampia eco sulla stampa nazionale ed internazionale. Il mio ruolo in questi lavori è stato di analisi statistica dei dati e comunicazione dei risultati suggerendo possibili interpretazioni e nuove analisi per la conferma delle ipotesi. In altre parole, la collaborazione con il gruppo di Verona mi ha permesso di vivere in prima persona un coinvolgimento diretto nel processo sperimentale e trasferire la mia "visione" basata sull'informazione, anche ai colleghi biologi. Infatti, a seguito di questa esperienza, lo stesso gruppo (supportato dalla Dr.ssa Paola Paci IASI – CNR) è stato in grado di applicare una metodica basata sulle

reti complesse per l'analisi dei dati di vite e trovare i geni "driver" nel processo di maturazione della bacca di vite [JP49] pubblicando sulla rivista top del settore (Plant Cell).

In collaborazione con la Dr.ssa Giulia Piaggio, dirigente di ricerca dell'Istituto Tumori "Regina Elena", è stato studiato il problema della determinazione dei geni regolati dal ciclo cellulare su dati umani di tumori epiteliali utilizzando un approccio "machine learning" e portando in validazione sperimentale i risultati ottenuti [JP47].

In collaborazione con la Dr.ssa Paola Paci (IASI – CNR) i miei interessi di ricerca si sono spostati più sullo studio di tumori umani e sul ruolo dell'effetto "spugna" (ceRNA networks) che coinvolge i long non-coding RNA (lncRNA) recentemente scoperti e di cui ancora non sono note nel dettaglio le proprietà biologiche. Nella pubblicazione [JP48] abbiamo individuato una serie di terne miRNA-lncRNA-mRNA potenzialmente coinvolte nella formazione di molti tumori (dati TGCA) ed individuato un candidato molto "interessante": il long non-coding PVT1, che risulta coinvolto nella formazione di molti tumori [JP51].

I buoni risultati ottenuti su vite dall'algoritmo basato su reti complesse (network medicine), e la grande quantità di dati disponibili in internet (TGCA) ci hanno indotto ad applicarlo ad una vasta serie di dati tumorali, ottenendo degli ottimi risultati in quanto in grado di individuare geni putativamente responsabili dell'insorgenza del tumore [JP55].

Recentemente, in collaborazione con il gruppo del Prof. Sebastiano Filetti (Presidente di Medicina e Odontoiatria, Seconda Clinica Medica), stiamo studiando l'applicazione dell'algoritmo di "Network Medicine" [JP55] per l'analisi dei dati di tumore alla tiroide e l'individuazione di geni "driver".

Publicazioni su libri e riviste internazionali

Libri

- [B1] L. Farina and S. Rinaldi, Positive Linear Systems: Theory and Applications, Pure and Applied Mathematics: A Wiley-Interscience Series of Text, Monographs, and Tracts, John Wiley & Sons, New York, 2000
- [B2] L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina (Eds.), Positive Systems. Proceedings of the First Multidisciplinary Symposium on Positive Systems (POSTA 2003). Lecture Notes on Control and Information Sciences, v. 294, Springer-Verlag, Heidelberg
- [B3] L. Benvenuti, A. De Santis, L. Farina, Sistemi dinamici: modellistica, analisi e controllo. McGraw Hill, Milano, 2008
- [B4] F. Cacace, L. Farina, R. Setola and A. Germani (Eds.), Positive Systems. Proceedings of the Fifth International Symposium on Positive Systems (POSTA 2016). Lecture Notes on Control and Information Sciences, v. 471, Springer-Verlag, Heidelberg (2017)
- [B5] L. Farina and M. Petti, section "Network medicine", in Bioinformatics and Computational Biology (The A to Z of Bioinformatics) Encyclopedia, (Elsevier), to appear, (2018)

Articoli su riviste internazionali

Teoria dei sistemi e del controllo - Automatica (1994-2006)

- [JP1] L. Farina, A note on discrete-time positive realizations, Systems & Control Letters 22 (1994) 467-469
- [JP2] L. Farina, Necessary conditions for positive realizability of continuous-time linear systems, Systems & Control Letters 25 (1995) 121-124
- [JP3] L. Farina and L. Benvenuti, Positive realizations of linear systems, Systems & Control Letters 26 (1996) 1-9
- [JP4] B.D.O. Anderson, M. Deistler, L. Farina and L. Benvenuti, Nonnegative realization of a linear system with nonnegative impulse response, IEEE Transactions on Circuits and Systems-I: Fundamental Theory and Applications 43 (1996) 134-142
- [JP5] L. Benvenuti and L. Farina, Discrete-time filtering via charge routing networks, Signal Processing 49 (1996) 207-215
- [JP6] L. Farina, Minimal order realizations for a class of positive linear systems, Journal of the Franklin Institute 333B (1996) 893-900
- [JP7] L. Farina, On the existence of a positive realization, Systems & Control Letters 28 (1996) 219-226
- [JP8] L. Farina and L. Benvenuti, Invariant polytopes of linear systems, IMA Journal of Mathematical Control and Information, 15 (1998) 233-240
- [JP9] L. Benvenuti and L. Farina, On the class of linear filters attainable with charge routing networks, IEEE Transactions on Circuits and Systems-II: Analog and Digital Signal Processing 43 (1996) 618-622
- [JP10] L. Benvenuti and L. Farina, Constrained control for uncertain discrete-time systems, International Journal on Robust and Nonlinear Control, 8 (1998) 555-565
- [JP11] L. Farina and L. Benvenuti, Polyhedral reachable set with positive controls, Mathematics of Control, Signals and Systems 10 (1997) 364-380
- [JP12] L. Benvenuti and L. Farina, A note on minimality of positive realizations, IEEE Transactions on Circuits and Systems-I: Fundamental Theory and Applications, 45 (1998) 676-678
- [JP13] L. Benvenuti and L. Farina, An Example of how positivity may force realizations of 'large' dimension, Systems & Control Letters 36 (1999) 261-266
- [JP14] L. Benvenuti, L. Farina and B.D.O. Anderson, Filtering through combination of positive filters, IEEE Transactions on Circuits and Systems-I: Fundamental Theory and Applications, 46 (1999) 1431-1440 This paper has received the 2001 IEEE CAS Guillemin-Cauer Award

- [JP15] M.E. Valcher and L. Farina, An algebraic approach to the construction of polyhedral invariant cones, *SIAM J. Matrix Analysis Appl*, 22 (2000) 453-471
- [JP16] L. Benvenuti, L. Farina, B.D.O. Anderson and F. De Bruyne, Minimal discrete-time positive realizations of transfer functions with positive real poles, *IEEE Transactions on Circuits and Systems-I: Fundamental Theory and Applications*, 47 (2000) 1370-1377
- [JP17] A. De Santis and L. Farina, Identification of positive linear systems with Poisson output transformation, *Automatica* (2002) 38 861-868
- [JP18] L. Benvenuti and L. Farina, Invariance and feedback control with state and input constraints, *Int. J. Systems Science*, 33 (2002) 45-53
- [JP19] L. Benvenuti and L. Farina, The design of fiber-optic filters, *Journal of Lightwave Technology*, 19 (2001) 1366-1375
- [JP20] L. Benvenuti and L. Farina, Positive and compartmental systems, *IEEE Transactions on Automatic Control* 47 (2002) 370-373
- [JP21] L. Benvenuti, L. Farina and B.D.O. Anderson, The positive side of filters, *IEEE Circuits and Systems Magazine*, 1, (Third Quarter 2001) 32-36, (invited paper)
- [JP22] L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina, On model consistency in compartmental systems identification, *Automatica* (2002) 38 1969-1976
- [JP23] L. Benvenuti and L. Farina, Minimal positive realizations: a survey of recent results and open problems, *Kybernetika* (2003) 38 217-228 (Special issue on Max-Puls algebra)
- [JP24] L. Benvenuti and L. Farina, Eigenvalue regions for positive systems, *Systems & Control Letters* (2004) 51 325-330
- [JP25] L. Benvenuti and L. Farina, A tutorial on the positive realization problem, *IEEE Transactions on Automatic Control*, (2004) 49 651-664
- [JP26] L. Benvenuti and L. Farina, The geometry of the reachability set for linear discrete-time systems with positive controls, *SIAM J. Matrix Analysis*, (2006) 28 306-325
- [JP27] L. Benvenuti and L. Farina, Nonnegative matrices in signal processing, *Signal Processing* (2006) 86 2388-2392
- [JP28] L. Farina, Discussion on: "Representation of a Class of MIMO Systems via Internally Positive Realization", *European Journal of Control*, (2010) 16(3):305-306
- [JP29] F. Cacace, L. Farina, A. Germani, C. Manes, Internally positive representation of a class of continuous time systems, *IEEE Transactions on Automatic Control*, (2012) 57(12):3158-3163
- [JP30] L. Benvenuti, L. Farina, Revisiting the linear recursion with nonnegative coefficients problem, *Linear Algebra and its Applications*, (2017) 535:191-194

Biologia computazionale e bioinformatica (dal 2005)

- [JP31] M.C. Palumbo, A. Colosimo, A. Giuliani and L. Farina, Functional essentiality from topology features in metabolic networks: a case study in yeast, *FEBS Letters* (2005) 579 4642-4646
- [JP32] Maria Concetta Palumbo, Lorenzo Farina, Alfredo Colosimo, Kyaw Tun, Pawan K. Dhar and Alessandro Giuliani, Networks everywhere? Some general implications of an emergent metaphor, *Current Bioinformatics* (2006) 1 219-234
- [JP33] L. Farina, A. De Santis, G. Morelli and I. Ruberti, Dynamic measure of genes co-regulation, *IET Systems Biology* (2007) 1 10-17
- [JP34] A. Giuliani, M. Tsuchiya, Y. Zhen; A. Colosimo, M.C. Palumbo, L. Farina, M. Crescenzi, A. Mazzola, R. Negri, M. Bianchi, Gene expression waves: cell cycle independent collective dynamics in cultured cells, *FEBS Journal* (2007) 274 2878-2886 (link)
- [JP35] M.C. Palumbo, A. Colosimo, A. Giuliani and L. Farina, Essentiality is an emergent property of metabolic network wiring, *FEBS Letters* (2007) 581 2485-2489
- [JP36] M.C. Palumbo, L. Farina, A. De Santis, A. Giuliani, A. Colosimo, G. Morelli and I. Ruberti, Collective Behaviour in Gene Regulation: Post-transcriptional Regulation and the Temporal Compartmentalization of Cellular cycles, *FEBS Journal* (2008) 275:2364-71.

- [JP37] L. Farina, A. De Santis, S. Salvucci, G. Morelli and I. Ruberti, Embedding mRNA stability in correlation analysis of time-series gene expression data, *PLoS Computational Biology* (2008) 4(8): e1000141. doi:10.1371/journal.pcbi.1000141
- [JP38] N. Soranzo, M. Zampieri, L. Farina and C. Altafini, mRNA stability and the unfolding of gene expression in the long-period yeast metabolic cycle, *BMC Systems Biology* (2009) 3(18)
- [JP39] M.C. Palumbo, L. Farina, A. Colosimo and A. Giuliani, *Metabolic Networks*. In: *Handbook on Biological Networks*, World Scientific Publishing Company, ISBN/ISSN: 9812838791 (2009)
- [JP40] P. Palumbo, G. Mavelli, L. Farina and L. Alberghina, *Networks and Circuits in Cell Regulation*, *Biochemical and Biophysical Research Communications* (2010) 396(4):881-6
- [JP41] P. Palumbo, G. Mavelli, L. Farina and A. Germani, Identification of regulatory network motifs from gene expression data, *Journal of Mathematical Modelling and Algorithms*, Volume 9, Number 3, 233-245 (2010)
- [JP42] G. Romagnoli, E. Cundari, R. Negri, M. Crescenzi, L. Farina, A. Giuliani and M. Bianchi, Synchronous protein cycling in batch cultures of the yeast *Saccharomyces cerevisiae* at log growth phase, *Experimental Cell Research* 317 (2011) 2958-2968, <http://dx.doi.org/10.1016/j.yexcr.2011.09.007>
- [JP43] M. Fasoli, S. Dal Santo, S. Zenoni, G.B. Tonielli, L. Farina, A. Zamboni, A. Porceddu, L. Venturini, M. Bicego, V. Murino, A. Ferrarini, M. Delledonne and M. Pezzotti, The grapevine expression atlas reveals a deep transcriptome shift driving the entire plant into a maturation program, *Plant Cell*, Sep 4 (2012)
- [JP44] S. Camiolo, L. Farina and A. Porceddu, The relation of codon bias to tissue specific gene expression in *Arabidopsis thaliana*, *Genetics*, Aug 5 (2012)
- [JP45] F. Cacace, P. Paci, V. Cusimano, A. Germani and L. Farina, Stochastic modeling of expression kinetics identifies messenger half-lives and reveals sequential waves of co-ordinated transcription and decay, *PLoS Computational Biology*, vol.8, (2012)
- [JP46] S. Dal Santo, G.B. Tonielli, S. Zenoni, L. Farina, M. Fasoli, F. Guzzo, M. Delledonne and M. Pezzotti, The plasticity of the grapevine berry transcriptome, *Genome Biology*, 14:r54 (2013)
- [JP47] M. De Santis, F. Rinaldi, E. Falcone, S. Lucidi, G. Piaggio, A. Gurtner and L. Farina, Combining optimization and machine learning techniques for genome wide prediction of human cell cycle-regulated genes, *Bioinformatics*, 30(2):228-233 (2014)
- [JP48] P. Paci, T. Colombo and L. Farina, Computational analysis identifies a sponge interaction network between long non-coding RNAs and messenger RNAs in breast cancer, *BMC Systems Biology* (2014), 8:832
- [JP49] M.C. Palumbo, S. Zenoni, M. Fasoli, M. Massonet, L. Farina, F. Castiglione, M. Pezzotti and P. Paci, Integrated network analysis identifies fight-club nodes as a class of hubs encompassing key putative switch genes that induce major transcriptome reprogramming during grapevine development, *Plant Cell* (2014), 26(12):4617-35
- [JP50] M.C. Palumbo, L. Farina and P. Paci, Kinetic effects and modeling of mRNA turnover, *WIREs RNA* (2015), 6(3):327-336
- [JP51] T. Colombo, L. Farina, G. Macino and P. Paci, PVT1: a rising star among oncogenic long non-coding RNAs, *BioMed Research International* (2015), 2015:304208. doi:10.1155/2015/304208.
- [JP52] J.B. Kullán, D.L. Paim Pinto, E. Bertolini, M. Fasoli, S. Zenoni, G.B. Tonielli, M. Pezzotti, B. Meyers, L. Farina, M.E. Pè, E. Mica, miRVine: a microRNA expression atlas of grapevine based on small RNA sequencing, *BMC Genomics* (2015), 16:393, DOI: 10.1186/s12864-015-1610-5
- [JP53] ..., L. Farina, ... Gut Microbiota Meta-omics Charts Supporting CF Patients' Laboratory and Clinical Management, *Journal of clinical gastroenterology* (2016), 50 p. S222
- [JP54] F. Conte, G. Fiscon, M. Chiara, T. Colombo, L. Farina and P. Paci, Role of the long non-coding RNA PVT1 in the dysregulation of the ceRNA-ceRNA network in human breast cancer, *PLoS ONE* 12(2):e0171661 (2017)
- [JP55] P. Paci, T. Colombo, G. Fiscon, A. Gurtner, G. Pavesi and L. Farina, SWIM: a computational tool to unveiling crucial nodes in complex biological networks, *Scientific Reports – Nature* 7:44797 (2017)

Altri argomenti

[JP56] Modonesi C, Farina L, Licata I, Germano R, Zbilut JP, Giuliani A., A contemporary pathology of science, *Ann Ist Super Sanita.* 44(3):211-3 (2008)

[JP57] F. Guarascio, L. Farina, Topological analysis of migration flows (the case of political refugees), *Int. J. of Computational Economics and Econometrics* 7(4) (2017)

Articoli a conferenze

[CP1] L. Farina, On the existence of a positive realization, International Symposium MTNS 96, Washington University, St. Louis, MO, 1996

[CP2] L. Farina, Finite-time reachability for a class of input-constrained linear systems, Proceedings of the 35-th Conference on Decision and Control, Kobe, Japan (1996) 3078-3079

[CP3] L. Benvenuti, P. Di Giamberardino and L. Farina, Trajectory tracking for a PVTOL aircraft: a comparative analysis, Proceedings of the 35-th Conference on Decision and Control, Kobe, Japan (1996) 1563-1568

[CP4] L. Farina, Is a system representable as a compartmental system?, European Control Conference

ECC97, Bruxelles, 1997[39] L. Benvenuti, L. Farina, B.D.O. Anderson and F. De Bruyne, Minimal discrete-time positive realizations of transfer functions with positive real poles, International Symposium MTNS 98, Padova, I, 1998

[CP5] L. Farina and M.E. Valcher, An algebraic approach to the construction of polyhedral invariant cones, International Symposium MTNS 98, Padova, I, 1998

[CP6] L. Benvenuti and L. Farina, Invariance and feedback control with state and input constraints, 6-th IEEE Mediterranean Conference on Control and Systems, Alghero, I, 1998

[CP7] L. Benvenuti and L. Farina, The design of fiber-optic filters, 8th International Conference on Advances in Communications and Control, Crete, Greece, 2001

[CP8] L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina, Identification of positive linear systems, 8th International Conference on Advances in Communications and Control, Crete, Greece, 2001.

[CP9] M.E. Valcher and L. Farina, On the construction of matrix invariants with applications, 1st IFAC Symposium on System Structure and Control: workshop on max-plus algebra, Prague, Czech Republic, 2001

[CP10] L. Benvenuti and L. Farina, Minimality of positive systems, recent results and open problems, 1st IFAC Symposium on System Structure and Control: workshop on max-plus algebra, Prague, Czech Republic, 2001

[CP11] L. Farina and P. Ruisi, Positivity of multi-exponential models, 15th World Congress IFAC, Barcelona, Spain, July 21-26 (2002)

[CP12] L. Farina, Positive systems in the state space approach: main issues and recent results, International Symposium on Mathematical Theory of Networks and Systems, MTNS 2002, Notre Dame IN, USA, 2002

[CP13] L. Benvenuti and L. Farina, How many compartments do we really need?, 2002 American Control Conference, Anchorage, Alaska, 2002.

[CP14] L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina, Embedding a-priori positivity in system's modelling, 2002 American Control Conference, Anchorage, Alaska, 2002.

[CP15] L. Farina, The positive side of filters, Hamilton Institute Workshop on Nonnegative Matrices: Theory and Applications July 11th-14th 2004, Dublin

[CP16] L. Benvenuti and L. Farina, The geometry of the reachability cone for discrete-time systems. International Symposium on Mathematical Theory of Networks and Systems. Katholieke Universiteit Leuven, Belgium, 2004

[CP17] L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina, Positive Filters with Charge Routing Networks for Image Processing. International Symposium on Mathematical Theory of Networks and Systems. Katholieke Universiteit Leuven, Belgium, 2004

[CP18] C. De Persis and L. Farina, Long--run tolerance of metabolic networks to transient random faults, International Symposium on Mathematical Theory of Networks and Systems. Katholieke Universiteit Leuven,

Belgium, 2004

[CP19] I. Mogno, L. Farina and T. Gardner, A fast reconstruction algorithm for gene networks, Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) / European Conference on Computational Biology (ECCB), Glasgow, July 31 - August 4, 2004

[CP20] L. Farina, Biochemical networks regulation as interconnection, BCB 2004, Second Bertinoro Computational Biology Meeting, June 12 - 19, 2004

[CP21] L. Farina, Tolerance and failure propagation analysis of metabolic networks, Workshop on "Complexity and Modeling of Biological Networks", German Research Center for Biotechnology, Braunschweig, Germany, October 15-16, 2004

[CP22] M.C. Palumbo, A. Colosimo, A. Giuliani and L. Farina, Inferring the essentiality of different mutations of *Saccharomyces Cerevisiae* from the position of the corresponding enzymes in the metabolic network, Workshop on Complexity in the Living, CISB - University of Rome "La Sapienza", September 28 - 30, 2004

[CP23] M.C. Palumbo, A. Colosimo, A. Giuliani and L. Farina, Spotting topological and functional criticalities in metabolic networks, International Workshop on Systems Biology, Milano, May 12-13, 2005

[CP24] M.C. Palumbo, L. Farina, A. Giuliani and A. Colosimo, Coupled functional criticalities in metabolic networks, First Maga Circe Conference on Metabolic Systems Analysis, Sabaudia, Italy, March 26-29, 2006

[CP25] M.C. Palumbo, L. Farina, A. Giuliani and A. Colosimo, 'Linking' network topology to gene lethality: enzyme inhibition and mutants, StatPhys23: Complex Networks: from Biology to Information Technology, Pula, Italy, July 2-6, 2007

[CP26] L. Farina, Modelli dinamici e regolazione della stabilità dei messaggeri, SIDRA 2007, Genova, 10-12

Settembre 2007 [CP28] L. Farina, Leads and lags: gene relationships beyond co-expression, BiCi workshop on Biological Networks: Modeling, Analysis and Integration September 16 – 20, 2008, Bertinoro, Italy

[CP27] L. Farina, L. Grippo, S. Lucidi and G. Paziienza, Radial basis functions for the identification of cell cycle regulated genes in human cancer cells, Mini EURO Conference on Computational Biology, Bioinformatics and Medicine, Rome, Italy, September 15-17 2008

[CP28] Lorenzo Farina, Alfredo Germani, Gabriella Mavelli and Pasquale Palumbo, Prediction of gene regulatory network motifs using the expression time course of targets genes, Mini EURO Conference on Computational Biology, Bioinformatics and Medicine, Rome, Italy, September 15-17, 2008

[CP29] P. Palumbo, G. Mavelli, L. Farina and L. Alberghina, The "circuit" metaphor in molecular systems biology, SysBioHealth Symposium, Milan, Italy, November 25-27, 2009

[CP30] A. Verrienti¹, P. Paci, R. Falcone, F. Conte, M. Sponziello, G. Fiscon, V. Pecce, F. Rosignolo, G. Grani, L. Lamartina, V. Ramundo, C. Durante, L. Farina, S. Filetti. Network analysis of expression profiling data in papillary thyroid cancer, *American Thyroid Association Conference*, Washington DC, October 3-7, 2018

[CP31] R. Falcone, P. Paci, A. Verrienti, G. Fiscon, M. Sponziello, F. Conte, V. Pecce, F. Rosignolo, G. Grani, L. Lamartina, V. Ramundo, C. Durante, L. Farina, S. Filetti, Prediction of response to vemurafenib in BRAF V600E mutant cancers based on a network approach, *European Society for Medical Oncology Congress*, Munich (Germany), October 19-23, 2018

Lezioni e presentazioni invitate

- Living in an avalanche of data but in a desert of analysis: the role of heuristics and cognitive metaphors in systems biology", 3rd SysBio Centre of Systems Biology School, Roma, May, 9-11 (2018)
- Le euristiche e le metafore cognitive della bioinformatica, Accademia Nazionale dei Lincei, Palazzina dell'auditorio. Roma, 31 Maggio 2017
- Identificazione genome-wide in vivo della stabilità dei trascritti da serie temporali di espressione. EPIGEN - Progetto Bandiera Epigenomica (CNR), Mondello 9-12 Settembre 2014
- "Reti biologiche complesse" Scuola Superiore di Studi Avanzati Sapienza, 26 Novembre 2014
- "Le sfide modellistiche dell'era post-genomica" Scuola Superiore di Studi Avanzati Sapienza, 15 Aprile 2013

- Modelli biologici e modelli matematici, Ing Seminar, Scienza e tecnologia del XXI secolo, Campus Biomedico – Centro Convegni Casalmentano, Roma, 10-13 Ottobre 2013
- "What we talk about when we talk about feedback" Workshop on Embodied Intelligence: an epistemological outline, IEEE International Conference on Biomedical Robotics and Mechatronics, June 24-27, Rome, 2012
- "Identificazione in-vivo delle stabilità dei trascritti a partire da serie temporali di espressione genica", Università degli studi di Verona, Facoltà di Scienze, Maggio 2011
- "Dynamics of gene expression in post-transcriptional regulation", Yeast Model Convention, September 22-25 2010, Rome
- "Gli appoggi sistemistici alla biologia molecolare", Università degli studi di Verona, Facoltà di Scienze, Giugno 2010
- "Links, flows and perturbations: systemic responses of biological networks", convegno Network pharmacology, Fondazione Sigma-tau e Istituto Superiore di Sanità, Novembre 2009, Roma e Scuola Superiore di Catania, Laboratorio di Ricerca sui Sistemi Complessi, Catania 4 Ottobre 2010
- "Behavioral dynamic modeling of fast responses: the E. coli SOS system as a case study" Center for Biological Systems Analysis, February 4, 2009, Freiburg (Germany)
- Leads and lags: gene relationships beyond co-expression, BiCi Workshop on Biological Networks: modeling, analysis and integration, 16-20 September, Bertinoro, 2008
- Regolazione genica e dinamica dei profili temporali di espressione genica, CNR, Scienze della Vita, 18 Dicembre 2008, Roma
- "Gene network inference from gene expression time series", Dottorato in Biofisica, Università di Roma "La Sapienza", 21 Marzo 2007
- "The systems biology approach to molecular biology", Dipartimento di Informatica e Automazione, Università Roma Tre, October 3, 2007
- Convegno SIDRA (Società Italiana Docenti e Ricercatori in Automatica), "Modelli dinamici e regolazione della stabilità dei messaggeri", 2007
- "Knowledge engineering for systems biology", Rome Oncogenomic Center, December 18, 2007
- "Inferring gene networks from gene expression time series", International School for Advanced Studies (SISSA), March 29, 2006, Trieste, Italy
- L'approccio "systems biology" alla biologia molecolare, Università de L'Aquila, 2006
- X Scuola Nazionale CIRA di dottorato, I sistemi positivi, Bertinoro, 10-12 Luglio 2006
- "Computational challenges in the post-genomic era", Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione, Università di Padova, 2005
- "Le sfide modellistiche e computazionali dell'era post-genomica" Dipartimento di Informatica e Sistemistica, Sapienza, Roma, 2005
- Gene regulation, a dynamic perspective, Systems Biology: state of art, Aula di Genetica, Sapienza Università di Roma, 24 Ottobre 2005
- Tolerance and failure propagation analysis of metabolic networks, International Workshop on Complexity and modeling of biological networks, German Research Center for Biotechnology (GBF) – Bioforum – Braunschweig, Germany September 15-16, 2004
- Regulation of biochemical networks as interconnections: the behavioral approach, BCB 2004, Second Bertinoro Computational Biological Meeting, 12-19 June, 2004
- Structure and dynamics of the regulation systems in the post-genomic research, Dipartimento di Genetica e Biologia Molecolare, Università di Roma "La Sapienza", 5 Aprile 2004, Dottorato in Biofisica, Università di Roma "La Sapienza", 31 Maggio 2004, e corso di specializzazione in Biotecnologie Molecolari, Dipartimento di Genetica e Biologia Molecolare, Università di Roma "La Sapienza"
- "Dynamic models of gene-to-gene interaction", Dottorato in Biofisica, Università di Roma "La Sapienza", 19 Maggio 2004

- Tolerance and failure propagation analysis of metabolic networks, Workshop on “Complexity and Modeling of Biological Networks”, German Research Center for Biotechnology, Braunschweig, Germany, October 4-6-8, 2004
- “The positive side of filters”, Hamilton Institute Workshop on Nonnegative Matrices: Theory and Applications July 11th-14th 2004, Dublin
- Course on Positive linear systems, Graduate School in Systems and Control 2004 - 2005, Katholieke Universiteit Leuven, Belgium
- The design of fiber optic filters, Optical Systems Research Department, AT&T Labs – Research, Middletown, NJ, USA, August 6, 2002
- Positive systems and the multidisciplinary flavour of systems theory, Department of Electrical Engineering, Yale University, USA, August 9, 2002