

INFORMAZIONI PERSONALI

Tommaso Mazza

E-MAIL

POSIZIONE RICOPERTA

Bioinformatics unit head at IRCCS Casa Sollievo della Sofferenza, Italy.

ESPERIENZA
PROFESSIONALE

[Inserire separatamente le esperienze professionali svolte iniziando dalla più recente.]

- 2022 Docente del "Corso di Alta Formazione in Bioinformatica" (Genomics module)
Università Sapienza, Roma
- 2019-2020 Professore a contratto del corso "Computational Systems Biology"
Università di Torvergata, Roma
- 2015-2016 Professore a contratto del corso "Biomedical informatics"
Università RomaTre, Roma
- 2010-2011 Tutor per il corso "Systems Biology" (mod I e II)
Università di Trento, Trento
- 2010-2011 Post-Doc researcher
Laboratory of Translational Genomics at CIBIO (Trento)
- 2009 Tutor per il corso "Algorithms and data structures"
Università di Trento, Trento
- 2008-2010 Post-Doc researcher
University of Trento – Microsoft Research Centre for Computational and Systems Biology

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 2004-2008 Ph.D. in Computer Science and Biomedical Engineering
University "Magna Græcia" of Catanzaro
- 1997-2003 Master Degree in Computer Science Engineering
University of Calabria (UNICAL), Rende

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

Inglese

COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
C1	C1	C1	C1	C1
Avanzato	Avanzato	Avanzato	Avanzato	Avanzato
Thames Valley Cultural Centre, Sevenoaks (London) - grade 1 (Excellent)				

Livelli: A1/A2: Utente base - B1/B2: Utente intermedio - C1/C2: Utente avanzato
Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue

Competenze digitali

AUTOVALUTAZIONE				
Elaborazione delle informazioni	Comunicazione	Creazione di Contenuti	Sicurezza	Risoluzione di problemi
Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato	Utente avanzato

Livelli: Utente base - Utente intermedio - Utente avanzato
Competenze digitali - Scheda per l'autovalutazione

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni
Progetti

Pubblicazioni disponibili al link: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/myncbi/tommaso.mazza.2/bibliography/public/>
MitImpact is a collection of pre-computed pathogenicity predictions for all nucleotide changes that cause non-synonymous substitutions in human mitochondrial protein coding genes. MitImpact is

Progetti available at: <http://mitimpact.css-mendel.it/>
Pyntacle is a Python package and a command-line tool that eases the analysis of graphs. Its main goal is the search for important components of graphs and the way it does it is based on topological indices which are tailored on the concepts of reachability, fragmentation and centrality. It implements and provides ancillary methods for community finding, set operations between graphs and quick data type conversion tools. Pyntacle relies on multi-core/process programming paradigms to speedup the execution of complex analysis routines. In the current release, Pyntacle enables GPU-computing experimentally via APIs. <https://pyntacle.css-mendel.it/>

Dati personali Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali".

Il sottoscritto dichiara di essere consapevole che il presente *curriculum vitae* sarà pubblicato sul sito istituzionale dell'Ateneo, nella Sezione "Amministrazione trasparente", nelle modalità e per la durata prevista dal d.lgs. n. 33/2013, art. 15.

Data
24/02/2023

f.to