

Presentazione

Bioinformatica con formazione interdisciplinare in biotecnologie ed informatica, specializzata nell'analisi ed integrazione di dati multi-omici e clinici per lo sviluppo di modelli predittivi in ambito biomedico e oncologico. Nel 2016 ho conseguito la laurea magistrale in Biotecnologie Molecolari e Bioinformatica e nel 2024 il Dottorato di ricerca in Informatica, entrambi presso l'Università degli Studi di Milano.

Ho maturato esperienza in progetti accademici e ospedalieri affrontando diversi temi di ricerca tra cui:

- Metodi di integrazione di dati multi-omici e metodi predittivi basati su reti di similarità tra pazienti a supporto della medicina di precisione.
- Metodi di Machine Learning per l'integrazione, classificazione e visualizzazione di reti bio-molecolari.
- Predizione di mutazioni ed attività delle regioni non-codificanti nel genoma umano.
- Analisi bioinformatiche di dati di sequenziamento e clinici.

Profili scientifici:

ORCID ID: 0000-0001-7629-8112 [<https://orcid.org/0000-0001-7629-8112>]

SCOPUS ID: 57204172389 [<https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57204172389>]

ResearcherID (WoS): KQU-5176-2024 [<https://www.webofscience.com/wos/author/record/KQU-5176-2024>]

GOOGLE SCHOLAR: [<https://scholar.google.com/citations?user=btVEevkAAAAJ&hl=it>]

Esperienza lavorativa

Collaborazione occasionale | Unità di Immunologia Traslazionale, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori | 21/11/2025 - Attuale | Milano, Italia

- Analisi bioinformatica di integrazione di dati multi-omici in ambito immuno-oncologico sul progetto "Transcriptional Profiling of Blood Immune Cells in Patients Undergoing Dietary Intervention".
- Sviluppo di un metodo di intelligenza artificiale per l'individuazione automatica di cellule dell'infiltrato immunitario in immagini istopatologiche di carcinoma epatocellulare colorate con ematossilina-eosina.

Frequentatore volontario | Unità di Immunologia Traslazionale, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori | 22/09/2025 - 20/11/2025 | Milano, Italia

- Approfondimento di analisi bioinformatica di dati multi-omici in ambito immuno-oncologico.
- Sviluppo di un metodo di intelligenza artificiale per l'individuazione automatica di cellule dell'infiltrato immunitario in immagini istopatologiche di carcinoma epatocellulare colorate con ematossilina-eosina.

Assegnista di ricerca di tipo B | Dipartimento di Informatica "Giovanni Degli Antoni", Università degli Studi di Milano | 01/09/2024 - 31/08/2025 | Milano, Italia

Assegnista di ricerca sul progetto "Metodi di Intelligenza Artificiale basati su grafi per la Medicina di Precisione" finanziato tramite i fondi "AIDH - Adaptive AI methods for Digital Health PE0000013 - bando a cascata PNRR FAIR - Spoke 4".

Ho sviluppato e applicato metodi di apprendimento automatico per l'integrazione e l'analisi di dati biologici eterogenei – genomici, epigenomici, trascrittomici, proteomici e clinici – a supporto della medicina di precisione, con l'obiettivo di migliorare prevenzione, diagnosi, prognosi e trattamento delle patologie. Il fulcro del lavoro è la costruzione e l'utilizzo di Reti di Similarità tra Pazienti (RSP), che permettono di gestire dati multimodali ad alta dimensionalità e di ottenere risultati allo stato dell'arte nella sottotipizzazione dei pazienti e predizione degli esiti clinici.

In questo contesto, le attività di ricerca comprendono:

1) Stesura e risposta ai revisori per l'articolo su miss-SNF (DOI: 10.1093/bioinformatics/btaf150), un nuovo approccio di fusione dei dati basato su RSP indipendente dalla natura del problema (ossia supervisionato/non supervisionato) che può integrare dati multimodali dove una o più modalità sono completamente mancanti per un sottoinsieme di pazienti, un problema molto comune in biomedicina. miss-SNF sfrutta una strategia di apprendimento non lineare di message-passing per integrare insiemi di dati incompleti e ricostruisce parzialmente le similarità mancanti sfruttando i vicini dei pazienti. La RSP integrata calcolata può essere utilizzata per eseguire analisi non supervisionate e (semi-)supervisionate.

2) L'integrazione di metodi di fusione basati su RSP (ossia SNF e NEMO), nonché di tecniche di clustering, validazione, analisi e visualizzazione dei cluster individuati in BiomiX, uno strumento bioinformatico allo stato dell'arte che rende accessibili i metodi di analisi multi-omica anche a ricercatori non esperti in questo settore. Questo lavoro si svolge all'interno del "BiomiX consortium", comprendente vari gruppi di ricerca (LBAI - B Lymphocytes, Autoimmunity and Immunotherapies - Inserm U1227 - Université de Bretagne Occidentale, Università di Granada, Universidad CEU San Pablo, UMR1078 GGB - Université de Bretagne Occidentale, Università di Zurigo).

3) La collaborazione con il gruppo di Oncologia Molecolare dell'Universidad Francisco de Vitoria di Madrid per analizzare dati multi-omici di tumore pancreatico al fine di individuare sottotipi molecolari e signature prognostiche, sfruttando sia metodi di integrazione basati su RSP, come miss-SNF e NEMO, ma anche metodi basati su fattorizzazione di matrici, come MOFA e intNMF.

4) La co-supervisione di due tesi magistrali relative all'applicazione di metodi di integrazione multimodali basati su RSP e Graph Neural Networks. Il primo progetto riguarda lo sviluppo di un nuovo approccio che sfrutta Similarity Network Fusion per l'integrazione di RSP unimodali e GraphSAGE per la successiva classificazione di sottotipi molecolari, verificando se e quanto le informazioni cliniche possano essere sfruttate come caratteristiche dei nodi per migliorare le prestazioni del modello. Il secondo progetto ha lo scopo di indagare la presenza e l'impatto di un bias di selezione in MOGDx, un metodo per l'integrazione e successiva classificazione di dati multi-omici basato su Graph Convolutional Networks.

Assegnista di ricerca di tipo B | Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano | 01/02/2024 - 31/08/2024 | Milano, Italia

Assegnista di ricerca sul progetto "Metodi di Machine Learning per l'analisi di grafi con applicazioni in Medicina e Farmacologia - Spoke 7 (Biocomputing) - Sviluppo di terapia genica e farmaci con tecnologia a RNA CN3: National Center for Gene Therapy and Drugs based on RNA Technology - PNRR".

L'attività di ricerca si è concentrata sullo sviluppo ed applicazione di metodi di integrazione multimodale basati su Reti di Similarità tra Pazienti (RSP) a supporto della medicina di precisione, con l'obiettivo di migliorare la prevenzione, diagnosi, prognosi e trattamento delle patologie.

In questo contesto, le principali attività di ricerca comprendono:

1) Finalizzazione della validazione sperimentale e stesura dell'articolo che presenta l'algoritmo di integrazione multimodale miss-SNF (attualmente pubblicato sulla rivista Bioinformatics - DOI: 10.1093/bioinformatics/btaf150). miss-SNF è un nuovo approccio di fusione dei dati basato su RSP indipendente dalla natura del problema (ossia supervisionato/non supervisionato) che può integrare dati multimodali dove una o più modalità sono completamente mancanti per un sottoinsieme di pazienti, un problema molto comune in biomedicina. miss-SNF sfrutta una strategia di apprendimento non lineare di message-passing per integrare insiemi di dati incompleti e ricostruisce parzialmente le similarità mancanti sfruttando i vicini dei pazienti. La RSP integrata può essere utilizzata per eseguire analisi non supervisionate e (semi-)supervisionate.

2) Analisi non-supervisionata di dati multi-modali (dati di laboratorio, mutazioni genetiche, marcatori citometrici, espressione dei trascritti di fusione, dati longitudinali) da Leucemia Mieloide Acuta per l'identificazione di sottogruppi di pazienti clinicamente rilevanti. L'analisi ha sfruttato metodi basati su RSP per l'integrazione, spectral clustering e metodi a valle per la validazione dei cluster (cioè analisi di sopravvivenza e arricchimento delle variabili cliniche).

Dottorando in Informatica | Università degli Studi di Milano; Joint Research Centre (JRC), DG Commissione Europea | 01/11/2020 - 31/01/2024 | Italia

Dottorato nell'ambito del programma Collaborative Doctoral Partnership tra Università degli Studi di Milano e Joint Research Centre (JRC), Direzione Generale della Commissione Europea (sede di Ispra, VA).

Il dottorato si è concluso il 17/04/2024 con la dissertazione della tesi "Patient similarity networks-based methods for multimodal data integration and clinical outcome prediction" (giudizio cum laude), riguardante:

1) Un' innovativa revisione della letteratura relativa agli approcci di integrazione multimodale per la costruzione di reti di similarità tra pazienti (RSP).

2) Lo sviluppo di una pipeline per la fusione di dati multimodali che sfrutta l'analisi a blocchi per ridurre adattativamente la dimensionalità dei dati tramite il calcolo della dimensionalità intrinseca.

3) Lo sviluppo di miss-SNF, un metodo per l'integrazione di dati multimodali aventi pazienti con modalità completamente mancanti. Tale approccio integra in modo non lineare RSP unimodali, può ricostruire similarità mancanti all'interno della rete integrata e tale rete può essere sfruttata per predizioni (semi) supervisionate e non-supervisionate.

Principali pubblicazioni risultanti dalle attività di ricerca condotte nel corso del dottorato:

- Briefings in Bioinformatics (2022), DOI: 10.1093/bib/bbac207
- Artificial Intelligence in Medicine (2025), DOI: 10.1016/j.artmed.2024.103049
- Bioinformatics (2025), DOI: 10.1093/bioinformatics/btaf150

La tesi è disponibile al link <https://hdl.handle.net/20.500.14242/85308>

Ricercatore (contratto Co.Co.Co.) | Unità di Neuroradiologia, IRCCS Ospedale San Raffaele | 01/02/2020 - 31/10/2020
| Milano, Italia

Ricercatore sul progetto "BIANCA IDEA - Biomarker Imaging and New Challenging Approaches to assess white matter disorders in developmental age".

Applicazione di metodi statistici per decomporre il segnale multi-esponenziale T2 proveniente da immagini di risonanza magnetica del cervello, allo scopo di ottenere delle mappe di frazione di acqua della mielina e studiare lo sviluppo della sostanza bianca in soggetti pediatrici sani ed affetti da leucodistrofia metacromatica.

Il risultato principale è stata l'implementazione di una pipeline software per:

- 1) Calcolo delle mappe di frazione della mielina
- 2) Segmentazione automatica del cervello tramite convolutional neural network U-Net
- 3) Co-registrazione all'atlante Myelin Water Atlas
- 4) Calcolo di statistiche nelle regioni di interesse del cervello

Borsista di ricerca | U.O.C. Dermatologia, FONDAZIONE IRCCS CA' GRANDA - Ospedale Maggiore Policlinico | 01/03/2017 - 31/01/2020 | Milano, Italia

Analisi bioinformatiche di dati genomici e trascrittomici ottenuti tramite tecnologia di Next Generation Sequencing (piattaforma Illumina), con l'obiettivo di identificare marcatori diagnostici, prognostici e terapeutici in pazienti affetti da neoplasia a cellule dendritiche plasmacitoidi blastiche e da linfoma cutaneo primitivo a cellule T epidermotropo aggressivo. Il progetto ha richiesto la creazione di pipelines ad-hoc per l'analisi di dati di RNA-sequencing e DNA-sequencing, comprendenti i seguenti passaggi principali.

Analisi di dati di RNA-Sequencing:

- Creazione ed esecuzione di una pipeline per l'analisi a partire dai dati grezzi (dati FASTQ), al fine di ottenere geni differenzialmente espressi tra campioni normali e tumorali (controllo di qualità, fasi di pre-processing come il trimming di qualità e degli adattatori, allineamento splice-aware al genoma umano, generazione delle counts, analisi dell'espressione differenziale)
- Esecuzione di ulteriori analisi a valle (analisi dell'arricchimento per termini di Gene Ontology, analisi dell'arricchimento dei pathways)
- Visualizzazione dei risultati (ad es. tramite Integrative Genomics Viewer, Volcano plots, heatmap con clustering gerarchico)
- Interpretazione dei risultati
- Redazione dei risultati in report tecnici

Analisi di dati di DNA-Sequencing:

- Creazione ed esecuzione di una pipeline per l'analisi a partire dai dati grezzi (dati FASTQ) al fine di ottenere mutazioni (cioè SNP, indel, traslocazioni) tra campioni normali e tumorali (controllo di qualità, fasi di pre-processing come il trimming di qualità e degli adattatori, allineamento al genoma umano, chiamata delle varianti, chiamata delle varianti strutturali, annotazione delle varianti)
- Visualizzazione dei risultati (ad es. tramite Integrative Genomics Viewer, grafici circos)

- Interpretazione dei risultati
- Redazione dei risultati in report tecnici

Borse di studio vinte presso U.O.C. Dermatologia, FONDAZIONE IRCCS CA' GRANDA - Ospedale Maggiore Policlinico:

- 01/03/2017 - 28/02/2018: progetto "Analisi genomica alla definizione di una terapia molecolare personalizzata dei linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia" (Atti 531/2017 - All. 5 - CONVENZIONE LUMC / EB / Tema n. 1).
- 01/04/2018 - 31/03/2019: progetto "Analisi genomica finalizzata alla definizione di una terapia molecolare personalizzata dei linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia" (Atti 936/2018 - All. 4 - FINANZIAMENTO PRIVATO / EB / Tema n. 1).
- 01/05/2019 - 31/12/2019: progetto "Studio genomico mediante Next Generation Sequencing (NGS) delle patologie proliferative emopoietiche primitive della cute" (Atti 2089/2019 - All. 4 - R.C. 2019 / Tema n. 27).
- 01/01/2020 - 31/01/2020: progetto "Studio genomico mediante Next Generation Sequencing (NGS) delle patologie proliferative emopoietiche primitive della cute" (Atti 1622/2019 - All. 16 - R.C. 2020 / Tema n. 51).

Ricercatore invitato

Ricercatore invitato presso KIRCHER LAB - Computational Genome Biology Group, Berlin Institute of Health, Charité, Berlin, Germany.

16-30 Ottobre 2018 / 15-30 Novembre 2019: Ricercatore invitato presso KIRCHER LAB - Computational Genome Biology Group, Berlin Institute of Health, Charité, Berlin, Germany. Sito web del laboratorio: <https://kircherlab.github.io/>.

Attività di ricerca sul progetto "Developing machine learning methods for the prioritization of regulatory variants in human disease" finanziata dal "MIUR-DAAD Joint Mobility Program" per creare collaborazioni tra gruppi di ricerca italiani e tedeschi.

Ricercatore invitato presso PaccanaroLab, Centre for Systems Biology, Department of Computer Science – Royal Holloway, University of London. | 01/03/2016 - 30/06/2016

Ricercatore invitato presso PaccanaroLab, Centre for Systems Biology, Department of Computer Science – Royal Holloway, University of London, Egham, TW20 0EX UK.

Collaborazione con PaccanaroLab (<https://paccanarolab.org/>) per condurre parte della mia tesi magistrale all'estero, sovvenzionata dall'Università degli Studi di Milano.

Progetti

Coordinatore del progetto "IntPartPSN: Multi-modal data INTEgration of PARTial Patient Similarity Networks for precision medicine tasks" (Periodo: 01/07/2024 - 30/06/2025)

Coordinatore (Principal Investigator) del progetto "IntPartPSN" finanziato su base competitiva tramite 25000 ore di calcolo sul HPC INDACO (Bando Estivo INDACO 2024) dell'Università degli Studi di Milano. Queste ore di calcolo hanno permesso di portare alla pubblicazione del metodo miss-SNF (DOI: 10.1093/bioinformatics/btaf150). Inoltre, il loro impiego ha permesso di indagare la presenza di un bias di selezione in MOGDx, un metodo per l'integrazione di dati multi-omici basato su Graph Neural Networks.

Analisi genomica dei linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia (Periodo: 01/03/2017 - 31/01/2020)

Lavoro presso l'U.O.C. Dermatologia, FONDAZIONE IRCCS CA' GRANDA - Ospedale Maggiore Policlinico riguardante l'analisi bioinformatica di dati genomici e di espressione del RNA provenienti da Next Generation Sequencing (NGS) piattaforma Illumina, con lo scopo di individuare marcatori diagnostici/prognostici/terapeutici in pazienti con linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia.

Developing machine learning methods for the prioritization of regulatory variants in human diseases (Periodo: 2018 - 2020)

Partecipazione al progetto "Developing machine learning methods for the prioritization of regulatory variants in human diseases" in collaborazione con Università degli Studi di Milano e Berlin Institute of Health (BIH) per lo sviluppo di metodi di apprendimento automatico per analizzare sistematicamente l'impatto delle varianti genetiche che ricadono nelle regioni regolatorie del genoma umano, predicendo il loro effetto patologico. Il progetto è stato finanziato dal DAAD tedesco e dal MIUR tramite il "MIUR-DAAD Joint Mobility Program".

Biomarker Imaging and New Challenging Approaches to assess white matter disorders in developmental age (Periodo: 01/02/2020 - 31/10/2020)

Lavoro presso l'Unità di Neuroradiologia, IRCCS Ospedale San Raffaele, Milano al progetto "Biomarker Imaging and New Challenging Approaches to assess white matter disorders in developmental age". Il progetto prevede l'applicazione di metodi statistici per decomporre il segnale multi-esponenziale T2 proveniente da immagini di risonanza magnetica del cervello, allo scopo di ottenere delle mappe di frazione di acqua della mielina e studiare lo sviluppo della sostanza bianca in soggetti pediatrici sani ed affetti da leucodistrofia metacromatica.

Multicriteria Data Structures and Algorithms: from compressed to learned indexes, and beyond (Periodo: 2020 - 2021)

Collaborazione al progetto "Multicriteria Data Structures and Algorithms: from compressed to learned indexes, and beyond" (PRIN no. 2017WR7SHH) con il quale è stato finanziato il mio primo anno di PhD. In questo contesto, ho sviluppato un caso di studio che mostra come l'applicazione di metodi di compressione su reti neurali pre-addestrate per eseguire la conta cellulare in patologia digitale sia un approccio efficace per ridurre il loro consumo di risorse computazionali (cioè spazio su disco e memoria) e di energia, preservandone o anche migliorandone l'accuratezza. I modelli compatti ottenuti possono essere usati su dispositivi aventi risorse limitate (per esempio smartphones, tablets, computer datati).

AI-driven data analysis and integration for bio-medical applications (Periodo: 2021 - 2022)

Collaborazione al progetto "AI-driven data analysis and integration for bio-medical applications" finanziato dal Piano di Sostegno alla Ricerca (PSR2021, PSR2022) dove ho contribuito con lo sviluppo di (I) un metodo di integrazione di dati multimodali basato su reti di similarità tra pazienti per la fusione di diverse fonti di dati genomiche ad alta dimensionalità che presentano pazienti completamente mancanti, (II) un metodo multi-modale semi-supervisionato basato su reti di similarità tra pazienti che permette di integrare diverse sorgenti di dati (per esempio espressione genica, metilazione, dati clinici) per la predizione di esiti clinici.

MULTI-modal Data IntegratiON: dEvelopment and validation (MULTIONE) (Periodo: 2023)

Collaborazione al progetto "MULTI-modal Data IntegratiON: dEvelopment and validation (MULTIONE)" finanziato tramite ore di calcolo sul HPC CINECA. Ho contribuito tramite lo studio di tecniche di riduzione della dimensionalità guidate dalla dimensionalità intrinseca per l'integrazione di dati multi-modal.

Multi-OneT: MULTI-modal Data IntegratiON for Explainable and Translational results (Periodo: 2023 - 2024)

Collaborazione al progetto "Multi-OneT: MULTI-modal Data IntegratiON for Explainable and Translational results" finanziato tramite ore di calcolo sul HPC INDACO dell'Università degli Studi di Milano. Ho contribuito a questo progetto tramite (I) lo studio di tecniche per l'integrazione di dati multi-modal attraverso reti di similarità tra pazienti, (II) lo sviluppo di un metodo di fusione di dati multi-modal basato su reti di similarità tra pazienti capace di integrare datasets le cui viste presentano pazienti completamente mancanti.

Sistema integrato di Ateneo per lo studio, il monitoraggio e il controllo delle infezioni, delle emergenze epidemiche e della resistenza ai farmaci antimicrobici (IDEA) (Periodo: 2022 - 2024)

Collaborazione con il Dipartimento di Scienze Biomediche e Cliniche, Università degli Studi di Milano nell'ambito del progetto "Sistema integrato di Ateneo per lo studio, il monitoraggio e il controllo delle infezioni, delle emergenze epidemiche e della resistenza ai farmaci antimicrobici (IDEA)" finanziato attraverso le Grandi Sfide di Ateneo dell'Università degli Studi di Milano. Ho contribuito all'individuazione di pipeline automatiche per l'analisi di dati di sequenziamento di genomi virali SARS-CoV-2, allo scopo di monitorare e caratterizzare i lineages virali tramite l'identificazione di mutazioni di interesse biologico e per la salute pubblica.

Metodi di Machine Learning per l'analisi di grafi con applicazioni in Medicina e Farmacologia (Periodo: 01/02/2024 - 31/08/2024)

Collaborazione (come Assegnista di ricerca) al progetto "Metodi di Machine Learning per l'analisi di grafi con applicazioni in Medicina e Farmacologia – Spoke 7 – Biocomputing - PI Spoke: Prof. Giulio Pavesi e Prof. Giorgio Valentini - National Center for Gene Therapy and Drugs based on RNA Technology – PNRR" presso Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano, Milano, Italia.

Dettagli nella sezione "Esperienza lavorativa".

Metodi di Intelligenza Artificiale basati su grafi per la Medicina di Precisione (Periodo: 01/09/2024 - 31/08/2025)

Collaborazione (come Assegnista di ricerca) al progetto "Metodi di Intelligenza Artificiale basati su grafi per la Medicina di Precisione" finanziato tramite i fondi "AIDH – Adaptive AI methods for Digital Health PE0000013 - bando a cascata PNRR FAIR - Spoke 4 del Politecnico di Milano" presso Dipartimento di Informatica "Giovanni Degli Antoni", Università degli Studi di Milano, Milano, Italia.

Dettagli nella sezione "Esperienza lavorativa".

Istruzione e formazione

Dottorato di ricerca in Informatica | Università degli Studi di Milano. In collaborazione con Joint Research Centre, European Commission. | 01/11/2020 - 17/04/2024 | Milano, Italia

Voto finale: Giudizio cum laude (dissertazione 17/04/2024) | **Livello EQF 8** | **Tesi:** "Patient similarity networks-based methods for multimodal data integration and clinical outcome prediction"; Relatore: Prof. Giorgio Valentini, Correlatore: Prof. Elena Casiraghi e Dr. Alex Patak.

Laurea Magistrale in Biotecnologie Molecolari e Bioinformatica (Classe LM-8) | Università degli Studi di Milano | 12/03/2014 - 12/12/2016 | Milano, Italia

Parte della tesi è stata svolta presso PaccanaroLab, Centre for Systems Biology, Department of Computer Science – Royal Holloway, University of London (sovvenzionata tramite borsa di studio dall'Università degli Studi di Milano).

Questo lavoro è stato successivamente esteso e pubblicato sulla rivista Scientific Reports, Nature Portfolio journals (DOI: 10.1038/s41598-020-60235-8).

Voto finale: 110/110 e lode (discussione 12/12/2016) | **Livello EQF 7** | **Tesi:** "Network-based methods for outcome prediction in the "sample space""; Relatore: Prof. Giorgio Valentini, Correlatore: Prof. Alberto Paccanaro e Prof. Matteo Re.

Laurea Triennale in Biotecnologie Mediche (Classe L-2) | Università degli Studi di Milano | 16/09/2010 - 21/02/2014 | Milano, Italia

Voto finale: 104/110 (discussione 21/02/2014) | **Livello EQF 6** | **Tesi:** "Comparazione tra approccio biochimico e imaging con CCD camera per la valutazione dell'attività luciferasica in colture cellulari"; Relatore: Prof. Luisa Ottobrini.

Diploma di scuola secondaria di secondo grado indirizzo Liceo Scientifico Tecnologico | ITIS "Augusto Righi" | 12/09/2005 - 07/07/2010 | Corsico (MI), Italia

Voto finale: 100/100 | **Livello EQF 4**

Attività di formazione

Partecipazione alla scuola estiva "Jacob T. Schwartz International School for Scientific Research - Lipari School on Computational Life Sciences" intitolata "Artificial Intelligence in Biomedicine" (24-30 Luglio, 2022), Isola di Lipari, Italia. | 24/07/2022 - 30/07/2022

Partecipazione al corso "VIII Edition - NGS data analysis and applications in diagnostic (University of Pavia)", 16-19 Luglio 2018. | 16/07/2018 - 19/07/2018

Borse di studio

Vincitrice delle seguenti borse di studio

- 2020: Vincitrice di una borsa di dottorato sovvenzionata da Università degli Studi di Milano e Joint Research Centre (JRC-Ispira), Commissione Europea.
- 2020: Vincitrice della borsa di studio "Studio genomico mediante Next Generation Sequencing (NGS) delle patologie proliferative emopoietiche primitive della cute" (Atti 1622/2019 - All. 16 - R.C. 2020 / Tema n. 51) sovvenzionata da U.O.C. Dermatologia - Fondazione IRCCS Ca' Granda – Ospedale Maggiore Policlinico (Milano, Italia).
- 2019: Vincitrice della borsa di studio di 8 mesi sul progetto "Studio genomico mediante Next Generation Sequencing (NGS) delle patologie proliferative emopoietiche primitive della cute" (Atti 2089/2019 - All. 4 - R.C. 2019 / Tema n. 27) sovvenzionata da U.O.C. Dermatologia - Fondazione IRCCS Ca' Granda – Ospedale Maggiore Policlinico (Milano, Italia).
- 2018: Vincitrice della borsa di studio di 1 anno sul progetto "Analisi genomica finalizzata alla definizione di una terapia molecolare personalizzata dei linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia" (Atti 936/2018 - All. 4 - FINANZIAMENTO PRIVATO / EB / Tema n. 1) sovvenzionata da U.O.C. Dermatologia - Fondazione IRCCS Ca' Granda – Ospedale Maggiore Policlinico (Milano, Italia).
- 2017: Vincitrice della borsa di studio di 1 anno sul progetto "Analisi genomica alla definizione di una terapia

molecolare personalizzata dei linfomi T aggressivi refrattari alla chemioterapia” (Atti 531/2017 - All. 5 - CONVENZIONE LUMC / EB / Tema n. 1) sovvenzionata da U.O.C. Dermatologia - Fondazione IRCCS Ca' Granda – Ospedale Maggiore Policlinico (Milano, Italia).

- 2015: Vincitrice della borsa di studio “BANDO PER BORSE DI STUDIO ALL'ESTERO AI FINI DELLA PREDISPOSIZIONE DELLA TESI DI LAUREA MAGISTRALE ANNO ACCADEMICO 2015/2016 I EDIZIONE”, sovvenzionata dall' Università degli Studi di Milano per un importo di 3200 euro.

Competenze

Metodi e approcci | Integrazione di dati multi-omici | Algoritmi per l'integrazione di dati multi-omici (per es. MOFA, NEMO, SNF, miss-SNF) | Analisi di grafi (reti di similarità tra pazienti e bio-molecolari) | Apprendimento automatico supervisionato (classificazione, regressione) | Apprendimento automatico non supervisionato (clustering) | Applicazione di metodi di deep learning per dati biologici | Selezione delle features e riduzione della dimensionalità | Analisi di dati di trascrittomici | Analisi di whole-genome sequencing data | Preprocessing ed analisi esplorativa dei dati | Visualizzazione dei dati

Strumenti e linguaggi | R (avanzato) | Ecosistema R per analisi multi-omiche e statistica avanzata (Bioconductor e CRAN) | Python (base) | ambienti conda | Git e Github | uso di HPC (workload manager slurm) | Database biologici: TCGA | Linux/bash (uso del terminale)

Competenze trasversali | Pianificazione di esperimenti computazionali e validazione dei risultati | Scrittura di report | Scrittura di articoli | Comunicazione scientifica in lezioni, conferenze, seminari accademici | Co-supervisione di tesi magistrali e triennali | Collaborazione con gruppi di ricerca interdisciplinari ed internazionali

Progettazione, sviluppo e mantenimento di librerie software

Le seguenti librerie software (cioè miss-SNF, P-Net, pathonet_compression, PathoNet, NetInt, clusterv, mosclust) sono rese disponibili alla comunità scientifica tramite repository pubbliche.

- Sviluppatore della libreria software miss-SNF: a multimodal patient similarity network integration approach to handle completely missing data sources. Libreria R disponibile su <https://github.com/GliozzoJ/missSNF>.
- Sviluppatore della libreria software P-Net (Patient-Net): Network-based ranking of patients with respect to a given phenotype/outcome. Libreria R disponibile su <https://github.com/GliozzoJ/P-Net>.
- Sviluppatore della repository pathonet_compression: Reducing the Complexity of Deep Learning Models for Medical Applications in Resource-limited Contexts. Repository Python disponibile su https://github.com/GliozzoJ/pathonet_compression.
- Collaboratore alla repository PathoNet: deep neural network backend for evaluation of Ki-67 and tumor-infiltrating lymphocytes in breast cancer. Repository Python disponibile su <https://github.com/SHIDCenter/PathoNet>.
- Maintainer della libreria NetInt: Methods for Unweighted and Weighted Network Integration. Libreria R disponibile su CRAN <https://cran.r-project.org/web/packages/NetInt/index.html>.
- Maintainer della libreria clusterv : Assessment of Cluster Stability by Randomized Maps. Libreria R disponibile su CRAN <https://cran.r-project.org/web/packages/clusterv/index.html>.
- Maintainer della libreria mosclust: Model Order Selection for Clustering. Libreria R disponibile su CRAN <https://cran.r-project.org/web/packages/mosclust/index.html>.

Competenze linguistiche

Lingua madre: **italiano**

	Comprensione		Espressione orale		Scrittura
	Ascolto	Lettura	Produzione orale	Interazione orale	
Inglese	C1	C1	C1	C1	C1

Attività di servizio per la comunità scientifica

Membro del Comitato di Programma del workshop “SAI-Care 2024” | 03/12/2024 - 03/12/2024

Membro del Comitato di Programma del workshop “SAI-Care 2024: Integrating Symbiotic AI in Biomedical Informatics, A Workshop on Advanced SAI-based applications in Healthcare” tenutosi il 3 Dicembre 2024 a Lisbona, Portogallo. Sito web: <https://caislab.di.unisa.it/sai-care-2024/>

Il workshop è parte della conferenza “IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine 2024” (IEEE BIBM 2024), tenutasi il 3-6 Dicembre 2024 a Lisbona, Portogallo.

Membro dell’ Editorial Board della rivista BMC Artificial Intelligence.

Lista dei membri dell'Editorial Board: <https://bmcartificialintel.biomedcentral.com/about/editorial-board>

Editor per la rivista Discover Computing (Springer Nature)

Editor della seguente collection: Graph Representation Learning for Biomedical Applications.

Sito web: <https://link.springer.com/collections/bajchfdgjj>

Attività di revisione di articoli per riviste internazionali

Ho svolto il ruolo di revisore per articoli sottomessi alla seguenti riviste scientifiche internazionali: BMC Bioinformatics, Nature Communications, Women’s Health - Nature Portfolio journals, Scientific Reports - Nature Portfolio journals, International Journal of Machine Learning and Cybernetics, Digital Medicine - Nature Portfolio journals, Applied Network Science, BMC Medical Informatics and Decision Making, Journal of Big Data, Communications Medicine - Nature Publishing Group.

Membro di BITS - Società Italiana di Bioinformatica.

Conferenze/seminari

Oratore alla conferenza BIOINFORMATICS 2023 | 16/12/2023 - 16/12/2023 | Lisbona, Portogallo

Presentazione orale del lavoro di ricerca: "Patient Similarity Networks Integration for Partial Multimodal Datasets" alla conferenza "BIOINFORMATICS 2023 - 14th International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms" (sito web <https://bioinformatics.scitevents.org/?y=2023>), tenutasi a Lisbona, Portogallo il 16-18 Febbraio 2023.

Il lavoro è stato pubblicato in "Proceedings of the 16th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies (BIOSTEC 2023) - Volume 3: BIOINFORMATICS", 2023, ISBN 978-989-758-631-6; ISSN 2184-4305, SciTePress, pages 228-234, DOI: 10.5220/0011725500003414.

<https://www.insticc.org/node/TechnicalProgram/BIOSTEC/2023/session/P20754>

Relatore invitato al Corso di perfezionamento in “FILOGENESI APPLICATA ALLA EPIDEMIOLOGIA E SORVEGLIANZA GENOMICA DEGLI AGENTI INFETTIVI”

Relatore invitato al Corso di perfezionamento in “FILOGENESI APPLICATA ALLA EPIDEMIOLOGIA E SORVEGLIANZA GENOMICA DEGLI AGENTI INFETTIVI” del Dipartimento di Scienze Biomediche e Cliniche, Università degli Studi di Milano. Presenta il suo lavoro intitolato “Pipelines automatiche per l’analisi di genomi virali SARS-CoV-2” per le edizioni del 2024 (5 Luglio) e 2025 (4 Luglio).

Relatore per il corso “Bioinformatics” (Università degli Studi di Milano)

Relatore per il corso “Bioinformatics” (Laurea Magistrale in Informatica [LM-18], Università degli Studi di Milano) negli anni accademici 2020-2021 e 2021-2022. Presenta il suo lavoro intitolato “Kernels on graphs and the P-Net algorithm”.

Relatore per il corso “Principles and Models of Perception” (Università degli Studi di Milano)

Relatore per il corso “Principles and Models of Perception” (Laurea Triennale in Informatica per la comunicazione digitale [L-31], Università degli Studi di Milano) nell’ anno accademico 2021-2022. Presenta il suo lavoro intitolato “Kernels on graphs and the P-Net algorithm”.

Attività didattica

A.A. 2023-2024 Attività di tutoraggio per le lezioni ed esercitazioni di laboratorio del corso “Bioinformatics” (8 ore - Laurea Magistrale in Informatica [LM-18], Università degli Studi di Milano).

Correlatore di tesi di laurea

Correlatore di tesi di laurea triennali e magistrali

Correlatore delle seguenti tesi di Laurea Triennale presso l'Università degli Studi di Milano:

- A.A. 2020/21 - Palladino Elisa, “Similarity measures for patient-networks based on clinical and genomic data” per il corso di laurea in Informatica per la Comunicazione Digitale [L-31]
- A.A. 2020/21 - Gnuva Mirco, “Integrazione di dati multimodali tramite fattorizzazione di matrici” per il corso di laurea in Informatica [L-31]
- A.A. 2019/20 - Raimondi Davide, “Classificazione del rischio di pazienti COVID-19 tramite uno score radiologico di esperti e uno score radiologico ottenuto tramite AI” per il corso di laurea in Informatica per la Comunicazione Digitale [L-31]
- A.A. 2019/20 - Minerva Gabriele Donato, “Imputazione di dati mancanti in ambito medico: uno studio su dati di pazienti COVID-19” per il corso di laurea in Informatica per la Comunicazione Digitale [L-31]

Correlatore delle seguenti tesi di Laurea Magistrale presso l'Università degli Studi di Milano:

- A.A. 2024/25 - Zoroddu Piermario, “Uncovering the Impact of Selection Bias in Graph Neural Networks: a case study on Multi-Omic Graph Diagnosis” per il corso di laurea in Informatica [LM-18]
- A.A. 2023/24 - Santise Luigi, “Integrazione di dati multimodali tramite metodi basati su reti di pazienti” per il corso di laurea in Informatica [LM-18]
- A.A. 2022/23 - Mandredi Sara, “Sviluppo di una pipeline bioinformatica automatizzata per l'analisi di genomi virali SARS-CoV-2” per il corso di laurea in Informatica [LM-18]
- A.A. 2021/22 - Grimi Riccardo, “Deep Neural Network Multimodali per la predizione di regioni regolatorie nel genoma umano” per il corso di laurea in Informatica [LM-18]

Indicatori di produttività scientifica

Indicatori bibliometrici aggiornati al 22 Novembre 2025.

Scopus: 26 pubblicazioni · 356 citazioni · h-index 8

Web of Science: 25 pubblicazioni (Core Collection) · 272 citazioni (incl. autocitazioni) · h-index 8

Elenco completo delle pubblicazioni disponibile su:

ORCID ID: 0000-0001-7629-8112 [<https://orcid.org/0000-0001-7629-8112>]

SCOPUS ID: 57204172389 [<https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57204172389>]

ResearcherID (WoS): KQU-5176-2024 [<https://www.webofscience.com/wos/author/record/KQU-5176-2024>]

GOOGLE SCHOLAR: <https://scholar.google.com/citations?user=btVEvkAAAAJ&hl=it>

Pubblicazioni

[1] Francesco Torgano, Mauricio Soto Gomez, Matteo Zignani, Jessica Gliozzo, Emanuele Cavalleri, Marco Mesiti, Elena Casiraghi e Giorgio Valentini. «RNA knowledge-graph analysis through homogeneous embedding methods». In: Bioinformatics Advances 5.1 (13 maggio 2025), vbaf109. issn: 2635-0041. doi: 10.1093/bioadv/vbaf109. eprint: <https://academic.oup.com/bioinformaticsadvances/article-pdf/5/1/vbaf109/63166447/vbaf109.pdf>. url: <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbaf109>.

2025.

[2] Jessica Gliozzo, Mauricio A Soto Gomez, Arturo Bonometti, Alex Patak, Elena Casiraghi e Giorgio Valentini. «miss-SNF: a multimodal patient similarity network integration approach to handle completely missing data sources». In: Bioinformatics 41.4 (4 aprile 2025), btaf150. issn: 1367-4811. doi: 10.1093/bioinformatics/btaf150. eprint: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-pdf/41/4/btaf150/62871738/btaf150.pdf>. url: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaf150>.

2025.

[3] Jessica Gliozzo, Mauricio Soto-Gomez, Valentina Guarino, Arturo Bonometti, Alberto Cabri, Emanuele Cavalleri, Justin Reese, Peter N. Robinson, Marco Mesiti, Giorgio Valentini e Elena Casiraghi. «Intrinsic-dimension analysis for guiding dimensionality reduction and data fusion in multi-omics data processing». In: *Artificial Intelligence in Medicine* 160 (febbraio 2025), p. 103049. issn: 0933-3657. doi: 10.1016/j.artmed.2024.103049. url: <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2024.103049>.

2025.

[4] Francesco Torgano, Emanuele Cavalleri, Jessica Gliozzo, Federico Stacchietti, Emanuele Saitto, Marco Mesiti, Elena Casiraghi e Giorgio Valentini. «RNA Knowledge Graph Analysis via Embedding Methods». In: *WSEAS Transactions on Biology and Biomedicine* 21 (2024), pp. 302–312. issn: 1109-9518. doi: 10.37394/23208.2024.21.30. url: [https://wseas.com/journals/bab/2024/a605108-022\(2024\).pdf](https://wseas.com/journals/bab/2024/a605108-022(2024).pdf).

2024.

[5] Emanuele Cavalleri, Alberto Cabri, Mauricio Soto-Gomez, Sara Bonfitto, Paolo Perlasca, Jessica Gliozzo, Tiffany J Callahan, Justin Reese, Peter N Robinson, Elena Casiraghi, Giorgio Valentini e Marco Mesiti. «An ontology-based knowledge graph for representing interactions involving RNA molecules». In: *Scientific Data* 11.1 (22 agosto 2024), p. 906. issn: 2052-4463. doi: 10.1038/s41597-024-03673-7. url: <https://doi.org/10.1038/s41597-024-03673-7>.

2024.

[6] Jessica Gliozzo, Giosuè Marinò, Arturo Bonometti, Marco Frasca e Dario Malchiodi. «Resource-Limited Automated Ki67 Index Estimation in Breast Cancer». In: *Proceedings of the 2023 10th International Conference on Bioinformatics Research and Applications, Barcelona, Spain, September 22-24, 2023. ICBRA '23*. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 27 febbraio 2024, pp. 165–172. doi: 10.1145/3632047.3632072. url: <https://doi.org/10.1145/3632047.3632072>.

2024.

[7] Jessica Gliozzo. «PATIENT SIMILARITY NETWORKS-BASED METHODS FOR MULTIMODAL DATA INTEGRATION AND CLINICAL OUTCOME PREDICTION». Dipartimento di Informatica "Giovanni Degli Antoni", Università degli Studi di Milano (dissertazione 17 aprile 2024). Relatore: G. Valentini ; co-relatore: E. Casiraghi, A. Patak ; coordinatore: R. Sassi. Tesi di Dottorato. 36 ciclo, Anno accademico 2022/2023. url: <https://hdl.handle.net/2434/1040030>.

2024.

[8] Giorgio Valentini, Dario Malchiodi, Jessica Gliozzo, Marco Mesiti, Mauricio Soto-Gomez, Alberto Cabri, Justin Reese, Elena Casiraghi e Peter N. Robinson. «The promises of large language models for protein design and modeling». In: *Frontiers in Bioinformatics* 3 (23 novembre 2023), p. 1304099. issn: 2673-7647. doi: 10.3389/fbinf.2023.1304099. url: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbinf.2023.1304099>.

2023.

[9] Jessica Gliozzo, Alex Patak, Antonio Puertas-Gallardo, Elena Casiraghi e Giorgio Valentini. «Patient Similarity Networks Integration for Partial Multimodal Datasets». In: *Proceedings of the 16th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies (BIOSTEC 2023), Lisbona, Portugal, February 16–18, 2023 - 3: BIOINFORMATICS. INSTICC. SciTePress, 2023*, pp. 228–234. doi: 10.5220/0011725500003414. url: <https://www.scitepress.org/Link.aspx?doi=10.5220/0011725500003414>.

2023.

[10] Valentina Guarino, Jessica Gliozzo, Ferdinando Clarelli, et al. «Intrinsic-Dimension Analysis for Guiding Dimensionality Reduction in Multi-Omics Data». In: *Proceedings of the 16th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies (BIOSTEC 2023), Lisbona, Portugal, February 16–18, 2023 - 3: BIOINFORMATICS. INSTICC. SciTePress, 2023*, pp. 243–251. doi: 10.5220/0011775200003414. url: <https://www.scitepress.org/Link.aspx?doi=10.5220/0011775200003414>.

2023.

[11] Emanuele Cavalleri, Sara Bonfitto, Alberto Cabri, Jessica Gliozzo, Paolo Perlasca, Mauricio Soto-Gomez, Gabriella Trucco, Elena Casiraghi, Giorgio Valentini e Marco Mesiti. «Towards the Construction of an RNA-based Knowledge Graph». In: *CEUR WORKSHOP PROCEEDINGS, SEBD 2023 : 31st Symposium of*

Advanced Database Systems, 2 July 2023 - 5 July 2023. Vol. 3478. CEUR-Ws. Galzignano Terme, Italy, luglio 2023, pp. 173–180. url: <https://ceur-ws.org/Vol-3478/paper30.pdf>.

2023.

[12] Emanuele Cavalleri, Sara Bonfitto, Alberto Cabri, Jessica Gliozzo, Paolo Perlasca, et al. «A Meta-Graph for the Construction of an RNA-Centered Knowledge Graph». In: Bioinformatics and Biomedical Engineering, 10th International Work-Conference, IWBBIO 2023, Meloneras, Gran Canaria, Spain, July 12–14, 2023. Vol. 13919. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE. 29 giugno 2023, pp. 165–180. doi: 10.1007/978-3-031-34953-9_13. url: https://doi.org/10.1007/978-3-031-34953-9_13.

2023.

[13] Paolo Perlasca, Marco Frasca, Cheick Tidiane Ba, Jessica Gliozzo, Marco Notaro, Mario Pennacchioni, Giorgio Valentini e Marco Mesiti. «Integration and Visual Analysis of Biomolecular Networks Through UNIPred-Web». In: Current Trends in Web Engineering ICWE 2022. International Workshops, BECS, SWEET and WALs, Bari, Italy, July 5–8, 2022. Vol. 1668. COMMUNICATIONS IN COMPUTER AND INFORMATION SCIENCE. 2 febbraio 2023, pp. 192–197. doi: https://doi.org/10.1007/978-3-031-25380-5_15.

2023.

[14] Luca Cappelletti, Alessandro Petrini, Jessica Gliozzo, Elena Casiraghi, Max Schubach, Martin Kircher e Giorgio Valentini. «Boosting tissue-specific prediction of active cis-regulatory regions through deep learning and Bayesian optimization techniques». In: BMC Bioinformatics 23.2 (12 dicembre 2022), p. 154. issn: 1471-2105. doi: 10.1186/s12859-022-04582-5. url: <https://doi.org/10.1186/s12859-022-04582-5>.

2022.

[15] Jessica Gliozzo, Marco Mesiti, Marco Notaro, Alessandro Petrini, Alex Patak, Antonio Puertas-Gallardo, Alberto Paccanaro, Giorgio Valentini e Elena Casiraghi. «Heterogeneous data integration methods for patient similarity networks». In: Briefings in Bioinformatics 23.4 (13 giugno 2022), bbac207. issn: 1477-4054. doi: 10.1093/bib/bbac207. eprint: <https://academic.oup.com/bib/article-pdf/23/4/bbac207/45016588/bbac207.pdf>. url: <https://doi.org/10.1093/bib/bbac207>.

2022.

[16] Alessandro Petrini, Marco Notaro, Jessica Gliozzo, et al. «ParSMURF-NG: A Machine Learning High Performance Computing System for the Analysis of Imbalanced Big Omics Data». In: Artificial Intelligence Applications and Innovations. AIAI 2022 IFIP WG 12.5 International Workshops. AIAI 2022. Hersonissos, Crete, Greece, June 17–20, 2022. Vol. 652. IFIP Advances in Information and Communication Technology. 10 giugno 2022, pp. 424–435. doi: https://doi.org/10.1007/978-3-031-08341-9_34.

2022.

[17] Arturo Bonometti, Jessica Gliozzo, Chiara Moltrasio, Filippo Bagnoli e Emilio Berti. «Cutaneous-group histiocytoses associated with myeloid malignancies: A systematic review of 102 cases». In: Australasian Journal of Dermatology 62.2 (2021), e162–e169. issn: 0004-8380. doi: <https://doi.org/10.1111/ajd.13491>. eprint: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/ajd.13491>. url: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/ajd.13491>.

2021.

[18] Marco Notaro, Marco Frasca, Alessandro Petrini, Jessica Gliozzo, Elena Casiraghi, Peter N Robinson e Giorgio Valentini. «HEMDAG: a family of modular and scalable hierarchical ensemble methods to improve Gene Ontology term prediction». In: Bioinformatics 37.23 (dicembre 2021), pp. 4526–4533. issn: 1367-4803. doi: 10.1093/bioinformatics/btab485. eprint: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-pdf/37/23/4526/50579686/btab485.pdf>. url: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab485>.

2021.

[19] Adriana Cassaro, Giovanni Grillo, Marco Notaro, Jessica Gliozzo, Ilaria Esposito, Gianluigi Reda, et al. «FZD6 triggers Wnt–signalling driven by WNT10B/VS1 expression and highlights new targets in T-cell acute lymphoblastic leukemia». In: Hematological Oncology 39.3 (agosto 2021), pp. 364–379. issn: 0278-0232. doi:

<https://doi.org/10.1002/hon.2840>. eprint: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/hon.2840>. url: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/hon.2840>.

2021.

[20] Paolo Perlasca, Marco Frasca, Cheick Tidiane Ba, Jessica Gliozzo, Marco Notaro, Mario Pennacchioni, Giorgio Valentini e Marco Mesiti. «Multi-resolution visualization and analysis of biomolecular networks through hierarchical community detection and web-based graphical tools». In: PLOS ONE 15.12 (22 dicembre 2020), e0244241. issn: 1932-6203. doi: 10.1371/journal.pone.0244241. url: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244241>.

2020.

[21] Armando N. Bastidas Torres, Davy Cats, Hailiang Mei, Daniele Fanoni, Jessica Gliozzo, et al. «Whole-genome analysis uncovers recurrent IKZF1 inactivation and aberrant cell adhesion in blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm». In: Genes, Chromosomes and Cancer 59.5 (maggio 2020), pp. 295–308. issn: 1045-2257. doi: <https://doi.org/10.1002/gcc.22831>. eprint: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/gcc.22831>. url: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/gcc.22831>.

2020.

[22] Jessica Gliozzo, Paolo Perlasca, Marco Mesiti, Elena Casiraghi, Viviana Vallacchi, Elisabetta Vergani, Marco Frasca, Giuliano Grossi, Alessandro Petrini, Matteo Re, Alberto Paccanaro e Giorgio Valentini. «Network modeling of patients' biomolecular profiles for clinical phenotype/outcome prediction». In: Scientific Reports 10.1 (27 febbraio 2020), p. 3612. issn: 2045-2322. doi: 10.1038/s41598-020-60235-8. url: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-60235-8>.

2020.

[23] Barbara Rita Barricelli, Elena Casiraghi, Jessica Gliozzo, Alessandro Petrini e Stefano Valtolina. «Human Digital Twin for Fitness Management». In: IEEE Access 8 (4 febbraio 2020), pp. 26637–26664. issn: 2169-3536. doi: 10.1109/ACCESS.2020.2971576. url: <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.2971576>.

2020.

[24] Luca Cappelletti, Alessandro Petrini, Jessica Gliozzo, Elena Casiraghi, et al. «Bayesian Optimization Improves Tissue-Specific Prediction of Active Regulatory Regions with Deep Neural Networks». In: Bioinformatics and Biomedical Engineering, IWBBIO 2020. 8th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, IWBBIO 2020, Granada, Spain, May 6–8, 2020. Vol. 12108. LECTURE NOTES IN COMPUTER SCIENCE. 30 aprile 2020, pp. 600–612. doi: 10.1007/978-3-030-45385-5_54.

2020.

[25] Cheick Tidiane Ba, Elena Casiraghi, Marco Frasca, Jessica Gliozzo, et al. «A Graphical Tool for the Exploration and Visual Analysis of Biomolecular Networks». In: Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics. CIBB 2018. 15th International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Caparica, Portugal, September 6–8, 2018. Vol. 11925. Lecture Notes in Computer Science. 23 gennaio 2020, pp. 88-98. doi: 10.1007/978-3-030-34585-3_8.

2020.

[26] Barbara Rita Barricelli, Elena Casiraghi, Jessica Gliozzo, Veronica Huber, Biagio Eugenio Leone, Alessandro Rizzi e Barbara Vergani. «ki67 nuclei detection and ki67-index estimation: a novel automatic approach based on human vision modeling». In: BMC Bioinformatics 20.1 (27 dicembre 2019), p. 733. issn: 1471-2105. doi: 10.1186/s12859-019-3285-4. url: <https://doi.org/10.1186/s12859-019-3285-4>.

2019.

[27] Paolo Perlasca, Marco Frasca, Cheick Tidiane Ba, Marco Notaro, Alessandro Petrini, Elena Casiraghi, Giuliano Grossi, Jessica Gliozzo, Giorgio Valentini e Marco Mesiti. «UNIPred-Web: a web tool for the integration and visualization of biomolecular networks for protein function prediction». In: BMC Bioinformatics 20.1 (14 agosto 2019), p. 422. issn: 1471-2105. doi: 10.1186/s12859-019-2959-2. url: <https://doi.org/10.1186/s12859-019-2959-2>.

2019.

[28] Luca Cappelletti, Jessica Gliozzo, Alessandro Petrini e Giorgio Valentini. «Training Neural Networks with Balanced Mini-batch to Improve the Prediction of Pathogenic Genomic Variants in Mendelian Diseases». In: *Sensors & Transducers* 234.6 (30 giugno 2019), pp. 16–21. issn: 2306-8515. url: https://sensorsportal.com/p_3087.html.

2019.

[29] Arturo Bonometti, Jessica Gliozzo, Chiara Moltrasio, Filippo Bagnoli, Luigia Venegoni, Emanuela Passoni, Marco Paulli e Emilio Berti. «Disfiguring Nodular Cephalic Xanthoma Disseminatum: An Exceptional Variant of a Forgotten Entity». In: *Acta Dermato-Venereologica* 99.4 (aprile 2019), pp. 450–451. issn: 1651-2057. doi: 10.2340/00015555-3111. url: <https://medicaljournalssweden.se/actadv/article/view/3161>.

2019.

[30] Marco Frasca, Giuliano Grossi, Jessica Gliozzo, Marco Mesiti, Marco Notaro, Paolo Perlasca, Alessandro Petrini e Giorgio Valentini. «A GPU-based algorithm for fast node label learning in large and unbalanced biomolecular networks». In: *BMC Bioinformatics* 19.10 (15 ottobre 2018), p. 353. issn: 1471-2105. doi: 10.1186/s12859-018-2301-4. url: <https://doi.org/10.1186/s12859-018-2301-4>.

2018.