

Francesco Napolitano

Curriculum Vitae privato dei dati sensibili

P.O. Box 4700, Building 3, 4216-WS21
 23955-6900, KAUST, Jeddah, KSA
 ☎ +966(0)545358682, +393392874067
 ☎ +966(0)128087588
 ✉ francesco.napolitano@kaust.edu.sa
 Ultimo aggiornamento: July 16, 2021

Biografia breve

F.N. è un Informatico con formazione orientata ai modelli matematici e all'apprendimento automatico. La sua tesi di Laurea (Università degli Studi di Salerno) e il suo Ph.D. (Università di Salerno e University of California, Irvine) si focalizzano sull'analisi dei dati supervisionata e non supervisionata, in particolare per il clustering di dati complessi. Successivamente si avvicina alle applicazioni biologiche con l'analisi bioinformatica di dati trascrittomici e genomici su cancro (Università Chieti-Pescara). L'interesse relativo alle applicazioni della Bioinformatica alla terapia farmacologica lo induce poi ad esplorare l'area della Chemioinformatica. A questo proposito, studia l'uso della classificazione automatica per il riposizionamento di farmaci sulla base di dati trascrittomici e biochimici integrati (Università di Helsinki, Finlandia). Successivamente, presso il Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), si concentra sullo sviluppo di metodi computazionali per l'identificazione di piccole molecole che inducano programmi trascrizionali tessuto-specifici con applicazioni alla medicina generativa e alla terapia differenziativa nel cancro. Dal 2019 lavora presso la King Abdullah University of Science and Technology (KAUST) dove applica modelli basati su Deep Learning integrati con reti metaboliche per la modellizzazione delle malattie. F.N. ha sviluppato e pubblicato strumenti software nei settori dell'analisi dei dati e della ricerca riproducibile. Ha esperienza di insegnamento accademico ed è autore di 53 pubblicazioni scientifiche peer reviewed.

Posizioni nella ricerca

- da Mar 2019 **Research Scientist**, *King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Saudi Arabia*, Computational Bioscience Research Center, Structural and Functional Bioinformatics Group.
Computational Biology, Deep learning for omics data
- Nov 2012-Mar 2019 **Senior Postdoctoral Researcher**, *Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), Naples, Italy*, Systems and Synthetic Biology lab.
Comparative Transcriptomics for the elucidation of disease mechanisms and drug discovery.
- Apr-Ott 2012 **Research Fellow**, *University of Salerno, Salerno, Italy*, Dpt. of Computer Science.
Machine Learning and data integration for -omics data.
- Mar 2010-Mar 2012 **Postdoctoral Researcher**, *University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Chieti, Italy*, Dpt. of Medical and Biotechnological Sciences.
Bioinformatic analysis of -omics data in cancer.

Formazione

Dottorato di Ricerca

- 2009 **Università degli Studi di Salerno, Fisciano (SA), Italy, Informatica.**
- Relatori R. Tagliaferri (Università di Salerno) e P. Baldi (University of California, Irvine)
- Titolo della tesi A scalable reference-point based algorithm to efficiently search large chemical databases
- Argomenti Derivazione di bound matematici e di algoritmi basati su di essi e su tecniche di clustering per il pruning dello spazio delle strutture chimiche allo scopo di velocizzare la ricerca in database di grandi dimensioni.

Scuole di specializzazione estive

- 2008 **Univ. San Pablo – CEU, Madrid, Spain**, *3rd Advanced Statistics and Data Mining Summer school*.
- 2007 **Università degli Studi di Catania, Dipartimento di Matematica e Informatica, Catania, Italy**, *Lipari International Summer School on Bioinformatics and Computational Biology*.

Laurea (V.O.)

- 2006 **Università di Salerno, Fisciano (SA)**, *Informatica, curriculum Modelli*.
- Relatore R. Tagliaferri (University of Salerno)
- Titolo della Tesi Un approccio interattivo al clustering gerarchico
- Argomenti La tesi affronta il problema della complessità implicita nel clustering di dati ad alta dimensionalità quali quelli bioinformatici, proponendo soluzioni algoritmiche e strumenti software di visualizzazione ed interazione con i dati in ambiente Matlab.

Visiting

- Mar-Jun 2012 **Visiting Postdoctoral Researcher**, *Institute of Biotechnology, University of Helsinki, Finland – Prof. Dario Greco*.
Argomento principale: studio di metodi di apprendimento automatico basati su kernel per il drug repurposing usando dati omici integrati
- Mar-Sep 2009 **Visiting Ph.D. student**, *Institute of Genomics and Bioinformatics, University of California, Irvine – Prof. P. Baldi*.
Argomento principale: studio della modellizzazione delle strutture chimiche e della loro ricerca in database di grandi dimensioni

Finanziamenti ricevuti attraverso bandi competitivi

Research Grant come Co-PI

- Ente finanziatore King Abdullah University of Science and Technology
- Periodo July 2021- June 2022
- Entità del finanziamento \$50,000
- Titolo del progetto A deconfounding adversarial classifier to encode gene expression profiles for drug repurposing

Research Grant come Co-PI

- Ente finanziatore King Abdullah University of Science and Technology
- Periodo July 2019- June 2020
- Entità del finanziamento \$100,000
- Titolo del progetto Deep learning methods for the identification of drugs that inhibit breast cancer stem cell proliferation by inducing differentiation.

Post-doctoral Fellowship

- Ente finanziatore Fondazione Umberto Veronesi
- Date Jan-Dec, 2019, (sospeso per assunzione al KAUST)
- Entità del finanziamento 30.000€
- Titolo del progetto Computational identification of drugs that inhibit breast cancer stem cell proliferation by inducing differentiation.

Grant come Visiting Researcher

Ente finanziatore Comunità Europea
Date Mar-Jun, 2012
Entità del finanziamento Copertura delle spese di trasferimento e permanenza
Titolo del progetto Computational Tools for Translational Medicine.

Assegno di ricerca

Ente finanziatore Dpt. di Informatica, Università degli Studi di Salerno
Date Apr 2012 - Mar 2013 (interrotto per assunzione al TIGEM)
Entità finanziamento 60.000€
Titolo del progetto Integration of Bioinformatic data by means of Machine Learning and Computational Intelligence techniques.

Altri riconoscimenti

29 Apr 2021 **MIUR**, *Abilitazione Scientifica Nazionale, settore concorsuale 01/B1.*

5 Ott 2017 **Istituto per le Applicazioni del Calcolo (IAC), Naples, Italy**, *Idoneità (primo non vincitore) per il profilo di Ricercatore, III livello professionale presso l'Istituto per le Applicazioni del Calcolo di Napoli afferente al Dipartimento di Ingegneria – ICT e Tecnologie per l'Energia e i Trasporti del Consiglio Nazionale delle Ricerche - 367.76 DIITET IAC RIC.*

20-21 Mar 2013 **Harvard Medical School, Boston, MA, USA**, *Travel Award by The Broad Institute of MIT and Harvard .*

Partecipazione a progetti finanziati attraverso bandi competitivi

NANOSOLUTIONS (EU Grant 309329)

Ruolo Collaborator
Ente finanziatore European Community
Date 2013 - 2016
Totale finanziamento €12,000,000
Finanziamento unità di ricerca €250,000
Titolo del progetto Biological Foundation for the Safety Classification of Engineered Nanomaterials (ENM): Systems Biology Approaches to Understand Interactions of ENM with Living Organisms and the Environment” (NANOSOLUTIONS).
Coordinatore Kai Savolainen, University of Helsinki

RADIANT (EU Grant 305626)

Ruolo Collaborator
Ente finanziatore European Community
Date 2012 - 2015
Total funding €3,600,000
Unit funding €187,500
Titolo del progetto Rapid Development and Distribution of statistical tools for high-throughput sequencing data (RADIANT).

Coordinatore	Magnus Rattray, University of Manchester
	Progression of paraganglioma (AIRC Grant IG 9168)
Ruolo	Collaborator
Ente finanziatore	Italian Association for Cancer Research (AIRC)
Date	2009 - 2013
Titolo del progetto	Probing hypoxia-driven oncogenic progression via pathway dependencies: the paraganglioma paradigm
Coordinatore	Renato Mariani-Costantini, University G. d'Annunzio, Chieti
	Computational Fault Detection from Ultrasonic Scans (Alenia Aeronautica)
Ruolo	Collaborator
Ente finanziatore	Alenia Aeronautica
Date	2006
Titolo del progetto	Development of algorithms for the analysis of ultrasonic images: segmentation and fault classification
Coordinatore	Roberto Tagliaferri, University of Salerno

Attività di insegnamento

- Apr 2020 **Università Federico II di Napoli, Corso di Dottorato.**
Lezione dal titolo "Systems Biology approaches for drug discovery and repositioning" nell'ambito del corso "Systems Biology" del Dottorato in Biologia
- Apr 2018 **Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), Corsi di Dottorato.**
Lezione dal titolo "Bioinformatics approaches to drug discovery" nell'ambito del corso "Systems Biology and Functional Genomics" del SEMM Ph.D. programme.
- 2014 **Università di Bologna, Scuola estiva.**
Lecturer per la Summer School su "Chemical and genomics-based strategies in the discovery of novel drug targets".
- 2011 **Università di Salerno, Culture della materia.**
codocenza al corso "Computational Biology" (2 semestri).
- 2007-2011 **Università di Salerno, Culture della materia.**
codocenza e supporto agli esami per i corsi "Architetture degli Elaboratori" e "Reti Neurali" (6 semestri).
- 2010-2011 **Università di Salerno, Scuola estiva.**
Tutor and Lecturer per la scuola "Lifelong Intensive Program Erasmus in Microarray Data Analysis", eds. 2010 and 2011.

Supervisione di Tesi

- 2017 **SEMM - European School of Molecular Medicine, Ph.D. Thesis in Systems Medicine.**
Relatore: Antonella de Matteis. Co-relatore: Francesco Napolitano. Mario Failli, Sysmet: Systems Biology of Membrane Trafficking.
- 2013 **Università di Naples Federico II, Tesi Specialistica in Informatica.**
Relatore: Mario Nicodemi. Relatori esterni: Diego di Bernardo and Francesco Napolitano. Co-relatore: Daniel Riccio. Dario Righelli, La Feature Selection per l'identificazione del modo di azione di farmaci: un filtro basato su Gene Set Enrichment Analysis.
- 2013 **Università degli Studi di Salerno, Tesi Specialistica in Informatica.**
Relatore: Roberto Tagliaferri. Relatori esterni: Dario Greco e Francesco Napolitano. Maria Adalgisa Santulli, Un sistema per l'analisi integrata di dati per il riposizionamento di farmaci.
- 2012 **Università degli studi di Salerno, Tesi Specialistica in Informatica.**
Relatore: Roberto Tagliaferri. Relatori esterni: Dario Greco e Francesco Napolitano. Davide Barbutto, Applicazione e sviluppo di strumenti statistici e di integrazione dati per l'analisi dell'espressione genica del Paraganglioma.

- 2012 **Università di Salerno**, *Tesi Specialistica in Informatica*.
Supervisore Roberto Tagliaferri. Supervisor esterni: Dario Greco e Francesco Napolitano. Gaetano Contaldi, Inferenza di reti di regolazione genica da serie temporali di dati di espressione high-throughput mediante reti Bayesiane dinamiche.
- 2012 **Università di Salerno**, *Tesi triennale in Intelligenza Artificiale e Computazionale*.
Relatori: Roberto Tagliaferri e Francesco Napolitano. Paola Galdi, Analisi dei vantaggi e dei limiti dell'algoritmo di clustering "Affinity Propagation".
- 2011 **Università di Salerno**, *Tesi triennale in Informatica*.
Relatore: Roberto Tagliaferri. Relatore esterno: Francesco Napolitano. Antonio Finelli, Utilizzo di caBIG per la gestione di dati clinici e tessutali di pazienti affetti da Paraganglioma.
- 2011 **Università di Salerno**, *Tesi triennale in Informatica*.
Relatore: Roberto Tagliaferri. Relatore esterno: Francesco Napolitano. Valerio Piccolo, Utilizzo di caBIG per la gestione di dati genomici High-Throughput e di microscopia elettronica di pazienti affetti da Paraganglioma.

Amministrazione

- dal 2019 **Associate Editor**, *Journal of Translational Medicine - Medical Bioinformatics Section*.
- dal 2011 **Peer review per riviste scientifiche**, *Profilo Publons: publons.com/a/739562*.
Bioinformatics • Journal of Cheminformatics • npj Systems Biology and Applications • Scientific Reports • Plos One • BMC Bioinformatics • Drug Discovery Today • Hepatology • Molecular Biosystems • IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics • Informatics • IEEE Transactions on Cybernetics • Computers in Biology and Medicine • Molecular Genetics and Genomics • Computational and Mathematical Models in Medicine • Artificial Intelligence in Medicine • Neural Computing and Applications • Biomolecules.
- 2017-2018 **Grant proposal review**.
– Per *Netherlands Organisation for Scientific Research*.
– Per *The Innovation and Technology Commission of the Government of the Hong Kong Special Administrative Region*.
- 2008, 2011 **Organizzazione conferenza**, *Università degli Studi di Salerno*.
Membro della commissione organizzatrice locale di "Computational Intelligence for Bioinformatics and Biostatistics" (CIBB), ed. 2008 and 2011.
- 2010, 2011 **Organizzazione di scuola**, *Università degli Studi di Salerno*.
Membro della commissione organizzatrice locale per "Lifelong Intensive Program Erasmus school in Microarray Data Analysis", ed. 2010 and 2011

Talk su invito

- 17 Nov 2018 **King Abdullah University of Science and Technology (KAUST)**, *Thuwal, Saudi Arabia*.
Titolo dell'intervento: "Black- and white-box approaches to omics data analysis in Drug Discovery"
- 9 Gen 2017 **International School for Advanced Studies (SISSA)**, *Trieste, Italy*.
Titolo dell'intervento: "Comparative Transcriptomics - pushing Data Analysis towards explaining rather than predicting cellular mechanisms"
- 28 Nov 2016 **Microsoft Research and University of Trento Center for Computational and Systems Biology (COSBI)**, *Rovereto, Italy*.
Titolo dell'intervento: "Transcriptomic Tools for Drug Repositioning and Biological Investigation"
- 10 Feb 2015 **Senato della Repubblica Italiana**, *Roma, Italia*.
Conferenza pubblica dal titolo "Orphan diseases: which future?". Titolo dell'intervento: "I nuovi strumenti tecnici per la ricerca nelle malattie rare".
- 27 Mar 2014 **Italian Association of Neuroimmunology**, *Bergamo*.
Corsi residenziali di Neuroimmunologia. Titolo dell'intervento: "Drug repositioning strategies: choosing candidates through Machine Learning".

Partecipazione a conferenze internazionali

- 31 Ago-8 Sett 2020 **ECCB 2020**, *Online*, partecipazione come co-autore di studio accettato.
European Conference on Computational Biology
- 8-12 Nov 2013 **RECOMB/ISCB 2013**, *Toronto, Ontario, CA*, poster.
Sixth Annual RECOMB/ISCB conference on Regulatory and Systems Genomics, with DREAM Challenges
- 30 Giu - 2 Lug, 2011 **CIBB 2011**, *Gargnano-Lago di Garda, BS, Italy*, presentazione orale.
8-th International Meeting On Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics
- 18-23 Lug, 2010 **IJCNN 2010**, *Barcelona, Spain*, poster.
International Joint Conference on Neural Networks
- 3-5 Set, 2008 **KES 2008**, *Zagreb, Croatia*, presentazione orale.
12th International Conference on Knowledge-Based and Intelligent Information & Engineering Systems
- 15-22 Apr, 2007 **DAA 2007**, *Erice, TP, Italy*, presentazione orale.
6th International Workshop Data Analysis in Astronomy “Livio Scarsi” – Modelling and Simulation in Science
- 12-14 Sep, 2007 **KES 2007**, *Vietri sul Mare, SA, Italy*, presentazione orale.
11th International Conference on Knowledge-Based and Intelligent Information & Engineering Systems in conjunction with WIRN 2007 XVII Italian Workshop on Neural Networks

Sviluppo di software scientifico

- 2017 **gеп2pep: pacchetto R/Bioconductor**, *Implementa i metodi descritti in [17] e [13], disponibile in: <https://bioconductor.org/packages/gep2pep>.*
Conversione di Gene Expression Profiles in Pathway Expression Profiles ed applicazione di tecniche di analisi (Drug Set Enrichment Analysis [17] e Gene2Drug analysis [13].
- 2015 **repo: pacchetto R pubblicato su CRAN**, *Descritto in [12], disponibile in: <https://cran.r-project.org/package=repo>.*
Gestione data-centered di pipeline bioinformatiche
- 2011 **pyLeaf: pacchetto Python pubblicato su PyPI**, *Descritto in [23], disponibile in: <https://pypi.python.org/pypi/pyleaf>.*
Linguaggio formale sviluppato in *flex* e *bison* per definire grafi attraverso rappresentazioni basate su ASCII-art e corrispondente framework Python per l'utilizzo del grafo come data flow.
- 2009 **MIDA: Matlab GUI-based toolbox**, *Descritto in: [40], screencast disponibile in <https://www.youtube.com/watch?v=Arhdddtutqo>.*
Modular Interactive Dendrogram Analyzer, a plugin-based tool for visualization and exploration of hierarchical clustering trees.

Disseminazione scientifica

- 2014-2015 **Napoli, Italia**, *Scuole superiori nella provincia di Napoli*.
Seminari sulle malattie genetiche ed i metodi computazionali per studiarle.

Publicazioni

Metriche

Articoli in rivista	31
Atti di conferenze	20
Capitoli di libri	1
Tutte le pubblicazioni	53 (18 come primo autore, 5 come corresponding author)
H-index	Scopus: 11, Google Scholar: 13
Totale citazioni	Scopus: 514, Google Scholar: 767

Preprint

- [1] **F. Napolitano**, G. Gambardella, D. Carrella, X. Gao, and D. di Bernardo. “Computational Drug Repositioning and Elucidation of Mechanism of Action of Compounds against SARS-CoV-2”. In: (Apr. 2020). arXiv: 2004.07697. URL: <http://arxiv.org/abs/2004.07697>.

Articoli in rivista

- [2] L. A. Broadfield, J. A. Gonçalves Duarte, R. Schmieder, D. Broekaert, K. Veys, M. Planque, K. Vriens, Y. Karasawa, **F. Napolitano**, S. Fujita, M. Fujii, M. Eto, B. Holvoet, R. Vangoitsenhoven, J. Fernandez-Garcia, J. Van Elsen, J. Dehairs, J. Zeng, J. Dooley, R. Alba Rubio, J. van Pelt, T. G. P. Grünewald, A. Liston, C. Mathieu, C. M. Deroose, J. V. Swinnen, D. Lambrechts, D. di Bernardo, S. Kuroda, K. De Bock, and S.-M. Fendt. “Fat induces glucose metabolism in non-transformed liver cells and promotes liver tumorigenesis”. In: *Cancer Research* (Mar. 2021), canres.1954.2020. ISSN: 0008-5472. DOI: 10.1158/0008-5472.CAN-20-1954.
- [3] L. Zhang, M. Fan, **F. Napolitano**, X. Gao, Y. Xu, and L. Li. “Transcriptomic analysis identifies organ-specific metastasis genes and pathways across different primary sites”. In: *Journal of Translational Medicine* 19.1 (Dec. 2021), p. 31. ISSN: 14795876. DOI: 10.1186/s12967-020-02696-z.
- [4] (*) S. A. Albaradei, **F. Napolitano**, M. Uludag, M. Thafar, S. Napolitano, M. Essack, V. B. Bajic, and X. Gao. “Automated Counting of Colony Forming Units Using Deep Transfer Learning From a Model for Congested Scenes Analysis”. In: *IEEE Access* 8 (Sept. 2020), pp. 164340–164346. ISSN: 2169-3536. DOI: 10.1109/access.2020.3021656. (*) First two authors equally contributed.
- [5] M. Concilli, R. Petruzzelli, S. Parisi, F. Catalano, F. Sirci, **F. Napolitano**, M. Renda, L. J. Galiotta, D. D. Bernardo, and R. S. Polishchuk. “Pharmacoproteomics pinpoints HSP70 interaction for correction of the most frequent Wilson disease-causing mutant of ATP7B”. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117.51 (Dec. 2020), pp. 32453–32463. ISSN: 10916490.
- [6] (*) G. M. Messa, **F. Napolitano**, S. H. Elsea, D. di Bernardo, and X. Gao. In: *Bioinformatics* 36 (Dec. 2020), pp. i787–i794. ISSN: 1367-4803. DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa841. (*) First two authors equally contributed. Accepted at the European Conference on Computational Biology (ECCB).
- [7] **F. Napolitano**, T. Rapakoulia, P. Annunziata, A. Hasegawa, M. Cardon, S. Napolitano, L. Vaccaro, A. Iuliano, L. G. Wanderlingh, T. Kasukawa, D. Medina, D. Cacchiarelli, X. Gao, D. di Bernardo, and E. Arner. “Automatic identification of small molecules that promote cell conversion and reprogramming”. In: *Stem Cell Reports (accepted for publication)* (2020). DOI: 10.1101/2020.04.01.021089.

- [8] C. Criscuolo, A. Cianflone, R. Lanzillo, D. Carrella, A. Carissimo, **F. Napolitano**, R. de Cegli, P. de Candia, C. La Rocca, T. Petrozziello, G. Matarese, F. Boscia, A. Secondo, D. Di Bernardo, and V. Brescia Morra. “Glatiramer Acetate modulates ion channels expression and calcium homeostasis in B cell of patients with relapsing-remitting multiple sclerosis”. In: *Scientific Reports* 9.1 (2019), pp. 1–8. ISSN: 20452322.
- [9] (*) C. Mottini, **F. Napolitano**, Z. Li, X. Gao, and L. Cardone. “Computer-aided drug repurposing for cancer therapy: Approaches and opportunities to challenge anticancer targets”. In: *Seminars in Cancer Biology* (2019). ISSN: 1044579X. (*) First two authors equally contributed.
- [10] (*) **F. Napolitano**, D. Carrella, X. Gao, and D. Bernardo. “gep2pep: a Bioconductor package for the creation and analysis of pathway-based expression profiles”. In: *Bioinformatics* (2019). (*) F.N. is first and co-corresponding author.
- [11] J. Duarte, R. Schmieder, K. Veys, D. Broekaert, **F. Napolitano**, B. Holvoet, M. Gilis, K. Vriens, J. Garcia, T. Grünwald, C. Mathieu, C. Deroose, D. Bernardo, K. de Bock, and S.-M. Fendt. “High fat diet induces a tumor like metabolism in the liver”. In: *Journal of Hepatology* 68 (2018), S661. ISSN: 01688278. DOI: 10.1016/s0168-8278(18)31576-9.
- [12] **F. Napolitano**. “repo: an R package for data-centered management of bioinformatic pipelines”. In: *BMC Bioinformatics* 18 (2017), p. 112. ISSN: 1471-2105. DOI: 10.1186/s12859-017-1510-6.
- [13] **F. Napolitano**, D. Carrella, B. Mandriani, S. Pisonero, F. Sirci, D. Medina, N. Brunetti-Pierri, and D. di Bernardo. “gene2drug: a Computational Tool for Pathway-based Rational Drug Repositioning”. In: *Bioinformatics* (Dec. 2017).
- [14] (*) F. Sirci, **F. Napolitano**, and D. di Bernardo. “Computational Drug Networks: A Computational Approach to Elucidate Drug Mode of Action and to Facilitate Drug Repositioning for Neurodegenerative Diseases”. In: *Drug Discovery Today: Disease Models* (2017). ISSN: 1740-6757. DOI: 10.1016/j.ddmod.2017.04.004. (*) First two authors equally contributed.
- [15] F. Sirci, **F. Napolitano**, S. Pisonero-Vaquero, D. Carrella, D. L. Medina, and D. di Bernardo. “Comparing structural and transcriptional drug networks reveals signatures of drug activity and toxicity in transcriptional responses”. In: *npj Systems Biology and Applications* 3.1 (Dec. 2017), p. 23. ISSN: 20567189. DOI: 10.1038/s41540-017-0022-3.
- [16] G. Gorrieri, P. Scudieri, E. Caci, M. Schiavon, V. Tomati, F. Sirci, **F. Napolitano**, D. Carrella, A. Gianotti, I. Musante, M. Favia, V. Casavola, L. Guerra, F. Rea, R. Ravazzolo, D. Di Bernardo, and L. J. V. Galietta. “Goblet Cell Hyperplasia Requires High Bicarbonate Transport To Support Mucin Release”. In: *Scientific Reports* 6 (Oct. 27, 2016), p. 36016. ISSN: 2045-2322.
- [17] **F. Napolitano**, F. Sirci, D. Carrella, and D. di Bernardo. “Drug-set enrichment analysis: a novel tool to investigate drug mode of action”. In: *Bioinformatics* 32.2 (2016), pp. 235–241. ISSN: 1367-4803, 1460-2059.
- [18] (*) R. Pagliarini, R. Castello, **F. Napolitano**, R. Borzone, P. Annunziata, G. Mandrile, M. De Marchi, N. Brunetti-Pierri, and D. di Bernardo. “In Silico Modeling of Liver Metabolism in a Human Disease Reveals a Key Enzyme for Histidine and Histamine Homeostasis”. In: *Cell Reports* 15.10 (2016), pp. 2292–2300. ISSN: 2211-1247. (*) First two authors equally contributed.
- [19] E. Pesce, G. Gorrieri, F. Sirci, **F. Napolitano**, D. Carrella, E. Caci, V. Tomati, O. Zegarra-Moran, D. di Bernardo, and L. Galietta. “Evaluation of a Systems Biology approach to identify pharmacological correctors of the mutant CFTR chloride channel”. In: *Journal of Cystic Fibrosis* (2016).

- [20] M. Cozzolino, A. Cicutelli, V. Fortino, F. Guarino, R. Tagliaferri, S. Castiglione, P. De Luca, **F. Napolitano**, G. Celia, S. Iannotti, G. Raiconi, K. Rossi, and E. Rossi. “The Mind-Body Healing Experience (MHE) is associated with Gene Expression in Human Leukocytes”. In: *International Journal of Physical and Social Sciences* 5.5 (2015), pp. 1–31.
- [21] D. Carrella, **F. Napolitano**, R. Rispoli, M. Miglietta, A. Carissimo, L. Cutillo, F. Sirci, F. Gregoretti, and D. di Bernardo. “Mantra 2.0: an online collaborative resource for drug mode of action and repurposing by network analysis”. In: *Bioinformatics* 30.12 (2014), pp. 1787–1788.
- [22] A. Cama, F. Verginelli, L. V. Lotti, **F. Napolitano**, A. Morgano, A. D’Orazio, M. Vacca, S. Perconti, F. Pepe, F. Romani, F. Vitullo, F. d. Lella, R. Visone, M. Mannelli, H. P. H. Neumann, G. Raiconi, C. Paties, A. Moschetta, R. Tagliaferri, A. Veronese, M. Sanna, and R. Mariani-Costantini. “Integrative genetic, epigenetic and pathological analysis of paraganglioma reveals complex dysregulation of NOTCH signaling”. In: *Acta Neuropathologica* 126.4 (2013), pp. 575–594. ISSN: 0001-6322, 1432-0533.
- [23] **F. Napolitano**, R. Mariani-Costantini, and R. Tagliaferri. “Bioinformatic pipelines in Python with Leaf”. In: *BMC Bioinformatics* 14.1 (2013), pp. 1–14. ISSN: 1471-2105.
- [24] **F. Napolitano**, Y. Zhao, V. M. Moreira, R. Tagliaferri, J. Kere, M. D’Amato, and D. Greco. “Drug Repositioning: A Machine-Learning Approach through Data Integration”. In: *Journal of Cheminformatics* 5.1 (2013), p. 30. ISSN: 1758-2946.
- [25] E. Nosova, **F. Napolitano**, R. Amato, S. Cocozza, G. Miele, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “An improved combinatorial biclustering algorithm”. In: *Neural Computing and Applications* (2012). ISSN: 0941-0643, 1433-3058.
- [26] S. Perconti, G. Aceto, F. Verginelli, **F. Napolitano**, C. Petrarca, G. Bernardini, G. Raiconi, R. Tagliaferri, E. Sabbioni, M. Di Gioacchino, and R. Mariani-Costantini. “Distinctive gene expression profiles in Balb/3T3 cells exposed to low dose cobalt nanoparticles, microparticles and ions: potential nanotoxicological relevance.” In: *Journal of biological regulators and homeostatic agents* 27.2 (2012), pp. 443–454. ISSN: 0393-974X.
- [27] P. J. G. Lisboa, A. Vellido, R. Tagliaferri, **F. Napolitano**, M. Ceccarelli, J. D. Martin-Guerrero, and E. Biganzoli. “Data Mining in Cancer Research [Application Notes]”. In: *IEEE Computational Intelligence Magazine* 5.1 (2010), pp. 14–18.
- [28] S. Perconti, M. A. Gitana, **F. Napolitano**, E. Sabbioni, F. Verginelli, G. Raiconi, R. Tagliaferri, M. Di Gioacchin, and R. Mariani-Costantini. “Gene Expression Signatures in BALB3T3 Fibroblasts Exposed to Ionic Versus Ul- trafine Particulate Cobalt”. In: *Journal of Nutrigenetics and Nutrigenomics* 3.2-3 (2010), pp. 49–124. ISSN: 1661-6758, 1661-6499.
- [29] (**) I. Bifulco, C. Fedullo, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Multiple data structure discovery through global optimisation, meta clustering and consensus methods”. In: *International Journal of Knowledge Engineering and Soft Data Paradigms* 1.4 (2009), pp. 300–317. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [30] F. Verginelli, F. Bishehsari, **F. Napolitano**, M. Mahdavinia, A. Cama, R. Malekzadeh, G. Miele, G. Raiconi, R. Tagliaferri, and R. Mariani-Costantini. “Transitions at CpG Dinucleotides, Geographic Clustering of TP53 Mutations and Food Availability Patterns in Colorectal Cancer”. In: *PLoS ONE* 4.8 (2009), e6824.
- [31] (**) A. Ciaramella, S. Cocozza, F. Iorio, G. Miele, **F. Napolitano**, M. Pinelli, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Interactive data analysis and clustering of genomic data”. In: *Neural Networks* 21.2–3 (2008), pp. 368–378. ISSN: 0893-6080. (**) Authors appear in alphabetical order.

- [32] **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, A. Ciaramella, A. Staiano, and G. Miele. “Clustering and visualization approaches for human cell cycle gene expression data analysis”. In: *International Journal of Approximate Reasoning* 47 (2008), pp. 70–84. ISSN: 0888613X.

Atti di conferenze

- [33] P. Galdi, **F. Napolitano**, and R. Tagliaferri. “Consensus Clustering in Gene Expression”. In: *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics*. Ed. by C. D. Serio, P. Liò, A. Nonis, and R. Tagliaferri. Lecture Notes in Computer Science 8623. Springer International Publishing, 2015, pp. 57–67. ISBN: 978-3-319-24461-7.
- [34] (*) P. Galdi, **F. Napolitano**, and R. Tagliaferri. “A comparison between Affinity Propagation and assessment based methods in finding the best number of clusters”. In: *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics*. Ed. by C. Di Serio, P. Liò, A. Nonis, and R. Tagliaferri. Lecture Notes in Bioinformatics. Springer International Publishing, 2014. (*) First two authors equally contributed.
- [35] **F. Napolitano**, R. Tagliaferri, and P. Baldi. “An Adaptive Reference Point Approach to Efficiently Search Large Chemical Databases”. In: *Recent Advances of Neural Network Models and Applications*. Ed. by S. Bassis, A. Esposito, and F. C. Morabito. Springer International Publishing, 2014, pp. 63–74.
- [36] **F. Napolitano** and R. Tagliaferri. “Understanding , Communicating and Automatically Managing Bioinformatic Protocols”. In: *Proceedings of the CIBB 2011, 8-th International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics*. Gargnano-Lago di Garda, Italy: Elia Biganzoli, Andrea Tettamanzi, Alfredo Vellido, 2011. ISBN: 9788890643705.
- [37] **F. Napolitano**, R. Tagliaferri, and P. Baldi. “A scalable reference-point based algorithm to efficiently search large chemical databases”. In: *The 2010 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN)*. IEEE, 2010, pp. 1–6. ISBN: 978-1-4244-6916-1.
- [38] E. Nosova, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, S. Cocozza, R. Amato, and G. Miele. “Toward an Improved Combinatoric Algorithm”. In: *Proceedings of Network Tools and Applications in Biology NETTAB–BBCC*. Angelo Facchiano and Paolo Romano, 2010.
- [39] (**) I. Bifulco, C. Fedullo, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Global optimization, meta clustering and consensus clustering for class prediction”. In: *Proceedings of the 2009 international joint conference on Neural Networks*. IJCNN’09. Piscataway, NJ, USA: IEEE Press, 2009, pp. 1463–1470. ISBN: 978-1-4244-3549-4. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [40] (**) I. Bifulco, C. Fedullo, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Metaclustering and Consensus Algorithms for Interactive Data Analysis and Validation”. In: *WILF ’07 Proceedings of the 7th international workshop on Fuzzy Logic and Applications: Applications of Fuzzy Sets Theory*. Ed. by V. Gesù, S. K. Pal, and A. Petrosino. Vol. 5571. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2009, pp. 163–170. ISBN: 978-3-642-02281-4. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [41] (**) I. Bifulco, F. Iorio, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Interactive Visualization Tools for Meta-Clustering”. In: *Proceeding of the 2009 conference on New Directions in Neural Networks: 18th Italian Workshop on Neural Networks: WIRN 2008*. Amsterdam, The Netherlands, The Netherlands: IOS Press, 2009, pp. 223–231. ISBN: 978-1-58603-984-4. (**) Authors appear in alphabetical order.

- [42] (**) F. Bishehsari, M. Mahdavinia, R. Malekzadeh, R. Mariani-Costantini, G. Miele, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, and F. Verginelli. “A statistical pattern recognition analysis of TP53 mutation types and sites and dietary patterns”. In: *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics - Selected revised papers*. Vol. 5488. Lecture Notes in Computer Science. Berlin, Heidelberg : Springer Berlin Heidelberg, 2009. ISBN: 9783642025044. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [43] R. Tagliaferri, I. Bifulco, **F. Napolitano**, and G. Raiconi. “Interactive analysis of genomic data: The meta clustering and consensus approach”. In: *Statistical Methods for the Analysis of Large Data Sets*. Ed. by A. Di Ciaccio, M. Coli, I. Angulo, and M. Jose. Pescara: Cleup, 2009, pp. 183–186. ISBN: 9788861294257.
- [44] (**) I. Bifulco, C. Fedullo, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Robust Clustering by Aggregation and Intersection Methods”. In: *Knowledge-Based Intelligent Information and Engineering Systems*. Ed. by I. Lovrek, R. J. Howlett, and L. C. Jain. Vol. 5179. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2008, pp. 732–739. ISBN: 978-3-540-85566-8. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [45] (**) I. Bifulco, L. Murino, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Using Global Optimization to Explore Multiple Solutions of Clustering Problems”. In: *Knowledge-Based Intelligent Information and Engineering Systems*. Ed. by I. Lovrek, R. J. Howlett, and L. C. Jain. Vol. 5179. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2008, pp. 724–731. ISBN: 978-3-540-85566-8. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [46] (**) F. Bishehsari, M. Mahdavinia, R. Malekzadeh, R. Mariani-Costantini, G. Miele, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, and F. Verginelli. “PCA Based Feature Selection Applied to the Analysis of the International Variation in Diet”. In: *Applications of Fuzzy Sets Theory*. Ed. by F. Masulli, S. Mitra, and G. Pasi. Vol. 4578. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2007, pp. 551–556. ISBN: 978-3-540-73399-7. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [47] (**) A. Ciaramella, S. Cocozza, F. Iorio, G. Miele, **F. Napolitano**, M. Pinelli, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “Clustering, Assessment and Validation: an application to gene expression data.” In: *International Joint Conference on Neural Networks*. IEEE, 2007, pp. 1613–1618. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [48] A. Ciaramella, F. Iorio, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, G. Miele, and A. Staiano. “Data visualization and clustering: an application to gene expression data”. In: *Data analysis in astronomy; Proceedings of the International Workshop*. World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd., 2007, pp. 272–278. ISBN: 9789812779441.
- [49] (**) F. Iorio, G. Miele, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and R. Tagliaferri. “An interactive tool for data visualization and clustering”. In: *Proceedings of the 11th international conference, KES 2007 and XVII Italian workshop on neural networks conference on Knowledge-based intelligent information and engineering systems: Part III. KES’07/WIRN’07*. Vietri sul Mare, Italy: Springer-Verlag, 2007, pp. 870–877. ISBN: 978-3-540-74828-1. (**) Authors appear in alphabetical order.
- [50] R. Tagliaferri, A. Bertoni, F. Iorio, G. Miele, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and G. Valentini. “A Review on clustering and visualization methodologies for Genomic data analysis”. In: *Workshop on Computational Intelligence approaches for the analysis of Bioinformatics data, IJCNN 2007* (2007).
- [51] R. Tagliaferri, F. Iorio, **F. Napolitano**, G. Raiconi, and G. Miele. “Interactive Machine Learning Tools For Data Analysis”. In: *Proceedings of the 6th International Workshop on Data Analysis in Astronomy*. World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd., 2007, pp. 264–271. ISBN: 9789812779441.

- [52] A. Ciaramella, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, G. Miele, G. Longo, and A. Staiano. "A Multi-step Approach for Scientific Data Exploration". In: *Proceedings of British HCI 2006 Workshop – Combining Visualisation and Interaction to Facilitate Scientific Exploration and Discovery*. London, UK, 2006.

Capitoli di libri

- [53] **F. Napolitano**. "Technical Tools for Computational Drug Repositioning". In: *Drug Repositioning: Approaches and Applications for Neurotherapeutics*. Ed. by J. Dudley and B. Laura. Boca Raton, US: CRC Press-Taylor & Francis Group, 2017.

Nota: ulteriori dettagli sono contenuti all'interno del documento "Francesco Napolitano - titoli culturali, professionali e di servizio", allegato a questo CV.

11/08/2021

A handwritten signature in black ink, appearing to read "Francesco Napolitano". The signature is fluid and cursive, with a long horizontal stroke at the end.