

Francesco Napolitano

Curriculum Vitae

Biografia breve

F.N. è Professore Associato di Bioinformatica presso l'Università degli Studi del Sannio di Benevento. È M.Sc. e Ph.D. in Informatica, con specializzazione in Analisi dei Dati e Apprendimento Automatico. I suoi principali interessi di ricerca ricadono nell'applicazione di Modelli Computazionali, ed in particolar modo di Intelligenza Artificiale, all'analisi di dati bioinformatici complessi, tra i quali spiccano quelli -omici e le loro applicazioni in ambito diagnostico e terapeutico. F.N. ha sviluppato e pubblicato strumenti software nelle aree dell'Analisi dei Dati e della Ricerca Riproducibile. È autore di 62 pubblicazioni scientifiche e docente di diversi corsi nell'ambito dell'Informatica e della Bioinformatica.

Posizioni nella ricerca

Dic 2024-in corso	Professore Associato , <i>Università degli Studi del Sannio, Benevento, Italy</i> , Dpt. di Scienze e Tecnologie
Dic 2021-Dic 2024	Ricercatore RTDb , <i>Università degli Studi del Sannio, Benevento, Italy</i> , Dpt. di Scienze e Tecnologie
Mar 2019-Dic 2021	Research Scientist , <i>King Abdullah University of Science and Technology (KAUST), Arabia Saudita</i> , Computational Bioscience Research Center, Structural and Functional Bioinformatics Group Intelligenza Artificiale per la scoperta di farmaci nel tumore al seno
Nov 2012-Mar 2019	Ricercatore Postdottorale Senior , <i>Telethon Institute of Genetics and Medicine (TIGEM), Napoli, Italia</i> , Systems and Synthetic Biology lab Trascrittoma comparativa per l'investigazione di meccanismi patologici e terapeutici.
Apr-Ott 2012	Assegnista di Ricerca , <i>Università degli Studi di Salerno, Salerno, Italia</i> , Dpt. di Matematica e Informatica Machine Learning per l'integrazione di dati omici.
2010-Mar 2012	Ricercatore post-dottorale , <i>Università "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Chieti, Italia</i> , Dpt. di Scienze Mediche e Biologiche Analisi bioinformatica di dati omici in paraganglioma

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 , <i>Lipari International Summer School on Bioinformatics and Computational Biology</i>
	Laurea (V.O.)
2006	Università di Salerno, Fisciano (SA) , <i>Informatica, curriculum Modelli</i>
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 , <i>Institute of Biotechnology, University of Helsinki, Finland – Prof. Dario Greco</i>
	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 , <i>Institute of Genomics and Bioinformatics, University of California, Irvine – Prof. P. Baldi</i>
	Argomento principale: studio della modellizzazione delle strutture chimiche e della loro ricerca in database di grandi dimensioni

Finanziamenti ricevuti attraverso bandi competitivi

Grant PRIN come Responsabile di Unità

Ente finanziatore	Ministero dell'Università e della Ricerca, programma PRIN.
Periodo	Novembre 2023 - in corso
Titolo del progetto	Drug repositioning for Retinitis Pigmentosa by an artificial intelligence application to single-cell transcriptomics

Zhinerger (Grant come collaboratore progetto MUR)

Ente finanziatore	MUR
Periodo	2025
Titolo del progetto	A multiscale integrated approach to the study of the nervous system in health and disease. - Zhinerger (PNRR PE00000006 - CUP E63C22002170007)
Coordinatore	Lorella Maria Teresa Canzoniero, Università del Sannio di Benevento

Research Grant come Co-PI

Ente finanziatore	King Abdullah University of Science and Technology
Periodo	July 2021- June 2022
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
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)

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
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)
Titolo del progetto	Integration of Bioinformatic data by means of Machine Learning and Computational Intelligence techniques.

Altri riconoscimenti

15 Giu 2023	MUR , <i>Abilitazione Scientifica Nazionale, settore concorsuale 09-H1</i>
29 Apr 2021	MIUR , <i>Abilitazione Scientifica Nazionale, settore concorsuale 01/B1</i>
5 Ott 2017	Istituto per le Applicazioni del Calcolo (IAC), Naples, Italy , <i>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</i>
20-21 Mar 2013	Harvard Medical School, Boston, MA, USA , <i>Travel Award by The Broad Institute of MIT and Harvard</i>

Attività di insegnamento

2021-in corso	Università degli studi del Sannio , <i>Docente e membro delle commissioni esaminatrici</i> Corsi di Informatica e Bioinformatica all'interno dei Corsi di Laurea Triennale e Magistrale nelle aree della Biotecnologia e della Biologia.
Apr 2020	Università Federico II di Napoli , <i>Corso di Dottorato</i> 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) , <i>Corsi di Dottorato</i> 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 , <i>Scuola estiva</i> Lecturer per la Summer School su "Chemical and genomics-based strategies in the discovery of novel drug targets".
2011	Università di Salerno , <i>Culture della materia</i> codocenza al corso "Computational Biology" (2 semestri).
2007-2011	Università di Salerno , <i>Culture della materia</i> codocenza e supporto agli esami per i corsi "Architetture degli Elaboratori" e "Reti Neurali" (6 semestri).
2010-2011	Università di Salerno , <i>Scuola estiva</i> Tutor and Lecturer per la scuola "Lifelong Intensive Program Erasmus in Microarray Data Analysis", eds. 2010 and 2011.

Supervisione di Tesi

- 2025 **Università del Sannio di Benevento**, *Triennale in Scienze Biologiche*
Chiara Cincielli Gabriele, Meta-analisi degli studi di trascrittomici in endometriosi: prospettive per target terapeutici
- 2025 **Università del Sannio di Benevento**, *Triennale in Biotecnologia*
Manuel Maio, IA e farmacologia: un'analisi di knowledge probing su DeepSeek
- 2023 **Università del Sannio di Benevento**, *Triennale in Biotecnologia*
Donatella Pierri, Studio del centrosoma attraverso dati disponibili di trascrittomici.
- 2023 **Università del Sannio di Benevento**, *Triennale in Biotecnologia*
Francesco Saccomando Ciaramella, Metodi computazionali per la ricerca di una terapia differenziale nel glioblastoma.
- 2022 **Università del Sannio di Benevento**, *Triennale in Biotecnologia*
Felicità Masone, Trascrittomici spaziale: effetti del trattamento con eme sull'espressione genica nel tessuto cerebrale murino in funzione della distanza dal sito di iniezione.
- 2022 **King Abdullah University of Science and Technology**, *Master Degree in Computer Science*
Reem Abdulmuti Alsulami, Deconfounding and Generating Embeddings of Drug-Induced Gene Expression Profiles Using Deep Learning for Drug Repositioning Applications
- 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 Barbuto, 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.

Attività editoriale e organizzativa

- dal 2022 **Editor Associato**, *Frontiers in Artificial Intelligence*
- dal 2022 **Editor Associato**, *Frontiers in Big Data*
- dal 2021 **Editor Associato**, *Frontiers in Neurogenomics*
- dal 2019 **Editor Associato**, *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*.
- 2023-24 **General Chair**, *Università del Sannio di Benevento*
 19th Edition of the International Conference "Computational Intelligence for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB)".
- 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 **gep2pep: pacchetto R Bioconductor**, *Implementa i metodi descritti in [9] e [8], 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 [9] e Gene2Drug analysis [8]).
- 2015 **repo: pacchetto R pubblicato su CRAN**, *Descritto in [23], disponibile in: <https://cran.r-project.org/package=repo>*
Gestione data-centered di pipeline bioinformatiche
- 2011 **pyLeaf: pacchetto Python pubblicato su PyPI**, *Descritto in [32], 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: [49], 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.

Pubblicazioni

Metriche (dati aggiornati ad Agosto 2024)

Tutte le pubblicazioni	62 (19 come primo autore, 10 come corresponding author)
Articoli in rivista	38
Preprint	3
Atti di conferenze	21
Capitoli di libri	1
H-index	Scopus: 15, Google Scholar: 18
Totale citazioni	Scopus: 984, Google Scholar: 1.382
Impact Factor totale (2007-2021)	172,823
Impact Factor medio (2007-2021)	4,7135
Numero medio di citazioni (2007-2021)	12,85

Pubblicazioni scelte

- [1] M. Pisani, F. Calandra, A. Rinaldi, F. Cella, F. Tedeschi, I. Boffa, D. Vozzi, N. Brunetti-Pierri, A. Carissimo, **F. Napolitano**, and V. Siciliano. “Computational Identification of Small Molecules for Increased Gene Expression by Synthetic Circuits in Mammalian

- Cells". In: *Nature Communications* 16.1 (Aug. 2025), p. 7160. ISSN: 2041-1723. DOI: 10.1038/s41467-025-62529-9. (Visited on 09/19/2025).
- [2] Z. Li, A. Napolitano, M. Fedele, X. Gao, and **F. Napolitano**. "AI identifies potent inducers of breast cancer stem cell differentiation based on adversarial learning from gene expression data". In: *Briefings in Bioinformatics* 25.3 (May 1, 2024), bbae207. ISSN: 1477-4054. DOI: 10.1093/bib/bbae207.
 - [3] (*) T. J. Rintala, **F. Napolitano**, and V. Fortino. "Multi-Task Deep Latent Spaces for Cancer Survival and Drug Sensitivity Prediction". In: *Bioinformatics* 40.Supplement_2 (Sept. 2024), pp. ii182–ii189. ISSN: 1367-4811. DOI: 10.1093/bioinformatics/btae388. (Visited on 02/11/2025). (*) FN is co-corresponding author.
 - [4] (*) **F. Napolitano**, X. Xu, and X. Gao. "Impact of computational approaches in the fight against COVID-19: an AI guided review of 17 000 studies". In: *Briefings in Bioinformatics* (Nov. 2021). bbab456. ISSN: 1477-4054. DOI: 10.1093/bib/bbab456. (*) FN is co-first author and co-corresponding author.
 - [5] (*) G. M. Messa, **F. Napolitano**, S. H. Elsea, D. di Bernardo, and X. Gao. "Titolo A Siamese neural network model for the prioritization of metabolic disorders by integrating real and simulated data". In: *Bioinformatics* 36 (Dec. 2020), pp. i787–i794. ISSN: 1367-4803. DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa841. (*) FN is co-first author and co-corresponding author. Accepted at the European Conference on Computational Biology (ECCB).
 - [6] **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.
 - [7] (*) **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.
 - [8] **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).
 - [9] **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.
 - [10] **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.

Altre pubblicazioni - preprint

- [11] F. P. Masone and **F. Napolitano**. "Identification of treatment-responsive genes in spatial transcriptomics data by leveraging injection site information". In: *bioRxiv* (2023). DOI: 10.1101/2023.06.30.547203.
- [12] **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>.

Altre pubblicazioni - articoli in rivista

- [13] M. C. Costa, C. Angelini, M. Franzese, C. Iside, M. Salvatore, L. Laezza, **F. Napolitano**, and M. Ceccarelli. “Identification of therapeutic targets in osteoarthritis by combining heterogeneous transcriptional datasets, drug-induced expression profiles, and known drug-target interactions”. In: *Journal of Translational Medicine* 22.1 (Mar. 15, 2024), p. 281. ISSN: 1479-5876. DOI: 10.1186/s12967-024-05006-z.
- [14] G. Giordano, G. Cipolletta, A. Mellone, G. Puopolo, L. Coppola, E. De Santis, N. Forte, **F. Napolitano**, F. P. Caruso, P. Parente, M. Landriscina, L. Cerulo, M. C. Costa, and M. Pancione. “Altered centriolar cohesion by CEP250 and appendages impact outcome of patients with pancreatic cancer”. In: *Pancreatology* (June 25, 2024). ISSN: 1424-3903. DOI: 10.1016/j.pan.2024.06.010.
- [15] S. Albaradei, **F. Napolitano**, M. A. Thafar, T. Gojobori, M. Essack, and X. Gao. “MetaCancer: A deep learning-based pan-cancer metastasis prediction model developed using multi-omics data”. In: *Computational and Structural Biotechnology Journal* 19 (2021), pp. 4404–4411. ISSN: 2001-0370.
- [16] 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. Grünwald, 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.
- [17] 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.
- [18] (*) 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 (Oct. 2020), pp. 164340–164346. ISSN: 2169-3536. DOI: 10.1109/access.2020.3021656. (*) First two authors equally contributed.
- [19] M. Concilli, R. Petruzzelli, S. Parisi, F. Catalano, F. Sirci, **F. Napolitano**, M. Renda, L. J. Galletta, 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.
- [20] 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.
- [21] (*) 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.
- [22] 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.

- [23] **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.
- [24] (*) 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.
- [25] 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.
- [26] 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. Galletta. “Goblet Cell Hyperplasia Requires High Bicarbonate Transport To Support Mucin Release”. In: *Scientific Reports* 6 (Oct. 27, 2016), p. 36016. ISSN: 2045-2322.
- [27] (*) 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.
- [28] E. Pesce, G. Gorrieri, F. Sirci, **F. Napolitano**, D. Carrella, E. Caci, V. Tomati, O. Zegarra-Moran, D. di Bernardo, and L. Galletta. “Evaluation of a Systems Biology approach to identify pharmacological correctors of the mutant CFTR chloride channel”. In: *Journal of Cystic Fibrosis* (2016).
- [29] M. Cozzolino, A. Ciatelli, 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.
- [30] 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.
- [31] 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.
- [32] **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.
- [33] 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.
- [34] 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.

- [35] 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.
- [36] 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 Ultrafine Particulate Cobalt”. In: *Journal of Nutrigenetics and Nutrigenomics* 3.2-3 (2010), pp. 49–124. ISSN: 1661-6758, 1661-6499.
- [37] (**) 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.
- [38] 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.
- [39] (**) 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.
- [40] **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.

Altre pubblicazioni - Atti di conferenze

- [41] L. Faretra, A. Ammendola, M. Pancione, **F. Napolitano**, and L. Cerulo. “Identification of Differential Alternative Splicing Events: Assessing Tools Performance with Different Sequencing Parameters”. In: *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics*. Ed. by L. Cerulo, **F. Napolitano**, F. Bardozzo, L. Cheng, A. Occhipinti, and S. M. Pagnotta. Vol. 15276. Cham: Springer Nature Switzerland, 2025, pp. 28–42. ISBN: 978-3-031-89703-0 978-3-031-89704-7. DOI: 10.1007/978-3-031-89704-7_3. (Visited on 09/19/2025).
- [42] 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.
- [43] (*) 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.
- [44] **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.
- [45] **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.

- [46] **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.
- [47] E. Nosova, **F. Napolitano**, G. Raiconi, R. Tagliaferri, S. Coccozza, 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.
- [48] (**) 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.
- [49] (**) 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.
- [50] (**) 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.
- [51] (**) 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.
- [52] 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.
- [53] (**) 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.
- [54] (**) 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.
- [55] (**) 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.

- [56] (**) A. Ciaramella, S. Coccozza, 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.
- [57] 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.
- [58] (**) 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.
- [59] 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).
- [60] 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.
- [61] 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.

Altre pubblicazioni - Capitoli di libri

- [62] **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.

Si autorizza il trattamento dei dati personali ai sensi della vigente normativa sulla privacy – D.lgs. n. 196/2003 e ss.mm.ii. ed ex articolo 13 del Regolamento Europeo 2016/679 (GDPR).

Francesco Napolitano