

INFORMAZIONI PERSONALI

Giulia Fiscon **ORCID** <https://orcid.org/0000-0002-3354-8203>

ESPERIENZA LAVORATIVA

14/06/2025 – ora

Professore Associato in Bioingegneria

Dipartimento di Scienze umane e di promozione della qualità della vita
Università Telematica San Raffaele, Roma (Italia)

SSD, GSD: IBIO-01/A, 09/IBIO-01

22/12/2021 – 13/06/2025

Ricercatrice universitaria tempo determinato (tipologia A)

Dipartimento di Ingegneria informatica automatica e gestionale Antonio Ruberti (DIAG)
Università degli studi di Roma La Sapienza, Roma (Italia)

SSD, GSD: IBIO-01/A, 09/IBIO-01

1/10/2021 – 30/11/2021

Assegnista di ricerca post-dottorale

Dipartimento di Ingegneria informatica automatica e gestionale Antonio Ruberti (DIAG)
Università degli studi di Roma La Sapienza, Roma (Italia)

Ruolo: Post-Doc**Titolo del progetto:** BiBiNet: Big Biocancer Networks - Analisi di network biologici per l'identificazione di marcatori e riposizionamento di molecole attive.**Principali attività:**

- Attività di ricerca svolta nell'ambito della network medicine, medicina computazionale, bioinformatica e biologia dei sistemi
- Divulgazione scientifica e pubblicazione dei risultati ottenuti
- Attività didattica

Numero di protocollo: Prot. n. 2363 of 07/09/2021

16/09/2020 – 15/09/2021

Incarico di collaborazione

Fondazione per la Medicina Personalizzata (FMP)
Roma (Italia)

Ruolo: Ingegnere Biomedico**Titolo del progetto:** Sviluppo di una metodologia nell'ambito della Network Medicine per la medicina personalizzata in oncologia**Principali attività:**

- Attività di ricerca svolta nell'ambito della network medicine, medicina computazionale, bioinformatica e biologia dei sistemi
- Divulgazione scientifica e pubblicazione dei risultati ottenuti
- Attività didattica

2/11/2017 – 15/09/2020

Assegnista di ricerca post-dottorale

Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A. Ruberti" (IASI)
Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia)

Ruolo: Post-Doc**Titolo del progetto:** Bioinformatics analysis and systems biology approach for the study of human cancers and neurodegenerative diseases

Principali attività:

- Attività di ricerca svolta nell'ambito della network medicine, medicina computazionale, bioinformatica e biologia dei sistemi
- Attività svolta all'interno del progetto MoDiag 2020
- Divulgazione scientifica e pubblicazione dei risultati ottenuti
- Attività didattica

Numero di protocollo: Prot. n. 0000842 del 02/11/2017

01/11/2018 — 02/05/2019 Incarico di collaborazione

ACT Operations Research (ACTOR)
Roma (Italia)

Ruolo: Ingegnere Biomedico

Titolo del progetto: Sviluppo di modelli per la diagnosi precoce di malattie neurodegenerative (Progetto MoDiag)

2/11/2015 – 31/10/2017 Assegnista di ricerca post-dottorale

Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A. Ruberti" (IASI)
Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia)

Ruolo: Post-Doc

Titolo del progetto: A bioinformatic approach to the development of cancer biomarkers via mirna regulation network (cerna) and transcripts stability control

Principali attività:

- Attività di ricerca svolta nell'ambito della bioinformatica e biologia dei sistemi
- Attività di ricerca svolta all'interno del Progetto Bandiera Epigenomica (EPIGEN)
- Divulgazione scientifica e pubblicazione dei risultati ottenuti
- Attività didattica

Numero di protocollo: Prot. n. 0000637 del 30/10/2015

12/02/2013 — ora Ingegnere Biomedico

Iscrizione all'albo dell'Ordine degli Ingegneri della Provincia di Roma
<https://www.ording.roma.it/albo/index.aspx>

Sezione: Industriale

Specializzazione: Ingegnere Biomedico

N. iscrizione: 33933 Sezione A

Data iscrizione: 12/02/2013

23/11/2012 — 22/12/2012 Incarico di collaborazione

Institute for Systems Analysis and Computer Science "A. Ruberti" (IASI)
National Research Council, Roma (Italia)

Ruolo: Ingegnere Biomedico

Titolo del progetto: Validazione di un algoritmo per il confronto tra strutture secondarie di RNA non codificanti

Numero di protocollo: Prot. N. 0000453 del 7/11/2012

**ASN - ABILITAZIONE
SCIENTIFICA NAZIONALE**

15/06/2023-ora **09/IBIO-01 - BIOINGEGNERIA (SC ex D.M. 855/2015: 09/G2): Il Fascia (PA)**

09/06/2023-ora **06/MEDS-26 - SCIENZE TECNICHE DI MEDICINA DI LABORATORIO, SCIENZE DELLE PROFESSIONI SANITARIE TECNICHE DIAGNOSTICHE, ASSISTENZIALI E DELLA PREVENZIONE, SCIENZE DELLE PROFESSIONI SANITARIE DELLA RIABILITAZIONE, SCIENZE TECNICHE MEDICHE E CHIRURGICHE AVANZATE (SC ex D.M. 855/2015: 06/N1): Il Fascia (PA)**

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 01/11/2012 — 31/10/2015 **Dottorato di ricerca in Ingegneria Informatica**
Dipartimento di Ingegneria informatica automatica e gestionale Antonio Ruberti (DIAG)
Università degli studi di Roma La Sapienza, Roma (Italia)
Titolo della tesi: Bioinformatics Algorithms For Knowledge Extraction In Biomedical Data
Relatore (DIAG): Prof. Alberto Marchetti-Spaccamela
Tutor (IASI-CNR): Drs. Paola Bertolazzi, Drs. Paola Paci
Giudizio: Ottimo
Data conseguimento titolo: 03/02/2016
Principali attività:
 - Attività di ricerca nell'ambito dello sviluppo di algoritmi bioinformatici per l'estrazione di conoscenza da dati biomedici
 - Attività di ricerca svolta all'interno del Progetto Bandiera Epigenomica (EPIGEN)
 - Divulgazione scientifica e pubblicazione dei risultati ottenuti
 - Partecipazione a conferenze e workshop internazionali, scuole di dottorato
 - Attività didattica
- 11/2012–12/2012 **Conseguimento Esame di Stato per l'Abilitazione all'esercizio della professione di Ingegnere**
- 02/11/2010 — 19/07/2012 **Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica**
Università Campus Biomedico di Roma
Ingegneria Biomedica classe LM-21 (D.M. 270/04)
Media: 29.94/30
Titolo della tesi: Analisi strutturale dei long non-coding RNA nei processi epigenetici umani
Relatore: Prof. Giulio Iannello
Co-Relatore: Prof. Paola Paci, Drs. Teresa Colombo
Votazione: 110/110 e lode
Data conseguimento titolo: 19/07/2012
- 02/11/2010 — 19/07/2012 **Laurea Triennale in Ingegneria Biomedica**
Università Campus Biomedico di Roma
Classe delle lauree in Ingegneria Industriale 10 (DM 509/99)
Media: 29.19/30
Titolo della tesi: Il filtro di Kalman per l'analisi dei geni del lievito
Relatore: Prof. Alfredo Germani
Co-Relatore: Prof. Paola Paci
Votazione: 110/110 e lode
Data conseguimento titolo: 23/07/2010
- 02/11/2010 — 19/07/2012 **Maturità classica**
Liceo Ginnasio Statale Augusto di Roma, Roma (Italia)
Votazione: 100/100
Data conseguimento titolo: 23/07/2007

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Inglese	C1	C2	B2	B2	C1

Livelli: A1 e A2: Utente base – B1 e B2: Utente autonomo – C1 e C2: Utente avanzato
[Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue](#)

- Competenze professionali**
- Ottime competenze professionali nel campo della biologia computazionale, medicina computazionale e della bioinformatica acquisite durante il progetto di tesi per la laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, il dottorato in Ingegneria Informatica e l'attività di ricerca Post-dottorale e documentate dal numero di pubblicazioni su riviste internazionali, dalla attività didattica, dalla partecipazione a convegni internazionali come relatore.
 - Ottime conoscenze della matematica, dell'informatica applicata alla biomedicina e delle numerose applicazioni ingegneristiche biomedicali acquisite durante il corso di laurea in Ingegneria Biomedica, il dottorato in Ingegneria Informatica e documentate sia dai risultati scientifici che dall'attività di didattica.

- Competenze comunicative**
- Ottime competenze comunicative acquisite durante gli anni di dottorato di ricerca e le esperienze di didattica all'università
 - Ottime competenze relazionali acquisite durante il volontariato e le esperienze didattiche

- Competenze organizzative e gestionali**
- Buone competenze organizzative e gestionali testimoniate dal ruolo di relatore/correlatore di tesi.
 - Buone competenze nel lavoro individuale e in gruppo
 - Buone competenze nell'organizzare il proprio lavoro a fronte di scadenze

Competenze digitali

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

[Competenze digitali - Scheda per l'autovalutazione](#)

- **Programmi d'ufficio:** Ampia esperienza con Microsoft Office suite, LATEX e Adobe Creative Suite.
- **Programmi di calcolo:** Ottima conoscenza del linguaggio di calcolo tecnico e ambiente MATLAB e dell'ambiente di sviluppo R.
- **Sistemi Operativi:** Ampia esperienza con Microsoft Windows; conoscenza di MacOS.

Patente di guida B

PROGETTI DI RICERCA

2024-2025

Progetto di Ricerca Università di Roma La Sapienza (Progetti di Ateneo 2024):

- **RUOLO:** Principal Investigator (trasferimento ruolo PI progetto il 13/06/2025 per presa servizio presso Ateneo San Raffaele)
- **TITOLO:** A bioinformatics workflow to analyze omics data for network-based patients subtyping in human complex diseases
- **NUMERO DI PROTOCOLLO:** RM1241910FFBE448
- **ENTE FINANZIATORE:** Sapienza University of Rome
- **DURATA:** 36 mesi
- **PERIODO ATTIVITÀ:** 20/5/2025–20/5/2028
- **FINANZIAMENTO:** 10440 EUR

- 2022 Progetto Ricerca Finalizzata 2021 (Progetti ordinari giovani ricercatori (GR) change promoting):**
- RUOLO: Responsabile di unità locale
 - TITOLO: Academic, open label, phase I clinical trial on the use of fresh, allogeneic CD19-CAR T cells for treatment of children with relapsed/refractory B-cell Acute Lymphoblastic Leukemia
 - NUMERO DI PROTOCOLLO: GR-2021-12372614
 - ENTE FINANZIATORE: Ministero della Salute, Italy
 - DURATA: 36 mesi
 - PERIODO ATTIVITÀ: 30/04/2023–01/05/2026
 - FINANZIAMENTO: 64460 EUR
- 2022 Progetto di Ricerca Università di Roma La Sapienza (Progetti di Ateneo 2022):**
- RUOLO: Principal Investigator
 - TITOLO: A network-based approach for in-silico identification of drug-repurposing opportunities for the treatment of neurological diseases
 - NUMERO DI PROTOCOLLO: RP12218139131053
 - ENTE FINANZIATORE: Sapienza University of Rome
 - DURATA: 24 mesi
 - PERIODO ATTIVITÀ: 22/12/2022–22/12/2024
 - FINANZIAMENTO: 3167 EUR
- 2022 KI Network Medicine Global Alliance (KI NMA) grant:**
- RUOLO: Responsabile di unità locale
 - TITOLO: Network-based analysis to identify novel therapeutic target for the hepatocellular carcinoma
 - NUMERO DI PROTOCOLLO: H555301283
 - ENTE FINANZIATORE: Karolinska Institutet, Stockholm
 - DURATA: 12 mesi
 - PERIODO ATTIVITÀ: 26/10/2022–26/10/2023
 - FINANZIAMENTO: 10000 EUR
- 2014 Progetto di Avvio alla Ricerca Università di Roma La Sapienza (Progetti di Ateneo 2014):**
- RUOLO: principal investigator
 - TITOLO: Development of algorithms to analyze the secondary structures of RNA molecules
 - NUMERO DI PROTOCOLLO: Prot. n. 0042358 del 15/07/2014 (bando n. 0019665-31/03/2014, modello n. C26N14FWH2)
 - ENTE FINANZIATORE: Sapienza University of Rome
 - DURATA: 12 mesi
 - PERIODO ATTIVITÀ: 15/07/2014–15/07/2015
 - FINANZIAMENTO: 1500 EUR

RICONOSCIMENTI E PREMI

- 2022 Research Award (2000 EUR)** della Regione Lazio per la qualità scientifica degli articoli, monografie e delle rispettive riviste e/o case editrici su cui sono stati pubblicati nell'ambito del Programma Fondo Sociale Europeo Plus (FSE+) 2021- 2027 - "Contributi premiali per i ricercatori e assegnisti di ricerca per rafforzarne la condizione professionale e potenziare il sistema della ricerca del Lazio"
- 2018 Best poster award** della Bioinformatics Italian Society (BITS) presso 15th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society - BITS2018, Torino (Italia):
- **Autori:** Giulia Ficon, Federica Conte, Paola Paci
 - **Titolo:** SWIM tool identifies specific genes controlling glioblastoma stem-like cells fate
- 2018 Travel grant** della Bioinformatics Italian Society per partecipare al 15th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society - BITS2018, 27-29 Giugno 2018 27th-29th 2018, Torino (Italia).

- 2016 **Best Poster Award** (500 USD) dell' IEEE Technical Committee on Computational LifeScience Society (TCCLS) presso Lipari School on Computational Microbiology and Microbiome-Based Medicine, Lipari (Italia):
- **Autori:** Giulia Fiscon, Federica Conte, Teresa Colombo, Lorenzo Farina, Paola Paci.
 - **Titolo:** Integrated network analysis for studying human lung squamous cell carcinoma.
- 2015 **F1000 Research Award**(465 USD) per la presentazione orale presso the 11th ISCB Student Council Symposium 2015 of ISMB/ECCB 2015, Dublino (Ireland):
- **Autori:** Giulia Fiscon, Emanuel Weitschek, Massimo Ciccozzi, Paola Bertolazzi, Giovanni Felici.
 - **Titolo:** A novel feature selection-based method to extract equivalent adjacent solutions to classify viral genome sequences.
- 2014 **Travel grant** dell' European Molecular Biology Organization (EMBO) per partecipare all'EMBO practical course 2014 on Bioinformatics and genomes analyses, Atene (Grecia).
- 2014 **Travel grant** of EPIGEN flagship project to attend the NGS and Data analysis workshop, Istituto di Genomica Applicata (IGA), Udine (Italia).
- 2014 **Travel grant** dell'Associazione European Operational Research Societies (EURO) per partecipare IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine (CBBM 2014), Poznań - Biedrusko (Polonia).
- 2013 **Travel grant** del progetto bandiera EPIGEN per partecipare al FEBS workshop on Translating Epigenomes into Function: a Next Generation Challenge for Human Disease, Capri (Italia).
- 2013 **Travel grant** del progetto bandiera EPIGEN per partecipare al the EPIGEN Methylome Analysis Workshop, Università di Padova (Italia).

ATTIVITÀ DIDATTICA

a.a. 2025–2026

Docente responsabile dell'insegnamento *Elementi di Bioinformatica* (8 CFU - SSD IBIO-01/A, ex ING-INF/06) corso di laurea magistrale in Ingegneria Informatica e dell'Intelligenza Artificiale Applicata. Università Telematica San Raffaele, Roma.

Docente responsabile dell'insegnamento *Metodi e modelli per l'elaborazione di segnali biomedici* (8 CFU - SSD IBIO-01/A, ex ING-INF/06) corso di laurea in Ingegneria Biomedica. Università Telematica San Raffaele, Roma.

Cultore della materia per *Bioingegneria per la Genomica* (6 CFU - SSD IBIO-01/A, ex ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Cultore della materia per *Bioinformatics II* (6 CFU - SSD IBIO-01/A, ex ING-INF/06) corso di laurea in Bioinformatics, Inter Facoltà di Farmacia e Medicina, Ingegneria dell'informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università di Roma la Sapienza. Corso erogato in lingua inglese.

Dall'a.a. 2022–2023
all'a.a.2024-2025

Docente responsabile dell'insegnamento *Bioinformatics* (6 CFU - SSD IBIO-01/A, ex ING-INF/06) corso di laurea magistrale in Engineering in Computer Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza. Corso erogato in lingua inglese.

a.a. 2023–2024

Lezione per il Master di II livello in *ONcologia mutazionale e Medicina di Precisione*, Dipartimento di Scienze radiologiche, oncologiche e anatomo-patologiche, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Docente del modulo 3 del corso: 2023 ABRO Course on Advances in Bioengineering: Future trends in bioengineering and bioinformatics. nell'ambito del Dottorato in Automatic Control, Bioengineering and Operations Research (ABRO), Sapienza University of Rome. Corso erogato in lingua inglese.

a.a. 2021–2022

Docente responsabile di 3 CFU dell'insegnamento *Digital Epidemiology and Precision Medicine* (6 CFU - SSD ING-INF/06) corso di laurea magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza. Corso erogato in lingua inglese.

Cultore della materia per *Bioingegneria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Cultore della materia per *Bioinformatics II* (6 CFU - SSD ING-INF/06) corso di laurea in Bioinformatics, Inter Facoltà di Farmacia e Medicina, Ingegneria dell'informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università di Roma la Sapienza. Corso erogato in lingua inglese.

a.a. 2020–2021

Ciclo di lezioni per il Master di II livello in *Immuno Oncologia*, Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Ciclo di lezioni per il corso di dottorato in *Network Oncology and Precision Medicine*, Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Docente responsabile di 3 CFU di didattica integrativa dell'insegnamento *Digital Epidemiology and Precision Medicine* corso di laurea magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza (Prot. n. 32/2021 del 11/03/2021). Corso erogato in lingua inglese.

Cultore della materia per *Bioingegneria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Cultore della materia per *Bioinformatics II* (6 CFU - SSD ING-INF/06) corso di laurea in Bioinformatics, Inter Facoltà di Farmacia e Medicina, Ingegneria dell'informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università di Roma la Sapienza. Corso erogato in lingua inglese.

a.a. 2019–2020

Docente responsabile di 3 CFU in *Digital Epidemiology* (6 CFU - SSD ING-INF/06) corso di laurea magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Università di Roma la Sapienza (Prot. n. 2873 del 02/12/2019). Corso erogato in lingua inglese.

Tutor dell'insegnamento *Bioingegneria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università di Roma la Sapienza.

a.a. 2018–2019

Ciclo di lezioni per l'insegnamento *Bioingegneria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università di Roma la Sapienza.

a.a. 2017–2018

Docente responsabile di 6 CFU dell'insegnamento *Bioinformatica* (9 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università di Roma la Sapienza (delibera del Senato Accademico del 11/07/2017).

Docente titolare dell'insegnamento di *Idoneità Informatica* (3 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Economia e gestione delle imprese, Facoltà di Economia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 6616 del 15/12/2017).

Docente titolare dell'insegnamento di *Information Management* (3 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Economia e gestione delle imprese, Facoltà di Economia, Università Telematica Uninettuno. Corso erogato in lingua Inglese (Prot. n. 6618 del 15/12/2017).

Docente titolare dell'insegnamento di *Elementi di Informatica* (9 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Discipline Psicosociali, Facoltà di Psicologia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 6736 del 15/12/2017).

Tutor dell'insegnamento di *Informatica per la comunicazione digitale* (6 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Comunicazione, Media e Pubblicità, Facoltà di Scienza della comunicazione, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 6687 del 15/12/2017).

Ciclo di lezioni dal titolo: "Modelli e algoritmi di bioinformatica" all'interno del percorso di alternanza scuola-lavoro presso lo IASI-CNR - 6 Aprile 2018.

a.a. 2016–2017

Tutor dell'insegnamento *Bioinformatica* (9 CFU - SSD ING-INF/06), corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università di Roma la Sapienza.

Ciclo di lezioni di Bioinformatica per l'insegnamento di *Biologia Molecolare dei Processi Mentali* (6 CFU - SSD BIO/11) del corso di Laurea Magistrale in Neurobiologia, Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università di Roma la Sapienza.

Ciclo di Lezioni di Microsoft Excel per l'insegnamento di *Fondamenti di matematica e statistica - Informatica* (3 CFU - SSD INF/01) del corso di laurea triennale in Scienze Farmaceutiche Applicate, Facoltà di Farmacia e Medicina, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Ciclo di Lezioni di Bioinformatica per l'insegnamento *Biology of the cell* (6CFU - SSD BIO/13) del corso di laurea triennale in Bioinformatics, Università degli studi di Roma La Sapienza (Corso erogato in Lingua Inglese).

Docente titolare dell'insegnamento di *Information Management* (3 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Economia e gestione delle imprese, Facoltà di Economia, Università Telematica Uninettuno. Corso erogato in lingua Inglese (Prot. n.1437 del 27/3/2017).

Tutor dell'insegnamento di *Statistica e Informatica* per il corso di laurea in Medicina e Chirurgia (3 CFU - SSD INF/01), Facoltà di Medicina e Chirurgia, Università Campus Bio-Medico di Roma (delibera del Senato Accademico del 7/12/2016).

Tutor dell'insegnamento di *Elementi di Informatica* (9 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Discipline Psicosociali, Facoltà di Psicologia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4656 del 6/10/2016).

Tutor dell'insegnamento di *Tecnologie dell'informazione e della comunicazione* (6 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Comunicazione, Media e Pubblicità, Facoltà di Scienza della comunicazione, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4940 del 12/10/2016).

Tutor dell'insegnamento di *Idoneità Informatica* (3 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Economia e gestione delle imprese, Facoltà di Economia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4928 del 12/10/2016).

Ciclo di Lezioni di Bioinformatica nell'ambito del programma *Scientiam Inquirendo Discere* (SID) rivolto a docenti di scuole secondarie, Università degli studi di Roma La Sapienza

a.a. 2015–2016

Tutor dell'insegnamento di *Bioinformatica* (9 CFU - SSD ING-INF/06) per il corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università di Roma la Sapienza.

Tutor dell'insegnamento di *Elementi di Informatica* (9 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Discipline Psicosociali, Facoltà di Psicologia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4381 del 12/10/2015).

Tutor dell'insegnamento di *Idoneità Informatica* (3 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Economia e gestione delle imprese, Facoltà di Economia, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4380 del 12/10/2015).

Tutor dell'insegnamento di *Tecnologie dell'informazione e della comunicazione* (6 CFU - SSD ING-INF/05) del corso di laurea in Comunicazione, Media e Pubblicità, Facoltà di Scienza della comunicazione, Università Telematica Uninettuno (Prot. n. 4384 del 12/10/2015).

Tutor dell'insegnamento di *Statistica e Informatica* (3 CFU - SSD INF/01) del corso di laurea in Medicina e Chirurgia, Università Campus Bio-Medico di Roma, Italia (Prot n.227/2016).

Ciclo di lezioni dal titolo "Biomedical Data Management and Analysis" per l'insegnamento *Big Data* della laurea magistrale In Ingegneria Informatica, Università RomaTre, Roma, Italia.

a.a. 2014–2015

Tutor dell'insegnamento di *Statistica e Informatica* (3 CFU - SSD INF/01) del corso di laurea in Medicina e Chirurgia, Università Campus Bio-Medico di Roma, Italia (Prot. n. 89/2015).

ALTRI INCARICHI ACCADEMICI

a.a. 2024–2025

Relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo "Multi-Omics Data Analysis Approaches For Studying Human Complex Diseases" per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Informatica, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo "Analisi dell'espressione e correlazione differenziale per lo studio dell'aggressività tumorale nel carcinoma mammario" per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo "Studio sull'aggressività del carcinoma mammario tramite l'integrazione di un modello U-Net nel workflow di analisi dei dati genomici" per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo "Deep Learning e Network Biology: un modello combinato CNN-SWIM per l'ottimizzazione della Feature Selection sui dati di espressione genica del carcinoma mammario invasivo" per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

a.a. 2023–2024

Responsabile scientifico di un assegno di ricerca post-dottorale (SSD: ING-INF/06) presso il Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo "Analisi bioinformatica per lo studio delle malattie neurodegenerative" per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

Relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “A network-based approach integrating transcriptomics and interactomics data for identifying drug repurposing solutions across human cancers” per il Corso di Laurea Magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Gene correlation analysis to investigate over regulatory relationships of gene pairs in Cardamine hirsuta and Arabidopsis thaliana” per il corso di laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare, Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, Università degli studi di Roma La Sapienza

Relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “GEVIS: a tool for gene expression visualization and its application for studying lung adenocarcinoma” per il Corso di Laurea Magistrale in Engineering in Computer Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

a.a. 2022–2023 **Relatore** della tesi di laurea magistrale dal titolo “Developing parallel Extract, Transform and Load processes for clinical data FAIRification in a National Cancer Centre” oper il Corso di Laurea Magistrale in Artificial Intelligence and Robotics, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea dal titolo “Phenotypic network analysis of complex diseases and its applications in Diabetes type II” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Analisi bioinformatica per l’identificazione di potenziali biomarcatori associati al morbo di Alzheimer” per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Analisi differenziale di correlazione per lo studio del tumore tiroideo” per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

Co-relatore Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Analisi bioinformatica basata su network biologici per l’identificazione di molecole attive riposizionabili in diversi tipi di tumori umani” per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

a.a. 2021–2022 **Relatore** della tesi di laurea magistrale dal titolo “A Network-Based Algorithm For Identifying Drug-Repurposing Opportunities Along With Its Application To Alzheimer’s Disease and Neurocognitive Disorders” per il Corso di Laurea Magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea dal titolo “Sex-aware drug repurposing bioinformatics analysis” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea dal titolo “A bioinformatics approach for analyzing RNA expression profiling and clinical data of patients affected by colorectal cancer” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Analisi bioinformatica basata sulla medicina di rete per identificare geni chiave associati all’adenocarcinoma prostatico” per il corso di laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza

a.a. 2020–2021 **Co-relatore** della tesi di laurea dal titolo “In-silico identification of molecular signatures of ovarian-related diseases and their comorbidities: insights from network medicine perspective” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea dal titolo “A network-based approach for drug repurposing and its application to thyroid cancer” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-relatore della tesi di laurea dal titolo “Gene co-expression in the interactome: moving from correlation toward causation via an integrated approach to disease module discovery” per il corso di laurea triennale in Bioinformatics, Facoltà di Ingegneria dell’informazione, informatica e statistica, Medicina e Odontoiatria, Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Farmacia e Medicina, Dipartimento di Medicina Molecolare, Università degli studi di Roma La Sapienza.

a.a. 2019–2020 **Relatore** della tesi di laurea magistrale dal titolo “From gene co-expression networks to human interactome: a network-based computational analysis for studying human diseases towards Network Medicine” per il Corso di Laurea Magistrale in Data Science, Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale Antonio Ruberti (DIAG), Università degli studi di Roma La Sapienza.

a.a. 2017–2018 **Relatore** della tesi di laurea magistrale dal titolo “Approccio bioinformatico per lo studio di meccanismi di regolazione genica basati sui competing endogenous RNA (ceRNA) nel tumore al polmone” per il corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

a.a. 2016–2017 **Co-Relatore** della tesi di laurea magistrale dal titolo “Analisi computazionale per lo studio delle interazioni tra le diverse molecole di RNA nelle reti di correlazione genica associate al tumore alla prostata” per il corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

Co-Relatore della tesi di laurea magistrale dal titolo “Sviluppo di un modello computazionale per l’analisi delle interazioni complesse tra diverse molecole di RNA in reti di co-espressione genica nel tumore Head Neck Squamous Carcinoma” per il corso di laurea magistrale in Ingegneria Biomedica, Dipartimento di Ingegneria Civile e Industriale, Università degli studi di Roma La Sapienza.

PRESENTAZIONI ORALI SU INVITO (INVITED TALKS)

-
- Sett 2024** Invited speaker presso CONGRESSO REGIONALE - S.I.S.A. SEZIONE LAZIO —20 Settembre, 2024:
- TITOLO: Un approccio basato sulla Network Medicine per il riposizionamento dei farmaci e la predizione degli effetti collaterali
- Gen 2024** Invited speaker presso GRAPH REASONING FOR DRUG DISCOVERY, ASTRAZENECA—16 Gennaio, 2024:
- TITOLO: A network-based algorithm for identifying drug-repurposing opportunities along with its application to complex diseases

- Dic 2022** Keynote presso **International Conference on Artificial Intelligence (ICAI 2022)** – 5-6 Dicembre, 2022:
- **Titolo:** Identification of Potential Repurposable Drugs in Alzheimer’s Disease Exploiting a Bioinformatics Analysis
- Sett 2022** **7th Global Insight Conference on Breast Cancer (GICBC 2022)** – 20-21 Settembre, 2022. Barcellona (Spagna):
- **Titolo:** A bioinformatics analysis to investigate long non-coding RNAs mediated gene regulation in human breast invasive carcinoma
- Giu 2022** **International Conference on Neurology and Psychiatric Disorders** – 23-24 Giugno, 2022. Amsterdam (Olanda):
- **Titolo:** SWIM tool identifies specific genes controlling glioblastoma stem-like cells fate

PRESENTAZIONI ORALI

- Maggio 2022** **Complex Systems: from Physics to Biomedicine Workshop** – 10 Maggio 2022, Rome (Italy):
- **Titolo:** A Network-Based Algorithm For Identifying Drug-Repurposing Opportunities Along With Its Application To Sars-Cov-2 Infection
- Sett 2021** **AUTOMATICA.IT 2021** – 8-10 Settembre 2021:
- **Titolo:** SAveRUNNER: A network-based algorithm for drug repurposing and its application to COVID-19
- Lug 2021** **3rd International Conference on Drug Discovery and Drug Development** – 19-20 Luglio 2021:
- **Titolo:** SAveRUNNER: an R-based tool for drug repurposing and its application to COVID-19.
- Dic 2017** **BBCC 2017** – 18-20 Dicembre 2017. Napoli (Italia):
- **Titolo:** How does SWIM work and how to use it.
- Dic 2017** **SysBio Day 2017** – 12 Dicembre 2017. Milano (Italia):
- **Titolo:** SWIM tool for studying human cancers.
- Mag 2016** **EPIGEN Data on the beach Workshop** – 5-6 Maggio 2016, Rimini (Italia):
- **Titolo:** Computational analysis identifying complex interactions between messenger RNAs, long non-coding RNAs, and microRNAs in human breast cancer.
- Ott 2015** **BMTL 2015**– Bringing Maths to Life Workshop 2015, 19-21 Ottobre 2015, Napoli (Italia):
- **Titolo:** Searching for equivalent compact solutions to classification problems for genomic sequences
- Lug 2015** **ISCB 11th Student Council Symposium 2015** of the ISMB/ECCB 2015 conference. 9-14 Luglio 2015, Dublino (Irlanda):
- **Titolo:** A novel feature selection-based method to extract equivalent adjacent solutions to classify viral genome sequences.
- Dic 2014** **SSCI 2014** – the IEEE Symposium Series on Computational Intelligence – Symposium on Computational Intelligence and Data Mining (CIDM 2014). 9-12 Dicembre 2014, Orlando, Florida (USA):
- **Titolo:** Alzheimer’s disease patients classification through EEG signals processing.
- Jun 2014** **CBBM 2014** – IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine. 29 Giugno - 3 Luglio 2014, Poznań - Biedrusko (Poland):
- **Titolo:** A new greedy randomized procedure for the feature selection problem.

PRESENTAZIONI POSTER

- Giugno 2023** GNB 2023 – VIII Congress of the National Group of Bioengineering (GNB), 21-23 Giugno 2023, Padova (Italia):
- **AUTORI:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, and Paola Paci.
 - **TITOLO:** A network-based algorithm for identifying drug repurposing opportunities for complex diseases.
- Sett 2021** **MCHBS 2021** – Mathematical Modelling and Control for Healthcare and Biomedical Systems, 28-30 Settembre 2021:
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Lorenzo Farina, and Paola Paci.
 - **Titolo:** SAveRUNNER: a network-based algorithm for drug repurposing and its application to COVID-19.
- Lug 2021** **BITS 2021** Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society – 1-2 Luglio 2021:
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Lorenzo Farina, and Paola Paci.
 - **Titolo:** SAveRUNNER: an R-based tool for drug repurposing and its application to SARS-CoV-2 infection.
- Mar 2019** **ADPD 2019** – International Conference on Alzheimer’s and Parkinson’s Diseases and Related Neurological Disorders, 26-31 Marzo 2019, Lisbona (Portogallo):
- **Autori:** I. Arisi, M. D’Onofrio, R. Brandi, M. Sonnessa, A. Campanelli, R. Florio, V. Sposato, F. Malerba, A. Cattaneo, P. Mecocci, G. Bruno, M. Tsolaki, N. Pelteki, F. Stocchi, M. Canevelli, L. Vacca, **Giulia Fiscon**, P. Bertolazzi.
 - **Titolo:** Diagnostics Of Neurodegenerative Diseases By Machine Learning Approach: New Laboratory And Clinical Biomarker Selection.
- Dic 2018** **Artificial Intelligence and Health Conference**, 14 Dicembre 2018, Roma (Italia):
- **Autori:** Eleonora Cappelli, Federica Conte, Fabio Cumbo, **Giulia Fiscon**.
 - **Titolo:** Combining knowledge-based approach with logic data mining techniques to improve data querying and analysis on Alzheimer’s Disease Data.
- Dic 2018** **BIBM 2018** – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 3-6 Dicembre 2018, Madrid (Spagna):
- **Autori:** Ivan Arisi, Mara D’Onofrio, Rossella Brandi, Michele Sonnessa, Alessandra Campanelli, Francesca Malerba, Rita Florio, Valentina Sposato, Antonino Cattaneo, Patrizia Mecocci, Giuseppe Bruno, Marco Canevelli, Magda Tsolaki, Natalia Pelteki, Fabrizio Stocchi, Laura Vacca, **Giulia Fiscon**, and Paola Bertolazzi.
 - **Titolo:** Mining clinical and laboratory data of neurodegenerative diseases by Machine Learning: transcriptomic biomarkers.
- Dic 2018** **BIBM 2018** – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 3-6 Dicembre 2018, Madrid (Spain):
- **Autori:** Ivan Arisi, Paola Bertolazzi, Eleonora Cappelli, Federica Conte, Fabio Cumbo, **Giulia Fiscon**, Michele Sonnessa, and Francesco Taglino.
 - **Titolo:** An ontology-based approach to improve data querying and organization of Alzheimer’s Disease data.
- Dic 2018** **BIBM 2018** – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 3-6 Dicembre 2018, Madrid (Spagna):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Emanuel Weitschek, Maria Cristina De Cola, Giovanni Felici, and Paola Bertolazzi.
 - **Titolo:** An integrated approach based on EEG signals processing combined with supervised methods to classify Alzheimer’s disease patients.

- Ott 2018** **ESMO 2018** – European Society for Medical Oncology, 19-23 Ottobre 2018, Monaco (Germania):
- **Autori:** Rosa Falcone, Paola Paci, Antonella Verrienti, **Giulia Fiscon**, MariaLuisa Sponziello, Federica Conte, Valeria Pecce, Francesca Rosignolo, Giorgio Grani, Livia Lamartina, Valeria Ramundo, Cosimo Durante, Lorenzo Farina, Sebastiano Filetti.
 - **Titolo:** Prediction of response to vemurafenib in BRAF V600E mutant cancers based on a network approach.
- Ott 2018** **ATA 2018** – 88th Annual Meeting of the American Thyroid Association, 3-7 Ottobre 2018, Washington, DC (USA):
- **Autori:** Rosa Falcone, Paola Paci, Antonella Verrienti, **Giulia Fiscon**, MariaLuisa Sponziello, Federica Conte, Valeria Pecce, Francesca Rosignolo, Giorgio Grani, Livia Lamartina, Valeria Ramundo, Cosimo Durante, Lorenzo Farina, Sebastiano Filetti.
 - **Titolo:** Network analysis of expression profiling data in papillary thyroid cancer.
- Sett 2018** **the First International Conference on Network Medicine and Big Data:** The Transformation of Medicine, 24-26 Settembre 2018, Roma (Italia):
- **Autori:** Paola Paci, **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Lorenzo Farina.
 - **Titolo:** SWIM tool identifies specific genes controlling glioblastoma stem-like cells fate.
- Giu 2018** **BITS 2018** – 15th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 Giugno 2018, Torino (Italia) [[Best poster award](#)]:
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Paola Paci.
 - **Titolo:** SWIM tool identifies specific genes controlling glioblastoma stem-like cells fate.
- Giu 2018** **BITS 2018** – 15th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, 27-29 Giugno 2018, Torino (Italia) [[Best poster award](#)]:
- **Autori:** Federica Conte, **Giulia Fiscon**, Paola Paci.
 - **Titolo:** Computational analysis to study the long non-coding RNAs associated ceRNA activity in human breast cancer.
- Lug 2017** **Lipari School on Computational Drug Science and High-Precision Medicine**, 9-15 Luglio 2017, Lipari (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Paola Paci.
 - **Titolo:** SWIM: a computational tool for network medicine.
- Lug 2017** **Lipari School on Computational Drug Science and High-Precision Medicine**, 9-15 Luglio 2017, Lipari (Italia) [[Best poster award](#)]:
- **Autori:** Federica Conte, **Giulia Fiscon**, Paola Paci.
 - **Titolo:** Ruolo of the long non-coding RNA PVT1 in the dysregulation of the ceRNA-ceRNA network in human breast cancer.
- Mag 2017** **Regione Lazio** – Le nuove sfide della ricerca oncologica: verso una partnership tra Enti Pubblici e Industria nella regione Lazio, 17 Maggio 2017, Roma (Italia):
- **Autori:** Federica Conte, **Giulia Fiscon**, Paola Paci, Pasquale Palumbo, Paola Bertolazzi.
 - **Titolo:** Optimization, Models, And Algorithms For Bioinformatics And Systems Biology.
- Lug 2016** **Lipari School on Computational Microbiology and Microbiome-Based Medicine**, 17-24 Luglio 2016, Lipari (Italia) [[Best poster award](#)]:
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Teresa Colombo, Lorenzo Farina, Paola Paci
 - **Titolo:** Integrated network analysis for studying human lung squamous cell carcinoma.

- Lug 2016 ISMB 2016** – Intelligent Systems for Molecular Biology, 8-12 Luglio 2016, Orlando, Florida:
- **Autori:** Valerio Cestarelli, **Giulia Fiscon**, Paola Bertolazzi, Giovanni Felici, Emanuel Weitschek.
 - **Titolo:** CAMUR: knowledge extraction from RNA-seq cancer data through equivalent classification rules.
 - F1000 Research 2016, 5(ISCB Comm J):1780 - doi: 10.7490/f1000research.1112668.1
- Lug 2016 GNB 2016** – Gruppo Nazionale di Bioingegneria, 20-22 Giugno 2016, Napoli (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Federica Conte, Teresa Colombo, Lorenzo Farina, Paola Paci.
 - **Titolo:** Integrated network analysis for studying human lung squamous cell carcinoma.
- Lug 2015 BITS 2015** – Annual meeting, 3-5 Giugno 2015, Milan (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Emanuel Weitschek, Paola Bertolazzi, Massimo Ciccozzi, and Giovanni Felici.
 - **Titolo:** An algorithm for computing alternative and adjacent solutions to classification problems in genomic sequences.
- Giu 2015 BITS 2015** – Annual meeting, 3-5 Giugno 2015, Milano (Italia):
- **Autori:** Fabio Cumbo, **Giulia Fiscon**, Stefano Ceri, Marco Masseroli, and Emanuel Weitschek.
 - **Titolo:** The Cancer Genome Atlas Data Querying Tool.
- Feb 2014 BITS 2014** – Annual meeting, 26-28 Febbraio 2014, Roma (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Paola Paci, Teresa Colombo, and Giulio Iannello.
 - **Titolo:** MONSTER v1.0: a novel procedure to extract and search for RNA non-branching structures.
- Ott 2014 Bringing Math To Life Workshop**, 27-29 ottobre 2014, Napoli (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Emanuel Weitschek, M Cristina De Cola, Simona de Salvo, Placido Bramante, Paola Bertolazzi, Giovanni Felici.
 - **Titolo:** EEG signals analysis to detect Alzheimer's disease patients.
- Ott 2013 FEBS Workshop** on Translating Epigenomes into Function: a Next Generation Challenge for Human Disease, 13-16 Ottobre 2013, Capri (Italia):
- **Autori:** **Giulia Fiscon**, Paola Paci, Teresa Colombo, and Giulio Iannello.
 - **Titolo:** Development of an algorithm to identify RNA secondary structures.

CONFERENZE E WORKSHOP NAZIONALI E INTERNAZIONALI

- Sett 2025 RExPO25** – THE FOURTH INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEMS MEDICINE, AI and DRUG REPURPOSING, 24-16 Settembre 2025, Barcellona (Spagna).
- Dic 2024 IEEE BIBM 2024** – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 3-6 Dicembre, 2024, Lisbona (Portogallo).
- Dicembre 2023 IEEE BIBM 2023** – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, 5-8 Dicembre, 2023, Istanbul (Turchia).
- Giugno 2023 GNB 2023** – VIII Congress of the National Group of Bioengineering (GNB), 21-23 Giugno 2023, Padova (Italia).
- Maggio 2022 Complex Systems: From Physics To Biomedicine** - Workshop, 10th Maggio 2022, Roma (Italia).
- Sett 2021 Mathematical Modelling and Control for Healthcare and Biomedical Systems** - MCHBS 2021, 28-30 Settembre 2021, Virtual Workshop.
- Lug 2021 3rd International Conference on Drug Discovery and Drug Development**, 19-20 Luglio 2021, Virtual conference.
- Lug 2021 Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society** - BITS2021, 1-2 Giugno 2021, Italia.
- Apr 2021 Second International Conference on Network Medicine and Big Data**, 12-13 Aprile 2021, Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, MA (USA).

- Gen 2020 **4words, Le paRuolo dell'innovazione in sanità**. 4th Annual meeting of Forward, 30 Gennaio 2020, Roma (Italia).
- Giu 2019 **Systems Metabolomics**, SYSBIO workshop, 12 Giugno 2019, Milano (Italia).
- Mar 2019 **Ital-IA**, National Conference CINI on Artificial Intelligence, 18-19 Marzo 2019, Roma (Italia).
- Gen 2019 **DIITET conference**, Strategic Area " Applied Mathematics", 21 Gennaio 2019, Roma (Italia).
- Dic 2018 **Artificial Intelligence and Health**, Aula Convegni CNR, December 14 Dicembre 2018, Roma (Italia).
- Sett 2018 **IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM2018)**, 3-6 Dicembre 2018, Madrid (Spagna).
- Sett 2018 **the First International Conference on Network Medicine and Big Data: The Transformation of Medicine**, 24-26 Settembre 2018, Sapienza University of Roma (Italia).
- Sept 2018 **Information Technology for Precision Medicine**, 17 Settembre 2018, Sapienza University of Roma (Italia).
- Giu 2018 **15th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society - BITS2018**, 27-29 Giugno 2018, Torino (Italia).
- Dic 2017 **International conference on Bioinformatics and Computational biology - BBCC 2017**, 18-20 Dicembre 2017, Napoli (Italia).
- Dic 2017 **SysBio Day 2017**, December 12th 2017, Milan (Italia).
- Mag 2017 **Le nuove sfide della ricerca oncologica: verso una partnership tra Enti Pubblici e Industria nella regione Lazio**, 17 Maggio 2017, Regione Lazio, Roma (Italia).
- Mar 2017 **RNA-seq Analysis Workshop**, 28-31 Marzo 2017. Centro di Biotecnologie Molecolari, Torino (Italia).
- Giu 2016 **V Congresso del Gruppo Nazionale di Bioingegneria - GNB 2016**, 20-22 Giugno 2016, Napoli (Italia).
- Mag 2016 **Annual Meeting of EPIGEN-Epigenetics Flagship Project-2016**, 24-27 Maggio 2016, Roma (Italia).
- Mag 2016 **EPIGEN Data on the beach Workshop** – 5-6 Maggio 2016, Rimini (Italia).
- Ott 2015 **BMTL 2015 – Bringing Maths to Life Workshop 2015**. 19-21 Ottobre 2015, Napoli (Italia).
- Lug 2015 **ISMB/ECCB 2015 23rd Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) and the 14th European Conference on Computational Biology (ECCB)**. 9-14 Luglio 2015, Dublino (Ireland).
- Lug 2015 **ISCB Student Council Symposium 2015**, satellite meeting of the International Conference ISMB and ECCB 2015, 9-14 Luglio 2015, Dublino (Ireland).
- Giu 2015 **BITS annual meeting 2015**, 3-5 Giugno 2015, Milan (Italia).
- Apr 2015 **Annual Meeting of EPIGEN-Epigenetics Flagship Project-2016**, 21-24 Aprile 2015, Roma (Italia).
- Gen 2015 **Frontiers in cellular and molecular oncology**. 26 Gennaio 2015 Conference of the department of Biomedical Science of CNR, Roma (Italia).
- Dic 2014 **IEEE SSCI 2014 - the IEEE Symposium Series on Computational Intelligence**. 9-12 Dicembre 2014, Orlando (Florida).
- Ott 2014 **From structural bioinformatics to integrative systems biology, Nettare2014 Workshop**. 15-17 Ottobre 2014, Torino (Italia).
- Ott 2014 **EPIGEN and BLUEPRINT joint symposium: Exploring the Epigenome in Health and Disease**. 1 Ottobre 2014, Roma (Italia).
- Giu 2014 **CBBM 2014**, IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine. 29 Giugno - 3 Luglio 2014, Poznań - Biedrusko (Poland).
- Apr 2014 **EPIGEN NGS and Data Analysis Workshop**, 9-11 Aprile 2014, Udine (Italia).
- Feb 2014 **BITS annual meeting 2014**, 26-18 Febbraio 2014, Roma (Italia).
- Feb 2014 **Annual Meeting of EPIGEN-Epigenetics Flagship Project-2014**, 17-20 Febbraio 2014, Roma (Italia).
- Dic 2013 **EPIGEN RNA-Seq Workshop**, 3-4 Dicembre 2013, Bari (Italia).
- Ott 2013 **FEBS workshop on Translating Epigenomes into Function: a Next Generation Challenge for Human Disease**, 13-16 Ottobre 2013, Capri (Italia).
- Giu 2013 **SEA 2013 - 12th International Symposium on Experimental Algorithms**, 5-7 Giugno 2013, Roma (Italia).
- Giu 2013 **EPIGEN Methylome analysis workshop - Methylome Analysis Workshop**, 10-11 Giugno 2013, Padua (Italia).

- Apr 2013 **Annual Meeting of EPIGEN-Epigenetics Flagship Project-2013**, Annual Meeting of EPIGEN-Epigenetics Flagship Project. 15-17 Aprile 2013, Roma (Italia).
- Feb 2013 **Workshop UOB** - Workshop Scientific Publishing: How to write for and get Published in Scientific Literature, Sapienza University of Roma (Italia).

CORSI POST-LAUREA

Scuole internazionali

- Giu 2019 1st MINOA PhD school: Mixed-Integer Nonlinear Optimization meets Data Science, 25-28 Giugno 2019, Ischia (Italia).
- Lug 2017 Lipari School on Computational Drug Science and High-Precision Medicine - Jacob T.Schwartz International School for Scientific Research BioInformatics and Computational Biology Series, 9-15 Luglio 2017, Lipari (Italia).
- Lug 2016 Lipari School on Computational Microbiology and Microbiome-Based Medicine - Jacob T. Schwartz International School for Scientific Research BioInformatics and Computational Biology Series, 17-24 Luglio 2016, Lipari (Italia).
- Lug 2015 Lipari School on Computational Dynamic Analysis of Biological Processes - Jacob T. Schwartz International School for Scientific Research BioInformatics and Computational Biology Series, 19-25 Luglio 2015, Lipari (Italia).
- Sett 2014 Systems Biology and Systems Medicine: Precision Biotechnology and Therapies - PhD School 2014, 21-27 Settembre 2014, Como (Italia).
- Lug 2014 Lipari School on Computational Genomics and Personalized Medicine - Jacob T. Schwartz International School for Scientific Research BioInformatics and Computational Biology Series, 12-19 Luglio 2014, Lipari (Italia).
- Mag 2014 EMBO practical course 2014 on Bioinformatics and genomes analyses, The Hellenic Pasteur Institute, 5-17 Maggio 2014, Athens (Greece).
- Lug 2013 Lipari School on Computational Network Biology - Jacob T. Schwartz International School for Scientific Research BioInformatics and Computational Biology Series, 13-20 Luglio 2013, Lipari (Italia). Results of final exam: A+.
- Giu 2013 UCBM PhD School 2013, Campus Bio-Medico University of Roma (Italia).
- Sett 2012 ENUMEX BICI 2012 - Bertinoro School on Enumeration Algorithms and Exact Methods for Exponential Problems in Computational Biology, 23-28 Settembre 2012, Bertinoro (Italia).

INDICI BIBLIOMETRICI (SCOPUS)

scopus ID	56124184700 (https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=56124184700)
h-index	24
numero di citazioni	2021
numero di articoli	70

PUBBLICAZIONI (SCOPUS)

- [1] Alessandra Ferri, Claudia Contadini, Claudia Di Girolamo, Claudia Cirotti, **G. Fiscon**, Paola Paci, Marta Marzullo, Maria Pia Gentileschi, Tatsuro Yamamoto, Robert Strauss, Donatella Del Bufalo, Laura Ciapponi, and Daniela Barilà. "Caspase-8 is a novel modulator of Homologous Recombination Repair in response to ionizing radiations in glioblastoma". In: *Cancer Letters* (2025), p. 218120.
- [2] Alessio Funari, Enrico De Smaele, Paola Paci, and **G. Fiscon**. "Prioritizing repurposable drugs for Alzheimer's disease using network-based analysis with concurrent assessment of Long QT syndrome risk". In: *Biotechnology Reports* 47 (2025), e00909.

- [3] Alessio Galimi and **G. Fiscon**. “A Network-Based Approach Exploiting Transcriptomics and Interactomics Data for Predicting Drug Repurposing Solutions Across Human Cancers”. In: *Cancers* 17.7 (2025).
- [4] Silvia Mezi, Andrea Botticelli, Giulia Pomati, Simone Scagnoli, **G. Fiscon**, Federica de Galitiis, Francesca Romana di Pietro, Sofia Verkhovskaia, Sasan Amirhassankhani, Giovanna Gentile, Maurizio Simmaco, Bjoern Gohlke, Robert Preissner, Daniele Santini, and Paolo Marchetti. “Impact of Drug–Drug Interactions on Clinical Outcomes in Metastatic Melanoma Patients Treated With Combined BRAF/MEK Inhibitors: A Real-World Study”. In: *Pigment Cell and Melanoma Research* 38.4 (2025).
- [5] Mario Occhipinti, Martina Imbimbo, Roberto Ferrara, Vittorio Simeon, **G. Fiscon**, Corynne Marchal, Nicole Skoetz, and Giuseppe Viscardi. “Adjuvant epidermal growth factor receptor (EGFR) tyrosine kinase inhibitors (TKIs) for the treatment of people with resected stage I to III non-small-cell lung cancer and EGFR mutation”. In: *Cochrane Database of Systematic Reviews* 2025.5 (2025).
- [6] Martina Brunetti, **G. Fiscon**, Alessia Di Costanzo, Marcello Arca, and Paola Paci. “A network-based bioinformatic analysis for identifying potential repurposable drugs for obesity avoiding hepatic steatosis side-effect”. In: *Proceedings - 2024 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)* (2024), pp. 6069–6075.
- [7] Federica D’Annunzio, **G. Fiscon**, Gaia Bertolotti, Raffaele Dello Iorio, and Paola Paci. “Differential gene correlation analysis to investigate evolutionary divergence between *Cardamine hirsuta* and *Arabidopsis thaliana*”. In: *Proceedings - 2024 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)* (2024), pp. 6084–6090.
- [8] V. Zulian, **G. Fiscon**, P. Paci, and A.R. Garbuglia. “Hepatitis B Virus and microRNAs: A Bioinformatics Approach”. In: *International Journal of Molecular Sciences* 24.24 (2023).
- [9] V. Zulian, A.R. Garbuglia, **G. Fiscon**, and P. Paci. “Overview of bioinformatic tools to study viral infections”. In: *Proceedings - 2023 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2023* (2023), pp. 3669–3675.
- [10] M. Brunetti, P. Paci, and **G. Fiscon**. “A network-based bioinformatic analysis for identifying potential repurposable active molecules in different types of human cancers”. In: *Proceedings - 2023 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2023* (2023), pp. 3626–3631.
- [11] F. Conte, **G. Fiscon**, and P. Paci. “Bioinformatics analyses to identify molecular gene signatures associated with breast cancer phenotypes”. In: *Convegno Nazionale di Bioingegneria* (2023).
- [12] **G. Fiscon**, F. Conte, and P. Paci. “A network-based algorithm for identifying drug repurposing opportunities for complex diseases”. In: *Convegno Nazionale di Bioingegneria* (2023).
- [13] F. Taglino, F. Cumbo, G. Antognoli, I. Arisi, M. D’Onofrio, F. Perazzoni, R. Voyat, **G. Fiscon**, F. Conte, M. Canevelli, G. Bruno, P. Mecocci, and P. Bertolazzi. “An ontology-based approach for modelling and querying Alzheimer’s disease data”. In: *BMC Medical Informatics and Decision Making* 23.1 (2023).
- [14] **G. Fiscon**, A. Funari, and P. Paci. “Circular RNA mediated gene regulation in human breast cancer: A bioinformatics analysis”. In: *PLoS ONE* 18.7 JULY (2023).
- [15] S. Mezi, A. Botticelli, S. Scagnoli, G. Pomati, **G. Fiscon**, F. De Galitiis, F.R. Di Pietro, S. Verkhovskaia, S. Amirhassankhani, S. Pisegna, G. Gentile, M. Simmaco, B. Gohlke, R. Preissner, and P. Marchetti. “The Impact of Drug–Drug Interactions on the Toxicity Profile of Combined Treatment with BRAF and MEK Inhibitors in Patients with BRAF-Mutated Metastatic Melanoma”. In: *Cancers* 15.18 (2023).
- [16] S. Mezi, G. Pomati, **G. Fiscon**, S. Amirhassankhani, I.G. Zizzari, C. Napoletano, A. Rughetti, E. Rossi, G. Schinzari, G. Tortora, G. Lanzetta, G. D’Amati, M. Nuti, D. Santini, and A. Botticelli. “A network approach to define the predictive role of immune profile on tumor response and toxicity of anti PD-1 single agent immunotherapy in patients with solid tumors”. In: *Frontiers in Immunology* 14 (2023).

- [17] M. Vitiello, A. Mercatanti, M. Salvatore Podda, C. Baldanzi, A. Prantera, S. Sarti, M. Rizzo, A. Salvetti, F. Conte, **G. Fiscon**, P. Paci, and L. Polisenò. “A Network of MicroRNAs and mRNAs Involved in Melanosome Maturation and Trafficking Defines the Lower Response of Pigmentable Melanoma Cells to Targeted Therapy”. In: *Cancers* 15.3 (2023), p. 894.
- [18] A. Botticelli, A. Cirillo, G. Pomati, E. Cortesi, E. Rossi, G. Schinzari, G. Tortora, S. Tomao, **G. Fiscon**, L. Farina, et al. “Immune-related toxicity and soluble profile in patients affected by solid tumors: a network approach”. In: *Cancer Immunology, Immunotherapy* (2023), pp. 1–15.
- [19] Silvia Mezi, Giulia Pomati, Ilaria Grazia Zizzari, Alessandra Di Filippo, Bruna Cerbelli, Alessio Cirillo, **G. Fiscon**, Sasan Amirhassankhani, Valentino Valentini, Marco De Vincentiis, Alessandro Corsi, Cira Di Gioia, Vincenzo Tombolini, Carlo Della Rocca, Antonella Polimeni, Marianna Nuti, Paolo Marchetti, and Andrea Botticelli. “Genomic and Immune Approach in Platinum Refractory HPV-Negative Head and Neck Squamous Cell Carcinoma Patients Treated with Immunotherapy: A Novel Combined Profile”. In: *Biomedicines* 10.11 (2022).
- [20] F. Conte, P. Sibilio, **G. Fiscon**, and P. Paci. “A transcriptome- and interactome-based analysis identifies repurposable drugs for human breast cancer subtypes”. In: *Symmetry* 14.11 (2022).
- [21] **G. Fiscon**, P. Sibilio, A. Funari, F. Conte, and P. Paci. “Identification of Potential Repurposable Drugs in Alzheimers Disease Exploiting a Bioinformatics Analysis”. In: *Journal of Personalized Medicine* 12.10 (2022).
- [22] P. Paci and **G. Fiscon**. “SPINNAKER: an R-based tool to highlight key RNA interactions in complex biological networks”. In: *BMC Bioinformatics* 23.1 (2022).
- [23] S. Amadio, F. Conte, G. Esposito, **G. Fiscon**, P. Paci, and C. Volonté. “Repurposing Histaminergic Drugs in Multiple Sclerosis”. In: *International Journal of Molecular Sciences* 23.11 (2022).
- [24] Paola Paci, Giulia Fiscon, Federica Conte, Rui-Sheng Wang, Diane E. Handy, Lorenzo Farina, and Joseph Loscalzo. “Comprehensive network medicine-based drug repositioning via integration of therapeutic efficacy and side effects”. In: *npj Systems Biology and Applications* 8.1 (2022). Cited by: 0; All Open Access, Gold Open Access, Green Open Access. URL: <https://www.scopus.com/inward/record.uri?eid=2-s2.0-85128535246&doi=10.1038%2fs41540-022-00221-0&partnerID=40&md5=165850dfe44f5b8bc2cb3810c5c9e1aa>.
- [25] **G. Fiscon**, F. Conte, L. Farina, and P. Paci. “A Comparison of Network-Based Methods for Drug Repurposing along with an Application to Human Complex Diseases”. In: *International Journal of Molecular Sciences* 23.7 (2022).
- [26] M. Occhipinti, R. Ferrara, M. Imbimbo, V. Simeon, **G. Fiscon**, C. Marchal, N. Skoetz, and G. Viscardi. “Adjuvant epidermal growth factor receptor (EGFR) tyrosine kinase inhibitors (TKIs) for the treatment of people with resected stage I to III non-small-cell lung cancer and EGFR mutation”. In: *Cochrane Database of Systematic Reviews* 2022.3 (2022).
- [27] N. Tumino, F. Besi, S. Martini, A.L. Di Pace, E. Munari, L. Quatrini, A. Pelosi, P.F. Fiore, **G. Fiscon**, P. Paci, F. Scordamaglia, M.G. Covesnon, G. Bogina, M.C. Mingari, L. Moretta, and P. Vacca. “Polymorphonuclear Myeloid-Derived Suppressor Cells Are Abundant in Peripheral Blood of Cancer Patients and Suppress Natural Killer Cell Anti-Tumor Activity”. In: *Frontiers in Immunology* 12 (2022).
- [28] P. Paci and **G. Fiscon**. “SWIMmeR: An R-based software to unveiling crucial nodes in complex biological networks”. In: *Bioinformatics* 1.1 (2021).
- [29] F. Salvatore, **G. Fiscon**, and P. Paci. “Integro-differential approach for modeling the COVID-19 dynamics - Impact of confinement measures in Italy”. In: *Computers in Biology and Medicine* 139 (2021).

- [30] M. Bonanomi, N. Salmistraro, **G. Fisco**, F. Conte, P. Paci, V. Bravatà, G.I. Forte, T. Volpari, M. Scorza, F. Mastroianni, S. D'errico, E. Avolio, G. Piccialli, A.M. Colangelo, M. Vanoni, D. Gaglio, and L. Alberghina. "Transcriptomics and metabolomics integration reveals redox-dependent metabolic rewiring in breast cancer cells". In: *Cancers* 13.20 (2021).
- [31] **G. Fisco**, F. Salvatore, V. Guarrasi, A.R. Garbuglia, and P. Paci. "Assessing the impact of data-driven limitations on tracing and forecasting the outbreak dynamics of COVID-19". In: *Computers in Biology and Medicine* 135 (2021).
- [32] V. Pecce, A. Verrienti, **G. Fisco**, M. Sponziello, F. Conte, L. Abballe, C. Durante, L. Farina, S. Filetti, and P. Paci. "The role of FOSL1 in stem-like cell reprogramming processes". In: *Scientific Reports* 11.1 (2021).
- [33] F. Conte, **G. Fisco**, P. Sibilio, V. Licursi, and P. Paci. "An Overview of the Computational Models Dealing with the Regulatory ceRNA-CeRNAs Mechanism and ceRNA-CeRNAs Deregulation in Cancer". In: *Pseudogenes: Functions and Protocols*. Ed. by Laura Polisenò. New York, NY: Springer US, 2021, pp. 149–164.
- [34] P. Sibilio, S. Bini, **G. Fisco**, M. Sponziello, F. Conte, V. Pecce, C. Durante, P. Paci, R. Falcone, G.D. Norata, L. Farina, and A. Verrienti. "In silico drug repurposing in COVID-19: A network-based analysis". In: *Biomedicine and Pharmacotherapy* 142 (2021).
- [35] **G. Fisco** and P. Paci. "SAveRUNNER: an R-based tool for drug repurposing". In: *BMC Bioinformatics* 22.1 (2021).
- [36] **G. Fisco**, S. Pegoraro, G. Conte F.and Manfioletti, and P. Paci. "Gene network analysis using SWIM reveals interplay between the transcription factor-encoding genes HMGA1, FOXM1, and MYBL2 in triple-negative breast cancer". In: *FEBS letters* 595.11 (2021), pp. 1569–1586.
- [37] P. Paci, **G. Fisco**, F. Conte, R.-S. Wang, L. Farina, and J. Loscalzo. "Gene co-expression in the interactome: moving from correlation toward causation via an integrated approach to disease module discovery". In: *npj Systems Biology and Applications* 7.1 (2021).
- [38] **G. Fisco**, F. Conte, L. Farina, and P. Paci. "SAveRUNNER: A network-based algorithm for drug repurposing and its application to COVID-19". In: *PLoS Computational Biology* 17.2 (2021).
- [39] **G. Fisco**, F. Conte, S. Amadio, C. Volonté, and P. Paci. "Drug Repurposing: A Network-based Approach to Amyotrophic Lateral Sclerosis". In: *Neurotherapeutics* (2021).
- [40] P. Paci, **G. Fisco**, F. Conte, V. Licursi, J. Morrow, C. Hersh, M. Cho, P. Castaldi, K. Glass, E.K. Silverman, and L. Farina. "Integrated transcriptomic correlation network analysis identifies COPD molecular determinants". In: *Scientific Reports* 10.1 (2020).
- [41] V. Panebianco, M. Pecoraro, **G. Fisco**, P. Paci, L. Farina, and C. Catalano. "Prostate cancer screening research can benefit from network medicine: an emerging awareness". In: *npj Systems Biology and Applications* 6.1 (2020).
- [42] E.K. Silverman, H.H.H.W. Schmidt, E. Anastasiadou, L. Altucci, M. Angelini, L. Badimon, J.-L. Balligand, G. Benincasa, G. Capasso, F. Conte, A. Di Costanzo, L. Farina, **G. Fisco**, L. Gatto, M. Gentili, J. Loscalzo, C. Marchese, C. Napoli, P. Paci, M. Petti, J. Quackenbush, P. Tieri, D. Viggiano, G. Vilahur, K. Glass, and J. Baumbach. "Molecular networks in Network Medicine: Development and applications". In: *Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine* 12.6 (2020).
- [43] A.M. Grimaldi, F. Conte, K. Pane, **G. Fisco**, P. Mirabelli, S. Baseliçe, R. Gianatiempo, F. Messina, M. Franzese, M. Salvatore, P. Paci, and M. Incoronato. "The new paradigm of network medicine to analyze breast cancer phenotypes". In: *International Journal of Molecular Sciences* 21.18 (2020), pp. 1–21.
- [44] F. Conte, **G. Fisco**, V. Licursi, D. Bizzarri, T. D'Antò, L. Farina, and P. Paci. "A paradigm shift in medicine: A comprehensive review of network-based approaches". In: *Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms* 1863.6 (2020).

- [45] V. Licursi, F. Conte, **G. Ficon**, and P. Paci. “MIENTURNET: An interactive web tool for microRNA-target enrichment and network-based analysis”. In: *BMC Bioinformatics* 20.1 (2019).
- [46] I. Arisi, P. Bertolazzi, E. Cappelli, F. Conte, F. Cumbo, **G. Ficon**, M. Sonnessa, and F. Taglino. “An ontology-based approach to improve data querying and organization of Alzheimer’s Disease data”. In: *Proceedings - 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2018*. 2019, pp. 2732–2734.
- [47] I. Arisi, M. Dronofrio, R. Brandi, M. Sonnessa, A. Campanelli, R. Florio, V. Sposato, F. Malerba, A. Cattaneo, P. Mecocci, G. Bruno, M. Canevelli, M. Tsolaki, N. Pelteki, F. Stocchi, L. Vacca, **G. Ficon**, and P. Bertolazzi. “Mining clinical and laboratory data of neurodegenerative diseases by Machine Learning: Transcriptomic biomarkers”. In: *Proceedings - 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2018*. 2019, pp. 2735–2737.
- [48] **G. Ficon**, E. Weitschek, M.C. De Cola, G. Felici, and P. Bertolazzi. “An integrated approach based on EEG signals processing combined with supervised methods to classify Alzheimer’s disease patients”. In: *Proceedings - 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2018*. 2019, pp. 2750–2752.
- [49] **G. Ficon**, F. Conte, L. Farina, M. Pellegrini, F. Russo, and P. Paci. “Identification of Disease–miRNA Networks Across Different Cancer Types Using SWIM”. In: *Methods in Molecular Biology* 1970 (2019), pp. 169–181.
- [50] R. Falcone, F. Conte, **G. Ficon**, V. Pecce, M. Sponziello, C. Durante, L. Farina, S. Filetti, P. Paci, and A. Verrienti. “BRAF V600E -mutant cancers display a variety of networks by SWIM analysis: prediction of vemurafenib clinical response”. In: *Endocrine* (2019).
- [51] **G. Ficon**, F. Conte, V. Licursi, S. Nasi, and P. Paci. “Computational identification of specific genes for glioblastoma stem-like cells identity”. In: *Scientific Reports* 8.1 (2018).
- [52] **G. Ficon**, F. Conte, and P. Paci. “SWIM tool application to expression data of glioblastoma stem-like cell lines, corresponding primary tumors and conventional glioma cell lines”. In: *BMC Bioinformatics* 19 (2018).
- [53] **G. Ficon**, F. Conte, L. Farina, and P. Paci. “Network-based approaches to explore complex biological systems towards network medicine”. In: *Genes* 9.9 (2018).
- [54] **G. Ficon**, E. Weitschek, A. Cialini, G. Felici, P. Bertolazzi, S. De Salvo, A. Bramanti, P. Bramanti, and M.C. De Cola. “Combining EEG signal processing with supervised methods for Alzheimer’s patients classification”. In: *BMC Medical Informatics and Decision Making* 18.1 (2018).
- [55] F. Russo, **G. Ficon**, F. Conte, M. Rizzo, P. Paci, and M. Pellegrini. “Interplay between long noncoding RNAs and micrnas in cancer”. In: *Methods in Molecular Biology* 1819 (2018), pp. 75–92.
- [56] **G. Ficon** and E. Weitschek. *String-matching and alignment algorithms for finding motifs in NGS data*. 2017, pp. 235–264.
- [57] P. Paci, T. Colombo, **G. Ficon**, A. Gurtner, G. Pavesi, and L. Farina. “SWIM: A computational tool to unveiling crucial nodes in complex biological networks”. In: *Scientific Reports* 7 (2017).
- [58] F. Conte, **G. Ficon**, M. Chiara, T. Colombo, L. Farina, and P. Paci. “Role of the long non-coding RNA PVT1 in the dysregulation of the ceRNA-ceRNA network in human breast cancer”. In: *PLoS ONE* 12.2 (2017).
- [59] F. Cumbo, **G. Ficon**, S. Ceri, M. Masseroli, and E. Weitschek. “TCGA2BED: Extracting, extending, integrating, and querying The Cancer Genome Atlas”. In: *BMC Bioinformatics* 18.1 (2017).
- [60] **G. Ficon**, E. Weitschek, E. Cella, A. Lo Presti, M. Giovanetti, M. Babakir-Mina, M. Ciotti, M. Ciccozzi, A. Pierangeli, P. Bertolazzi, and G. Felici. “MISSEL: A method to identify a large number of small species-specific genomic subsequences and its application to viruses classification”. In: *BioData Mining* 9.1 (2016).

- [61] P. Bertolazzi, G. Felici, P. Festa, **G. Fiscon**, and E. Weitschek. "Integer programming models for feature selection: New extensions and a randomized solution algorithm". In: *European Journal of Operational Research* 250.2 (2016), pp. 389–399.
- [62] V. Cestarelli, **G. Fiscon**, G. Felici, P. Bertolazzi, and E. Weitschek. "CAMUR: Knowledge extraction from RNA-seq cancer data through equivalent classification rules". In: *Bioinformatics* 32.5 (2016), pp. 697–704.
- [63] E. Weitschek, **G. Fiscon**, G. Felici, and P. Bertolazzi. "GELA: A Software Tool for the Analysis of Gene Expression Data". In: *Proceedings - International Workshop on Database and Expert Systems Applications, DEXA*. Vol. 2016-February. 2016, pp. 31–35.
- [64] **G. Fiscon**, E. Weitschek, M. Ciccozzi, P. Bertolazzi, and G. Felici. "A novel feature selection method to extract multiple adjacent solutions for viral genomic sequences classification". In: *BMC Bioinformatics*. Vol. 17. 2016, pp. 207–208.
- [65] E. Weitschek, **G. Fiscon**, V. Fustaino, G. Felici, and P. Bertolazzi. *Clustering and Classification Techniques for Gene Expression Profile Pattern Analysis*. 2015, pp. 347–370.
- [66] **G. Fiscon**, P. Paci, T. Colombo, and G. Iannello. "A new procedure to analyze RNA non-branching structures". In: *Current Bioinformatics* 10.3 (2015), pp. 242–258.
- [67] **G. Fiscon**, E. Weitschek, G. Felici, P. Bertolazzi, S. De Salvo, P. Bramanti, and M.C. De Cola. "Alzheimer's disease patients classification through EEG signals processing". In: *IEEE SSCI 2014 - 2014 IEEE Symposium Series on Computational Intelligence - CIDM 2014: 2014 IEEE Symposium on Computational Intelligence and Data Mining, Proceedings*. 2015, pp. 105–112.
- [68] **G. Fiscon**, P. Paci, and G. Iannello. "MONSTER v1.1: A tool to extract and search for RNA non-branching structures". In: *BMC Genomics* 16 (2015).
- [69] E. Weitschek, **G. Fiscon**, and G. Felici. "Supervised DNA Barcodes species classification: Analysis, comparisons and results". In: *BioData Mining* 7.1 (2014).
- [70] E. Weitschek, D. Santoni, **G. Fiscon**, M.C. De Cola, P. Bertolazzi, and G. Felici. "Next generation sequencing reads comparison with an alignment-free distance". In: *BMC Research Notes* 7.1 (2014).

ALTRE ATTIVITA'

Organizzazione e Comitati di programma di workshop/convegni

2025-2026: Membro del **Program Committee** di **the International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithm** - BIOINFORMATICS 2026, <https://bioinformatics.scitevents.org/>

2025-2026: Membro del **Program Committee** di **Applications and Systems for Healthcare (ASH), the 40th ACM/SIGAPP Symposium On Applied Computing** - SAC 2026, <https://ash-sac.github.io/ash2026/index.html>

2025: Membro della **Steering Committee** del 3-day Workshop *Network Medicine Training Course* (https://www.diag.uniroma1.it/network_medicine_training_course), 5-7 Marzo 2025, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Boston and Sapienza University of Rome, Italy

2024: **Organizzatore e Program Co-chair** del *The 2nd Workshop on Challenges and Opportunities in Network Medicine and Multi-Omics bioinformatics' approaches for studying human complex diseases* (<https://sites.google.com/view/ws-network-medicine/home-page>), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) 2024 - 3rd-6th December, 2024, Lisboa, Portugal

2023: **Organizzatore e Program Co-chair** del *Workshop on Challenges and Opportunities in Network Medicine and Multi-Omics bioinformatics' approaches for studying human complex diseases* (<https://sites.google.com/view/ws-network-medicine/home-page>), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM) 2023 - 5-8 December, 2023, Istanbul, Turchia

2018: Membro del **Program Committee** of IEEE BIBM 2018 Workshop on Challenges and Opportunities in Large Scale Network Analysis in Systems Biology.

2017-2020, 2024-2025: Membro del **Program Committee of the International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithm** - BIOINFORMATICS 2017-2020, BIOINFORMATICS 2025.

2017-2020: Membro del **Program Committee of the 16th International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithm** - BIOINFORMATICS 2025.

Appartenenza a gruppi/associazioni

dal 2022: Membro del Gruppo Cochrane.

dal 2020: Membro del Gruppo Nazionale di Bioingegneria (GNB).

dal 2017: Membro dell Bx2M Associazione culturale Bioinformatica per la Medicina Molecolare.

2016–2018: Membro della IEEE Technical Committee on Computational Life Sciences (TC-CLS).

2015–2018: Membro della International Society for Computational Biology (ISCB) Regional Student Group - Italy.

dal 2014: Membro della Commissione “Innovazione per l’Ingegneria d’Impresa” dell’Ordine degli Ingegneri della provincia di Roma.

dal 2013: Iscritta all’Albo degli Ingegneri della provincia di Roma.

Attività di revisore/editor di riviste internazionali

Guest Editor della rivista internazionale **Biotechnology Reports - Elsevier**, special issue "Network-based analysis and multi-omics approaches for biology and medicine" (<https://www.sciencedirect.com/special-issue/106KTCTJHWZ>)

Editor della rivista internazionale **Scientific Reports- Springer Nature**, sezione "biomedical engineering" (<https://www.nature.com/srep/about/editors#biomedical-engineering>)

Membro dell’Editorial Board della rivista internazionale **Bioengineered** (<https://www.tandfonline.com/action/journalInformation?show=editorialBoard&journalCode=kbie20>)

Membro dell’Editorial Board della rivista internazionale **Biotechnology Reports** (<https://www.journals.elsevier.com/biotechnology-reports/editorial-board>)

Academic Editor della rivista internazionale **Computational and Mathematical Methods in Medicine** (<https://www.hindawi.com/journals/cmmm/editors/>).

Editor della rivista internazionale **Current Issues in Molecular Biology** (<https://www.mdpi.com/journal/cimb/editors>), sezione "Bioinformatics and Systems Biology" (<https://www.mdpi.com/journal/cimb/sectioneditors/bsb>)

Editor della Special Issue "Women’s Special Issue Series: CIMB 2023" della rivista internazionale **Current Issues in Molecular Biology** international journal (https://www.mdpi.com/journal/cimb/special_issues/9SQQ44Y6H9)

Editor della Special Issue "Bioinformatics Approaches to Biomedicine" of **Current Issues in Molecular Biology** international journal (https://www.mdpi.com/journal/cimb/topical_collections/G1T87W6N51)

Membro della Reviewer Board di MDPI Genes (https://www.mdpi.com/journal/genes/submission_reviewers) and MDPI Sensors Journals (https://www.mdpi.com/journal/sensors/submission_reviewers)

Referee (appartenente alla Program Committee) per **IEEE BIBM18 Workshop on challenges and opportunities in Large Scale Network Analysis in Systems Biology**

Referee (appartenente alla Program Committee) per **the International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithm - BIOINFORMATICS 2017-2020, BIOINFORMATICS 2025**

Referee per diverse riviste internazionali tra cui: Elsevier Journal of Biomedicine and Pharmacotherapy, Elsevier Journal of Computers and Medicine, Bioengineered Journal, Oncotarget, Journal of Computer Science, Scientific Reports, BMC Bioinformatics, PLOS ONE, MDPI Journals.

Collaborazioni scientifiche

Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica “A. Ruberti” (IASI), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia).

Dipartimento di Ingegneria informatica automatica e gestionale “A. Ruberti” (DIAG), Università di Roma La Sapienza.

Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università di Roma La Sapienza.

Università di Milano-Bicocca, Milano (Italia).

Università Campus Bio-medico di Roma (Italia).

Università Telematica Uninettuno, Roma (Italia).

Fondazione per la Medicina Personalizzata (FMP), Roma (Italia).

INMI Lazzaro Spallanzani, National Institute of Infectious Diseases, Roma (Italia).

Harvard Medical School, Boston, MA (USA).

Brigham and Women’s Hospital, Channing Division of Network Medicine, Boston, MA (USA).

TRATTAMENTO DEI DATI PERSONALI

Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 “Codice in materia di protezione dei dati personali” e ai sensi del Reg. UE 2016/679 (GDPR).