

## PERSONAL INFORMATION

## Federica Conte



(personale), fedconte@cnr.it  
(istituzionale)



Gender

Date of birth

Nationality

## ESPERIENZA LAVORATIVA

16/02/2022 – in corso

## Incarico di collaborazione

Istituto di analisi dei sistemi ed informatica "A. Ruberti" (IASI)  
Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia)

Ruolo: Collaboratore di ricerca

**Titolo progetto:** Analisi bioinformatiche nell'ambito del Bando PRIN 2017 – Settore ERC LS2 - Codice Progetto 20178L3P38 - Regulation of gene expression in grapevine: analysis of genetic and epigenetic determinants

**Referente:** Paola Paci

**Principali attività:**

- Analisi e integrazione di dati biologici con particolare riferimento alla vite

**Numeri protocollo:** Prot. n. 0000111 del 16/02/2022, Prot. n. 0000484 del 19/05/2022, Prot. n. 0000824 del 20/09/2022

2/11/2017 – 1/11/2021

## Assegno di ricerca post-doc

Istituto di analisi dei sistemi ed informatica "A. Ruberti" (IASI)  
Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia)

Ruolo: Post-Doc

**Titolo progetto:** Bioinformatics analysis and systems biology approach for the study of human cancers and neurodegenerative diseases

**Referente:** Paola Paci

**Principali attività:**

- Studio e sviluppo di modelli computazionali e tool bioinformatici per l'analisi di dati nell'ambito delle malattie oncologiche e neurodegenerative
- Diffusione e pubblicazione dei risultati scientifici ottenuti dall'attività di ricerca
- Attività didattica all'Università

**Numeri protocollo:** Prot. n. 0000841 del 02/11/2017

02/11/2018 — 02/05/2019

## Collaborazione di ricerca

ACT Operations Research (ACTOR)  
Roma (Italia)

Ruolo: Ingegnere Biomedico

**Titolo progetto:** Development of models for the early and non-invasive diagnosis of neurodegenerative diseases (MoDiag Project)

**Principali attività:**

- Sviluppo, studio e applicazione di modelli matematici e algoritmi computazionali nell'ambito di patologie neurodegenerative ad alto impatto sociale ed economico
- Analisi integrata di dati clinici, strumentali e biomarcatori innovativi

2/11/2015 – 31/10/2017

## Assegno di ricerca post-doc

Istituto di analisi dei sistemi ed informatica "A. Ruberti" (IASI)  
Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia)

**Ruolo:** Post-Doc

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

**Referente:** Paola Paci

**Principali attività:**

- Studio e sviluppo di modelli computazionali per l'analisi di dati biologici nell'ambito del progetto EPIGEN Flagship project
- Diffusione e pubblicazione dei risultati scientifici ottenuti dall'attività di ricerca
- Attività didattica all'Università

**Numeri protocollo:** Prot. n. 0000634 del 30/10/2015

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

---

01/11/2012 – 31/10/2015

### PhD in Automatica e Ricerca Operativa

Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG)  
Sapienza Università di Roma

**Titolo tesi:** Insulin signaling network: mathematical modeling and parameter estimation from experimental data

**Advisor (DIAG):** Prof.ssa Serenella Salinari

**Tutor (IASI-CNR):** Dr. Alessandro Bertuzzi

**Voto finale:** Ottimo

**Data discussione tesi:** 23/05/2016

**Principali attività:** Studio del modello matematico della via di segnale dell'insulina e stima parametrica da dati sperimentali

2010 — 2012 **Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica**

Sapienza Università di Roma

Ingierzia Biomedica classe LM-21 [LM - Ordin. 2010] (D.M. 270/04)

**Titolo tesi:** Optimization of the protocol of tumour radiotherapy

**Advisor:** Prof. Carlo Bruni

**Co-advisor:** Drs. Carmela Sinisgalli, Dr. Federico Papa

**Voto finale:** 110/110 summa cum laude

**Data discussione tesi:** 28/03/2012

2007 — 2010 **Laurea Triennale in Ingegneria Clinica**

Sapienza Università di Roma

Ingierzia Clinica classe 10 [L-509 - Ordin. 2002] (D.M. 509/99)

**Titolo tesi:** Study of models for the regulation of glucose and insulin concentration in the blood: analysis of possible insulin therapy

**Advisor:** Prof. Daniela Iacoviello

**Voto finale:** 110/110

**Data discussione tesi:** 22/01/2010

2001 — 2006 **Diploma di Liceo Scientifico**

Liceo scientifico L.B. ALBERTI, Minturno (LT), Italia

## COMPETENZE PERSONALI

---

Madrelingua **Italiano**

Other languages	UNDERSTANDING		SPEAKING		WRITING
	Listening	Reading	Spoken interaction	Spoken production	
Inglese	B2	C1	B2	B2	C1

Levels: A1 and A2: Basic user – B1 and B2: Independent user – C1 and C2: Proficient user  
Common European Framework of Reference for Languages

- Competenze professionali**
- Ottime competenze professionali nel campo della biologia computazionale e della bioinformatica acquisite durante il post-doc
  - Ottime conoscenze nel campo della Systems Biology e della modellistica matematica applicata alla biomedicina acquisite durante il dottorato
  - Ottime conoscenze della teoria della stima e del controllo e dei metodi di ottimizzazione acquisite durante il corso di laurea in Ingegneria Biomedica e il dottorato in Automatica
- Competenze comunicative**
- Ottime competenze comunicative e relazionali documentate sia dall'attività didattica svolta negli ultimi anni che dai crescenti rapporti di collaborazione scientifica
- Competenze organizzative e gestionali**
- Ottime capacità di lavorare sia in modo indipendente sia in gruppo
  - Ottime capacità di organizzare e gestire il proprio lavoro rispettando le scadenze
  - Ottime capacità di interagire costruttivamente con altre persone
- Competenze digitali**
- **Programmi di elaborazione testi e presentazioni:** Ottima conoscenza di Microsoft Office, Suite, OpenOffice, LATEX e Adobe Creative Suite.
  - **Linguaggi di programmazione:** Ottima conoscenza di programmazione MATLAB e R.
  - **Sistemi operativi:** Ottima conoscenza di Microsoft Windows, MacOS, GNU/Linux.
- Patente di guida** B

#### RICONOSCIMENTI E PREMI

- 2018** **Best Poster Award** conferito dalla Società Italiana di Bioinformatica (BITS) al 15<sup>th</sup> Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society - BITS2018, Torino (Italia):
- AUTORI: **Federica Conte**, Giulia Fiscon, Paola Paci
  - TITOLO: Computational analysis to study the long non-coding RNAs associated ceRNA activity in human breast cancer
- 2017** **Best Poster Award** conferito da IEEE Technical Committee on Computational LifeScience Society (TCCLS) alla Lipari School 2017 on Computational Drug Science and High-Precision Medicine:
- AUTORI: **Federica Conte**, Giulia Fiscon, Paola Paci
  - TITOLO: Role of the long non-coding RNA PVT1 in the dysregulation of the ceRNA-ceRNA network in human breast cancer

## ESPERIENZA DIDATTICA

a.a. 2020–2022

Cultore della materia e assistente per il corso *Bioingengeria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica presso la Facoltà di Ingegneria Civile e Industriale dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia.

Cultore della materia e assistente per il corso *Bioinformatics II* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Triennale in Bioinformatics dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia (corso in lingua inglese).

Cultore della materia per il corso *Modelling and simulation of biomolecular dynamic systems* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Triennale in Bioinformatics dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia (corso in lingua inglese).

a.a. 2019–2020

Assistente per il corso *Bioingengeria per la Genomica* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica presso la Facoltà di Ingegneria Civile e Industriale dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia.

a.a. 2017–2018

Docente titolare per il corso *Computational Biology* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia (corso in lingua inglese).

a.a. 2016–2017

Ciclo di lezioni all'interno del corso *Molecular biology of mental processes* (6 CFU - SSD BIO/11) della Laurea Magistrale in Neurobiologia dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia.

Ciclo di lezioni all'interno del corso *Biology of the cell* (6 CFU - SSD BIO/13) della Laurea Triennale in Bioinformatics dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia (corso in lingua inglese).

Assistente per il corso *Computational Biology* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia (corso in lingua inglese).

a.a. 2015–2016

Assistente per il corso *Biologia Computazionale* (6 CFU - SSD ING-INF/06) della Laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia.

## RELATORE DI TESI

a.a. 2021–2022

**Co-relatore** della tesi intitolata "A bioinformatics approach for analyzing RNA expression profiling and clinical data of patients affected by colorectal cancer" per la Laurea Triennale in Bioinformatics dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia. Studente: Federica D'Annunzio.

**Co-relatore** della tesi intitolata "Analisi bioinformatiche per l'identificazione di biomarcatori per il cancro alla mammella" per la Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica presso la Facoltà di Ingegneria Civile e Industriale dell'Università Sapienza Univeristà di Roma, Italia. Studente: Alessio Funari.

- a.a. 2020–2021 **Co-relatore** della tesi intitolata “A bioinformatics analysis to reveal oncogenic gene signatures for Head and Neck Squamous cell carcinoma ” per la Laurea Triennale in Bioinformatics dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Valentina Marchionni.
- Co-relatore** della tesi intitolata “A bioinformatics approach integrating rna expression profiling with clinical data for prostate cancer early detection” per la Laurea Triennale in Bioinformatics dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Andrea Misiti.
- Co-relatore** della tesi intitolata “Gene co-expression in the interactome: moving from correlation toward causation via an integrated approach to disease module discovery” per la Laurea Triennale in Bioinformatics dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Aurora Odierno.
- a.a. 2017–2018 **Relatore** della tesi intitolata “Analisi del profilo epigenetico di epatociti primari infettati dal virus dell’epatite B (HBV) mediante ATAC-seq” per la Laurea Magistrale in Genetica e Biologia Molecolare dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Giuseppe Pascucci.
- a.a. 2016–2017 **Co-relatore** della tesi intitolata “Analisi computazionale per lo studio delle interazioni tra le diverse molecole di RNA nelle reti di correlazione genica associate al tumore alla prostata” per la Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica presso la Facoltà di Ingegneria Civile e Industriale dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Gaia Ceddia.
- Co-relatore** della tesi intitolata “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 la Laurea Magistrale in Ingegneria Biomedica presso la Facoltà di Ingegneria Civile e Industriale dell’Università Sapienza Università di Roma, Italia. Studente: Chiara Di Ponzio.

## PRESENTAZIONI

- Set 2022 *7th Global Insight Conference on BREAST CANCER. GICBC 2022* – 20-31 Settembre 2022, Barcellona (Spagna).  
– RUOLO: Speaker su invito  
– TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: In silico recognition of a prognostic signature in basal-like breast cancer patients.
- Lug 2022 *La Statistica al CNR al servizio del Paese* – 5 Luglio 2022.  
– RUOLO: Speaker su invito  
– TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: Identificazione in silico di una firma genica prognostica in pazienti con tumore mammario di tipo basal-like.
- Sett 2021 *Mathematical Modelling and Control for Healthcare and Biomedical Systems. Virtual Workshop* – 28-30 Settembre 2021.  
– RUOLO: Speaker  
– TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: Recognition of gene signatures in breast cancer subtypes.
- Sett 2021 *11th Probiotics, Prebiotics & New Foods, Nutraceuticals and Botanicals for Nutrition & Human and Microbiota Health* – 12-14 Settembre 2021, Università Urbaniana, Roma (Italia).  
– RUOLO: Speaker  
– TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: Network-Based Approaches for the Identification of Complex Disease: Signature from Omics Data.
- Sett 2021 *AUTOMATICA.IT 2021 workshop* – 8-10 Settembre 2021, Catania (Italia).  
– RUOLO: Speaker  
– TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: The New Paradigm of Network Medicine to Analyze Breast Cancer Phenotypes.

- Lug 2021** *BITS 2021- Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society* – 1-2 Luglio 2021.
- RUOLO: Speaker
  - TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: The New Paradigm of Network Medicine to Analyze Breast Cancer Phenotypes.
- Giu 2019** *Systems Metabolomics workshop* – 12 Giugno 2019. Milano (Italia).
- RUOLO: Speaker
  - TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: Connectivity analysis in metabolic networks.
- Dic 2017** *BBCC 2017* – 18-20 Dicembre 2017. Napoli (Italia).
- RUOLO: Speaker
  - TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: How does SWIM work and how to use it.
- Mag 2016** *EPIGEN Data on the beach Workshop* – 5-6 Maggio 2016, Rimini (Italia).
- RUOLO: Speaker
  - TITOLO DELLA PRESENTAZIONE: Stochastic computational model to infer condition-specific mRNA half-lives directly from gene expression time-courses.
- POSTER**
- 
- 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, 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.
- 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 Sponzillo, **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 – 88<sup>th</sup> Annual Meeting of the American Thyroid Association*, 3-7 Ottobre 2018, Washington, DC (USA).
- AUTORI: Rosa Falcone, Paola Paci, Antonella Verrienti, Giulia Fiscon, MariaLuisa Sponzillo, **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.
- Set 2018** *THE FIRST INTERNATIONAL CONFERENCE ON NETWORK MEDICINE AND BIG DATA: The Transformation of Medicine*, 24-26 Settembre 2018, Sapienza Università di 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 – 15<sup>th</sup> 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 – 15<sup>th</sup> 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. item 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: Role 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. \*Corresponding author  
– 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** LIPARI SCHOOL ON COMPUTATIONAL MICROBIOLOGY AND MICROBIOME-BASED MEDICINE, 17-24 Luglio 2016, Lipari (Italia). [Best poster award].  
– AUTORI: Alessandro Bertuzzi, **Federica Conte**, Geltrude Mингrone, Federico Papa, Serenella Salinari and Carmela Sinigaglia.  
– TITOLO: Insulin Signaling in Insulin Resistance States and Cancer: A Modeling Analysis.
- Giu 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.
- Feb 2015** GBIOSB/LORENTZ WORKSHOP "DATA INTEGRATION IN THE LIFE SCIENCES", Febbraio 2015, Leiden (Paesi Bassi).  
– AUTORI: **Federica Conte**, Alessandro Bertuzzi, Geltrude Mингrone, Federico Papa, Serenella Salinari and Carmela Sinigaglia.  
– TITOLO: Mathematical modeling of the insulin signaling pathway and parameter estimation from experimental data.

## CONFERENZE E WORKSHOPS

- Set 2022 7TH GLOBAL INSIGHT CONFERENCE ON BREAST CANCER - GICBC 2022, 20-31 Settembre 2022, Barcellona (Spagna).
- Set 2021 MATHEMATICAL MODELLING AND CONTROL FOR HEALTHCARE AND BIOMEDICAL SYSTEMS - MCHBS 2021, 28-30 Settembre 2021, Virtual Workshop.
- Set 2021 11TH PROBIOTICS, PREBIOTICS & NEW FOODS, NUTRACEUTICALS AND BOTANICALS FOR NUTRITION & HUMAN AND MICROBIOTA HEALTH, 12-14 Settembre 2021, Università Urbaniana, Roma (Italia).
- Set 2021 AUTOMATIC.A.IT 2021 WORKSHOP, 8-10 Settembre 2021, Catania (Italia).
- Lug 2021 ANNUAL MEETING OF THE BIOINFORMATICS ITALIAN SOCIETY - BITS2021, 1-2 Luglio 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 PAROLE DELL'INNOVAZIONE IN SANITÀ. 4<sup>th</sup> 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, Area strategica Matematica Applicata, 21 Gennaio 2019, Roma (Italia).
- Dic 2018 ARTIFICIAL INTELLIGENCE AND HEALTH ORGANIZED BY FONDAZIONE FRANCESCO BALSANO, Aula Convegni CNR, 14 Dicembre 2018, Roma (Italia).
- Set 2018 IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIOINFORMATICS AND BIOMEDICINE (BIBM2018), 3-6 Dicembre 2018, Madrid (Spagna).
- Set 2018 THE FIRST INTERNATIONAL CONFERENCE ON NETWORK MEDICINE AND BIG DATA: THE TRANSFORMATION OF MEDICINE, 24-26 Settembre 2018, Sapienza Università di Roma (Italia).
- Set 2018 INFORMATION TECHNOLOGY FOR PRECISION MEDICINE, 17 September 2018, Sapienza Università di Roma (Italia).
- Giu 2018 15<sup>th</sup> 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, 12-20 Dicembre 2017, Napoli (Italia).
- Dic 2017 SysBio DAY 2017, 12 Dicembre 2017, Milano (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).

#### CORSI E SCUOLE POST-LAUREAM

- Ott 2022 Advanced Course in Network Medicine: From byte to bench to bed side-addressing large and complex data sets in biomedicine, 18-20 Ottobre 2022, Karolinska Institute, Stoccolma (Svezia).
- Giu 2019 1<sup>st</sup> 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).
- Feb 2015 Training Course: Data Integration in the Life Sciences, 2-6 Febbraio 2015, Leiden (Paesi Bassi).
- Set 2014 Systems Biology and Systems Medicine: Precision Biotechnology and Therapies - PhD School 2014, 21-27 Settembre 2014, Como (Italia).
- Apr-Giu 2014 Corso avanzato in Systems and Control del Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Sapienza Università di Roma (Italia).
- Apr-Giu 2014 Corso avanzato in Optimization del Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Sapienza Università di Roma (Italia).
- Lug 2013 Systems Biology - PhD School, SIDRA (Società Italiana Docenti e Ricercatori in Automatica), 8-13 Luglio 2013, Bertinoro (Italia).

Mag 2013 Modelling and estimation for control - Graduate School on Control, European Embedded Control Institute (EECI), 27-31 Maggio 2013, L'Aquila (Italia).

**INDICI BIBLIOMETRICI (SCOPUS)**

h-index 15

numero di citazioni 657

numero di articoli 34

**PUBLICAZIONI IN SCOPUS**

- [1] S. Amadio, **F. Conte**, G. Esposito, G. Fiscon, P. Paci e C. Volonté. «Repurposing Histaminergic Drugs in Multiple Sclerosis». In: *International Journal of Molecular Sciences* 23.11 (2022).
- [2] P. Vernocchi, M.V. Ristori, S. Guerrera, V. Guerrasi, **F. Conte**, A. Russo, E. Lupi, S. Albitar-Nehme, S. Gardini, P. Paci, G. Ianiro, S. Vicari, A. Gasbarrini e L. Putignani. «Gut Microbiota Ecology and Inferred Functions in Children With ASD Compared to Neurotypical Subjects». In: *Frontiers in Microbiology* 13 (2022).
- [3] **F. Conte**, F. Papa, P. Paci e L. Farina. «StaRTrEK:in silico estimation of RNA half-lives from genome-wide time-course experiments without transcriptional inhibition». In: *BMC Bioinformatics* 23.1 (2022).
- [4] P. Paci, G. Fiscon, **F. Conte**, R.-S. Wang, D.E. Handy, L. Farina e J. Loscalzo. «Comprehensive network medicine-based drug repositioning via integration of therapeutic efficacy and side effects». In: *npj Systems Biology and Applications* 8.1 (2022).
- [5] G. Fiscon, **F. Conte**, L. Farina e 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).
- [6] **F. Conte**, P. Sibilio, A.M. Grimaldi, M. Salvatore, P. Paci e M. Incoronato. «In silico recognition of a prognostic signature in basal-like breast cancer patients». In: *PLoS ONE* 17.2 February (2022).
- [7] V. Panebianco, P. Paci, M. Pecoraro, **F. Conte**, G. Carnicelli, Z.M. Besharat, G. Catanzaro, E. Splendiani, A. Sciarra, L. Farina, C. Catalano e E. Ferretti. «Network analysis integrating microRNA expression profiling with MRI biomarkers and clinical data for prostate cancer early detection: A proof of concept study». In: *Biomedicines* 9.10 (2021).
- [8] M. Bonanomi, N. Salmistraro, G. Fiscon, **F. Conte**, P. Paci, V. Bravatà, G.I. Forte, T. Volpari, M. Scorza, F. Mastrianni, S. D'errico, E. Avolio, G. Piccialli, A.M. Colangelo, M. Vanoni, D. Gaglio e L. Alberghina. «Transcriptomics and metabolomics integration reveals redox-dependent metabolic rewiring in breast cancer cells». In: *Cancers* 13.20 (2021).
- [9] V. Pecce, A. Verrienti, G. Fiscon, M. Sponziello, **F. Conte**, L. Abballe, C. Durante, L. Farina, S. Filetti e P. Paci. «The role of FOSL1 in stem-like cell reprogramming processes». In: *Scientific Reports* 11.1 (2021).
- [10] P. Paci, G. Fiscon, **F. Conte**, R.-S. Wang, L. Farina e 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).
- [11] P. Sibilio, S. Bini, G. Fiscon, M. Sponziello, **F. Conte**, V. Pecce, C. Durante, P. Paci, R. Falcone, G.D. Norata, L. Farina e A. Verrienti. «In silico drug repurposing in COVID-19: A network-based analysis». In: *Biomedicine and Pharmacotherapy* 142 (2021).
- [12] G. Fiscon, S. Pegoraro, **F. Conte**, G. Manfioletti e 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.

- [13] G. Fiscon, **F. Conte**, L. Farina e P. Paci. «SAveRUNNER: A network-based algorithm for drug repurposing and its application to COVID-19». In: *PLoS Computational Biology* 17.2 (2021).
- [14] **F. Conte**, G. Fiscon, P. Sibilio, V. Licursi e P. Paci. «An Overview of the Computational Models Dealing with the Regulatory ceRNA Mechanism and ceRNA Deregulation in Cancer». In: *Methods in Molecular Biology* 2324 (2021), pp. 149–164.
- [15] G. Fiscon, **F. Conte**, S. Amadio, C. Volonté e P. Paci. «Drug Repurposing: A Network-based Approach to Amyotrophic Lateral Sclerosis». In: *Neurotherapeutics* (2021).
- [16] P. Paci, G. Fiscon, **F. Conte**, V. Licursi, J. Morrow, C. Hersh, M. Cho, P. Castaldi, K. Glass, E.K. Silverman e L. Farina. «Integrated transcriptomic correlation network analysis identifies COPD molecular determinants». In: *Scientific Reports* 10.1 (2020).
- [17] P. Vernocchi, T. Gili, **F. Conte**, F. Del Chierico, G. Conta, A. Miccheli, A. Botticelli, P. Paci, G. Caldarelli, M. Nuti, P. Marchetti e L. Putignani. «Network analysis of gut microbiome and metabolome to discover microbiota-linked biomarkers in patients affected by non-small cell lung cancer». In: *International Journal of Molecular Sciences* 21.22 (2020), pp. 1–19.
- [18] 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. Fiscon, L. Gatto, M. Gentili, J. Loscalzo, C. Marchese, C. Napoli, P. Paci, M. Petti, J. Quackenbush, P. Tieri, D. Viggiano, G. Vilahur, K. Glass e J. Baumbach. «Molecular networks in Network Medicine: Development and applications». In: *Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine* 12.6 (2020).
- [19] A.M. Grimaldi, **F. Conte**, K. Pane, G. Fiscon, P. Mirabelli, S. Baselice, R. Giannatiempo, F. Messina, M. Franzese, M. Salvatore, P. Paci e 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.
- [20] A. Bertuzzi, **F. Conte**, F. Papa e C. Sinisgalli. «Applications of nonlinear programming to the optimization of fractionated protocols in cancer radiotherapy». In: *Information (Switzerland)* 11.6 (2020).
- [21] **F. Conte**, G. Fiscon, V. Licursi, D. Bizzarri, T. D'Antò, L. Farina e 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).
- [22] V. Licursi, **F. Conte**, G. Fiscon e P. Paci. «MIENTURNET: An interactive web tool for microRNA-target enrichment and network-based analysis». In: *BMC Bioinformatics* 20.1 (2019).
- [23] C. Bruni, **F. Conte**, F. Papa e C. Sinisgalli. «Optimal number and sizes of the doses in fractionated radiotherapy according to the LQ model». In: *Mathematical Medicine and Biology* 36.1 (2019), pp. 1–53.
- [24] I. Arisi, P. Bertolazzi, E. Cappelli, **F. Conte**, F. Cumbo, G. Fiscon, M. Sonnessa e F. Taglino. «An ontology-based approach to improve data querying and organization of Alzheimer's Disease data». In: 2019, pp. 2732–2734.
- [25] G. Magris, G. Di Gaspero, F. Marroni, S. Zenoni, G.B. Tornielli, M. Celii, E. De Paoli, M. Pezzotti, **F. Conte**, P. Paci e M. Morgante. «Genetic, epigenetic and genomic effects on variation of gene expression among grape varieties». In: *Plant Journal* 99.5 (2019), pp. 895–909.
- [26] G. Fiscon, **F. Conte**, L. Farina, M. Pellegrini, F. Russo e P. Paci. «Identification of Disease–miRNA Networks Across Different Cancer Types Using SWIM». In: *Methods in Molecular Biology* 1970 (2019), pp. 169–181.
- [27] R. Falcone, **F. Conte**, G. Fiscon, V. Pecce, M. Sponziello, C. Durante, L. Farina, S. Filetti, P. Paci e A. Verriente. «BRAF V600E -mutant cancers display a variety of networks by SWIM analysis: prediction of vemurafenib clinical response». In: *Endocrine* (2019).

- [28] G. Fiscon, **F. Conte**, V. Licursi, S. Nasi e P. Paci. «Computational identification of specific genes for glioblastoma stem-like cells identity». In: *Scientific Reports* 8.1 (2018).
- [29] G. Fiscon, **F. Conte** e 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).
- [30] G. Fiscon, **F. Conte**, L. Farina e P. Paci. «Network-based approaches to explore complex biological systems towards network medicine». In: *Genes* 9.9 (2018).
- [31] F. Russo, G. Fiscon, **F. Conte**, M. Rizzo, P. Paci e M. Pellegrini. «Interplay between long noncoding RNAs and micrornas in cancer». In: *Methods in Molecular Biology* 1819 (2018), pp. 75–92.
- [32] **F. Conte**, G. Fiscon, M. Chiara, T. Colombo, L. Farina e 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).
- [33] A. Bertuzzi, **F. Conte**, G. Mingrone, F. Papa, S. Salinari e C. Sinisgalli. «Insulin signaling in insulin resistance states and cancer: A modeling analysis». In: *PLoS ONE* 11.5 (2016).
- [34] C. Bruni, **F. Conte**, F. Papa e C. Sinisgalli. «Optimal weekly scheduling in fractionated radiotherapy: effect of an upper bound on the dose fraction size». In: *Journal of Mathematical Biology* 71.2 (2015), pp. 361–398.

---

**COLLABORAZIONI SCIENTIFICHE**  
Appartenenza a gruppi/associazioni

Dal 2020: Membro di GNB – National Bioengineering Group.

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

2017: Membro di IEEE Technical Committee on Computational Life Sciences (TCCLS).

2016: Membro di Program Committee of THE INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIOINFORMATICS MODELS, METHODS AND ALGORITHM - BIOINFORMATICS 2016-2020.

**Attività di referaggio di articoli, libri e progetti**

Editore Associato per Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, sezione Preclinical Cell and Gene Therapy

Revisore per IEEE BIBM18 WORKSHOP ON CHALLENGES AND OPPORTUNITIES IN LARGE SCALE NETWORK ANALYSIS IN SYSTEMS BIOLOGY.

Revisore per THE INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIOINFORMATICS MODELS, METHODS AND ALGORITHM - BIOINFORMATICS 2017-2020.

Revisore per riviste scientifiche internazionali come Molecular Therapy, Scientific Reports, Oncotarget e the International Journal of Cancer.

**Collaborazioni con Centri di Ricerca - Università**

Istituto di analisi dei sistemi ed informatica “A. Ruberti” (IASI), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Roma (Italia).

Dipartimento di Ingegneria Informatica, Automatica e Gestionale (DIAG), Sapienza Università di Roma (Italia).

Dipartimento di Medicina Traslazionale e di Precisione, Sapienza Università di Roma (Italia).

Università di Milano-Bicocca, Milano (Italia).

Dipartimento di Scienze della vita, Università di Trieste, Trieste (Italia).

Ospedale Bambin Gesù, IRCSS, Roma (Italia).

IRCSS, Fondazione Santa Lucia, Roma (Italia).

IRCSS, SDN, Napoli (Italia).

Harvard Medical School, Boston, MA (USA).

#### Aree di ricerca

Bioinformatica, Biologia Computazionale, Network Medicine, Systems Biology, Modellistica matematica in biomedicina, Teoria della stima e del controllo, Metodi di Ottimizzazione, Bioingegneria.

#### 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).