

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di selezione per la chiamata a professore di I fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 18, comma 1, della Legge n. 240/10 per il settore concorsuale 01/B1 INFORMATICA, (settore scientifico-disciplinare INF/01) presso il Dipartimento di Informatica "Giovanni Degli Antoni", (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 35 del 30/04/24) - Codice concorso 5534

Elena Casiraghi
CURRICULUM VITAE

Informazioni Personali

COGNOME : CASIRAGHI

NOME: ELENA

DATA DI NASCITA: 04, Gennaio, 1978

ORCID ID: 0000-0003-2024-7572 <https://orcid.org/0000-0003-2024-7572>

Scopus ID: 8935973600 <https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=8935973600>

Google Scholar <https://scholar.google.it/citations?user=DGwFLzAAAAAJ&hl=it>

Indice

1 Titoli di studio, Posizioni e Abilitazione:	3
2 Altri Titoli Conseguiti:	3
3 Partecipazione come membro alle attività di consorzi, società, enclave di ricerca	3
4 Indici di produttività scientifica	4
5 Attività Didattica e Seminari	4
5.1 Insegnamenti (corsi di laurea e di Dottorato)	4
5.2 Supervisione di Tesi di Dottorato	6
5.3 Supervisione come Relatore di Tesi di Laurea	6
5.4 Supervisione come Co-Relatore di Tesi di Laurea	7
5.5 Seminari	8
6 Attività Organizzativa	9
6.1 Membro di commissioni di valutazione per corsi di dottorato	9
6.2 Membro commissioni di valutazione comparativa per assegni di ricerca, incarichi di collaborazione, posizioni presso enti pubblici	10
6.3 Selezioni studenti Erasmus	10
7 Fondi ottenuti da Cooperazione con industrie e Bandi Statali	10
8 Partecipazione ai lavori di Progetti Europei, Bandi AIRC, Progetti con enti europei	11
9 Attività come Guest editor e Revisore	12
10 Organizzazione di Conferenze Internazionali	13
11 Collaborazioni con enti di ricerca nazionali e internazionali	13
12 Attività di Ricerca presso VTT - centro di ricerca tecnologica finlandese	14
13 Attività di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”	15
13.1 Analisi di immagini bio-mediche	15
13.2 Analisi di dati complessi nel campo della bioinformatica/medicina	16
13.2.1 Ricerche volte alla opportuna e affidabile imputazione/gestione dei dati mancanti	16
13.2.2 Analisi di dati complessi affetti da e small-sample-size e sbilanciamento tra classi	16
13.3 Integrazione di dati multimodali complessi tramite tecniche basate su Network Medicine e Graph Representation Learning per fornire predizioni personalizzate interpretabili e spiegabili	17
14 Premi	18
15 Pubblicazioni	19

1 Titoli di studio, Posizioni e Abilitazione:

- **1991-1996:** Liceo Scientifico Statale “Paolo Frisi di Monza (MB)”, voto di maturità: 52/60.
- **Ottobre 1996 - Ottobre 2001:** Laurea in Informatica presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni” (Università degli Studi di Milano), voto di Laurea: 110/110 cum Laude.
- **Marzo 2005:** Dottorato in informatica presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni” (Università degli Studi di Milano).
- **Maggio 2006 - 5 Marzo 2020:** Ricercatore Universitario (tempo indeterminato) presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni” (Università degli Studi di Milano).
- **6 Marzo 2020 - Presente:** Professore Associato presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni” (Università degli Studi di Milano)
- **Dicembre 2023:** ottiene l’Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di professore universitario di Prima Fascia nel Settore Concorsuale 01/B1 - INFORMATICA (gruppo scientifico-disciplinare - GSD - 01/INFO-01 - INFORMATICA - ai sensi del D.M. n. 639/2024 del 02/05/2024). Abilitazione valida a decorrere dal 12/12/2023 e avrà scadenza il 12/12/2034 (ai sensi dell’art. 6, co. 8 sexies del D.L. 29 dicembre 2022, n. 198, coordinato con la Legge di conversione 24 febbraio 2023).

2 Altri Titoli Conseguiti:

- **Gennaio 2001 - Dicembre 2001:** assunta come Trainee Researcher presso VTT Technical Research Centre of Finland, “Multiple Media Department” (Helsinki, Finland).
- **Settembre 2002 - Febbraio 2003:** Visiting researcher fellowship presso “Image Science Institute” (ISI), in Utrecht (The Netherlands).
- **Novembre 2021 - Presente:** Responsabile scientifico del laboratorio di ricerca AnacletoLab, Laboratorio di Biologia Computazionale e Bioinformatica - presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni” (Università degli Studi di Milano).
- **30 Agosto 2022 - Presente:** Affiliate Researcher presso i Lawrence Berkeley National Laboratory (Berkeley Lab), Berkeley, USA.
- **Marzo 2023 - Maggio 2023:** Visiting professor fellowship presso Aalto University, Computer Science Department, Espoo (Helsinki, Finland).
- **Marzo 2024 - Maggio 2024:** Visiting researcher presso Aalto University, Computer Science Department, Espoo (Helsinki, Finland).

3 Partecipazione come membro alle attività di consorzi, società, enclave di ricerca

- COVID-19 International Research Team (COV-IRT) - *Group-leader* del sotto-gruppo di ricerca “Radiology and Imaging”.
- National Covid Cohort Collaborative (N3C Enclave), enclave di ricerca fondata da “National Institute of Health” (NIH) USA. Nel contesto della Enclave è (I) *Referente scientifico* di tutte le ricerche condotte da ricercatori/professori dell’Università degli Studi di Milano nel contesto dell’enclave; (II) *Group-leader* del gruppo di lavoro “Feature Selection and Missing Data”.
- GRIN - Società Italiana di Informatica.
- CINI AIIS - Italian Lab on Artificial Intelligence and Intelligent Systems - unità di Milano.
- ELLIS - European Laboratory for Learning and Intelligent Systems - unità di Milano.
- Informatics Europe - partecipa al gruppo di lavoro “Data Analysis and Reporting”.

4 Indici di produttività scientifica

Di seguito vengono riportati gli indici di produttività estratti il 30 Maggio 2024 dalla banca dati Scopus e da Google Scholar.

	h-index	i10 index	Numero di citazioni
Scopus	21	32	2,474
Google scholar	23	49	3,530

La seguente tabella riporta le riviste scientifiche indicizzate in Scopus, di classe Q1 e classificate nell'area Computer Science in cui è stato pubblicato almeno un articolo (fonti: sito della rivista - sinistra; scimago - colonna di destra). Le pubblicazioni sono ordinate per ordine decrescente di (4-year) impact factor, secondo la fonte scimago (data di estrazione: 19 Maggio 2024).

Source title	Impact factor dal sito della rivista	Citations per document (4-yearIF - Scimago)
npj Digital Medicine	15.2	15.8
Data Mining and Knowledge Discovery	7.8	13.4
Journal of Biomedical Informatics	4.5	9.8
Journal of Machine Learning Research	3.7	9.8
Pattern Recognition	8	9.6
Artificial Intelligence in Medicine	7.5	9.5
Scientific Data, Nature publishing	9.8	8.2
Briefings in Bioinformatics	9.5	7.5
Neurocomputing	6	7.2
Bioinformatics	5.8	6.8
J. of the American Med. Informatics Assoc.	6.4	6.4
Machine Learning	7.5	6.3
International Journal of Medical Informatics	4.9	6
Pattern Recognition Letters	5.1	5.9
IEEE Access	3.9	5.2
Nature Computational Science	11.3	4.9
NAR Genomics and Bioinformatics	4.6	4.7
Scientific Reports	4.6	4.4
BMC Bioinformatics	3	3.5
PLoS ONE	-	3.5
Bioinformatics Advances	2.5	2.5
Frontiers in Bioinformatics	new edition	new edition

5 Attività Didattica e Seminari

5.1 Insegnamenti (corsi di laurea e di Dottorato)

[A.A. 2003/04] Attività di tutoraggio del corso di “Informatica” per il Corso di Laurea (c.d.l.) in Tecnico di Laboratorio (3 CFU - 48 ore) presso il Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2004/05] Docente a contratto del corso di “Laboratorio di Programmazione” (3 CFU - 48 ore) per il c.d.l. in Economia e Statistica, presso il Dipartimento di Economia e Statistica, Università degli Studi di Milano Bicocca.

[A.A. 2004/05] Docente a contratto del corso estivo di “Laboratorio di Programmazione” per il c.d.l. in Economia e Statistica, presso il Dipartimento di Economia e Statistica, Università degli Studi di Milano Bicocca.

[A.A. 2006/07 - 2007/08] Docente del corso di “Informatica” (3 CFU - 48 ore) per il c.d.l. in Scienze Biologiche, presso il Dipartimento di Scienze Biologiche, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2007/08 - 2009/10] Docente del corso di “Informatica” (3 CFU - 48 ore) per il c.d.l. in Tecnico di Laboratorio e per il c.d.l. in Oftalmologia, presso il Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2007/08 - 2013/14] Docente del corso di “Elaborazione delle immagini II” (3 CFU - 24 ore) per il c.d.l. in Informatica, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2009/10 - 2018/19] Docente del corso di “Laboratorio di programmazione” (3 CFU - 48 ore) per il C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2011/12 - 2015/16] Docente del corso di “Tecniche di Elaborazione nella diagnostica per immagini” (3 CFU - 18 ore) per la Scuola di Specializzazione in Fisica Medica, presso il Dipartimento di Fisica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2017/18 - 2018/19] Docente del “Modulo di Informatica” (3 CFU - 36 ore) per il c.d.l. in Scienze Biologiche e il c.d.l. in Biotecnologie, presso il Dipartimento di Scienze Biologiche, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2019/20 - 2020/21] Docente del corso di “Laboratorio di Programmazione” (3 CFU - 36 ore) per il c.d.l. in Matematica, presso il Dipartimento di Matematica, Università degli Studi di Milano.

[Maggio 2023]: docente del corso intensivo (12 ore - 2 ETCS) di “Data Visualization” per i corsi di laurea e dottorato in Computer Science presso il Dipartimento di Computer Science, Aalto University (Espoo, Helsinki, Finland)

[A.A. 2019/20 - Presente] Docente del corso di “Visualizzazione Scientifica” (6 CFU - 48 ore) per il c.d.l. in Informatica, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2020/21 - Presente] Docente del corso di “Principi e Modelli della Percezione” (6 CFU - 48 ore) per il C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2021/22 - Presente] Docente del corso di “Laboratorio di Programmazione” (3 CFU - 48 ore) per il c.d.l. in Sicurezza Dei Sistemi E Delle Reti Informatiche, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano.

A.A. 2021/22, 2023/24: docente dei seguenti corsi per il Dottorato in Informatica, presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano:

“Data Visualization” (2 CFU - 10 ore)

“Artificial Intelligence for Network Medicine” (1 CFU - 5 ore) .

5.2 Supervisione di Tesi di Dottorato

[A.A. 2005/06] Arca Stefano, Face Recognition by 3D and 2D features. Corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2007/08] Pratissoli Stella, A Fully Automatic Liver Segmentation System Using Fast Marching Methods. Corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2008/09] Lombardi Gabriele, The Tensor Voting Framework: Extensions and Applications. Corso di Dottorato in Matematica e Statistica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2009/10] Rozza Alessandro, Classifiers based on a New Approach to Estimate the Fisher Subspace and Their Applications. Corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2013/14] Ceruti Claudio, Novel Techniques for Intrinsic Dimension Estimation. Corso di Dottorato in Matematica e Statistica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2022/23] Cappelletti Luca, GRAPE for Fast and Scalable Graph Processing and Random Walk-based Embedding. Corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

[A.A. 2023/24] Gliozzo Jessica, Patient Similarity Networks-based methods for multimodal data integration and clinical outcome prediction. Corso di Dottorato in Informatica, Collaborative Doctoral Partnership (CDP) Programme between Università degli Studi di Milano and Joint Research Centre (JRC) - European Commission.

[Tesi in corso] Ekaterina Eisenkova. Metabolic phenotyping of a heart failure cohort through data-fusion and graph-based analysis techniques. Studente del corso di Dottorato in “Translational Biomedicine”, Mainz Research School of Translational Biomedicine, University Medical Center, Johannes Gutenberg University Mainz, Germany.

[Tesi in corso] Luca Lalli. Supervised and Unsupervised Pattern Recognition Analysis of Immunological Parameters in Clinical Setting. Studente del corso di Dottorato in “Translational Bioinformatics”, Open University.

[Tesi in corso] Ali Pashaeibarough. Studente del corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

Da Settembre 2024 a Giugno 2025 ospiterà in AnacletoLab la Dott.ssa Ann-Christine König, ricercatrice dell'unità “Metabolomics and Proteomics Core (MPC)”, del centro di ricerca Helmholtz Zentrum München, Germany. Lo scopo della visita è collaborare con EC nello sviluppo di un modello matematico per l'integrazione di dati di metabolomica e proteomica.

5.3 Supervisione come Relatore di Tesi di Laurea

[A.A. 2010/11] Morandi Alessandro, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Sviluppo Di Un Sistema Per La Gestione Di Un Segnale Holter Pressorio In Pazienti Ipertesi.

[A.A. 2010/11] Menchicchi Marco, C.d.l. in Informatica. Sviluppo e Sperimentazione Di Sistemi Ecoc Per La Classificazione Multiclasse.

[A.A. 2011/12] Ceroni Stefano, C.d.l. in Informatica. Tecniche Di Clustering Basate Sulla Dimensionalità Intrinseca.

[A.A. 2011/12] Monti Corrado Carlo, C.d.l. in Informatica. Sentiment Analysis Applicata A Microblogging In Lingua Italiana: Sviluppo E Valutazione Di Un Sistema Automatico.

[A.A. 2018/19] Khil Bassem, C.d.l. in Informatica. A Web App For Semi-Automatic Video Creation.

- [A.A. 2019/20] Minerva Gabriele Donato, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Imputazione Di Dati Mancanti In Ambito Medico: Uno Studio Su Dati Di Pazienti Covid-19.
- [A.A. 2019/20] Raimondi Davide, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Classificazione Del Rischio Di Pazienti Covid-19 Tramite Uno Score Radiologico Di Esperti E Uno Score Radiologico Ottenuto Tramite AI.
- [A.A. 2019/20] Converti Arianna, C.d.l. in Informatica. Sviluppo Di Un'Architettura Neurale Per La Diagnosi Di Covid-19.
- [A.A. 2019/20] Corrias Giulia, C.d.l. in Informatica. Segmentazione Automatica Di Immagini Biologiche.
- [A.A. 2019/20] Dell'Oca Stefano Maria, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Studio Dell'Effetto Di Metodi Di Data Augmentation Per La Classificazione Di Dati Medici.
- [A.A. 2019/20] Shchedro Anton, C.d.l. in Informatica. Development Of An Automatic Chest X-Ray Processing System.
- [A.A. 2020/21] Beliusse Samuele, C.d.l. in Informatica. Conversione Di Random Forest In Alberi Associativi.
- [A.A. 2020/21] Cavallari Marco, C.d.l. in Informatica. Modelli Di Previsione Del Rischio Di Mortalita' Per Pazienti Covid.
- [A.A. 2020/21] Conversano Vincenzo, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Sviluppo Di Un Sistema Multi-Modale Per La Diagnosi Di Covid-19.
- [A.A. 2020/21] Gnuva Mirco, C.d.l. in Informatica. Integrazione Di Dati Multimodali Tramite Fattorizzazione Di Matrici.
- [A.A. 2021/22] Grimi Riccardo, C.d.l. in Informatica. Deep Neural Network Multimodali Per La Predizione Di Regioni Regolatorie Nel Genoma Umano.
- [A.A. 2021/22] Beranti Alessandro, C.d.l. in Informatica. Analisi Di Dati Multi-Omici Per La Predizione Della Prognosi Di Pazienti Oncologici.
- [A.A. 2021/22] Cereda Andrea, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Progettazione E Realizzazione Di Dashboard Mediante Qlik Sense Per Un Network Di Agenzie Di Viaggio Italiane.
- [A.A. 2021/22] Guarino Valentina, Fisica. Unsupervised Multimodal Clustering Methods For Patients Subtypes Discovery.
- [A.A. 2021/22] Miotto Pietro, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Clustering Methods For Multi-Omics Data.
- [A.A. 2021/22] Pennati Andrea, C.d.l. in Informatica. Metodi Per L'Integrazione Di Dati Multi-Omici.
- [A.A. 2021/22] Scaccabarozzi Daniele, C.d.l. in Informatica. Evaluation Of Deep Learning Methods For Breast Cancer Classification.
- [A.A. 2022/23] Gheli Beatrice, C.d.l. in Informatica. Integrazione Di Dati Clinici E Omici Per Predizioni In Ambito Medico.
- [A.A. 2022/23] Gheorghiu Veronica, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Sviluppo Di Un Applicativo Web Per La Gestione Di Informazioni Dal Mondo Dell'Editoria Digitale.
- [A.A. 2022/23] Trabace Luca, C.d.l. in Informatica per la Comunicazione Digitale. Sperimentazione Di Metodi Per L'Apprendimento Supervisionato In Ambito Clinico
- [A.A. 2023/24] Emanuele Saitto, C.d.l. Magistrale in Science Biologiche. Tesi in corso

5.4 Supervisione come Co-Relatore di Tesi di Laurea

- [A.A. 2002/03] Staffiere Anna, C.d.l. in Informatica Magistrale, Metodi di Segmentazione per l'Individuazione dei Polmoni in Radiografie Digitali.
- [A.A. 2002/03] Rovelli Alessandra, C.d.l. in Informatica, Sviluppo di un Sistema Automatico per l'Analisi di Radiografie Toraciche Digitali al Fine di Rilevare Eventuali Masse Tumorali Nodulari.

[A.A. 2003/04] Columbano Simon Pietro Andrea, C.d.l. in Informatica, Analisi di Immagini Toraciche e Relativa Segmentazione.

[A.A. 2005/06] Rizzi Simone, C.d.l. in Informatica, Applicazione delle Tecniche di taglio dei grafi alla Segmentazione di immagini 2D e 3D.

[A.A. 2006/07] Principe Daniele, C.d.l. in Informatica, Segmentazione Di Polmoni In Immagini Di Radiografie Toraciche Postero Anteriori.

[A.A. 2007/08] Pastori Davide, C.d.l. in Tecnologie dell'Informazione e della Comunicazione. Studio E Implementazione Di Metodi Per La Segmentazione Automatica Di Immagini Mediche Tridimensionali.

[A.A. 2009/10] Bergamo Alessandro, C.d.l. in Informatica. Exploiting Weakly-Labeled Internet Images To Improve Visual Object Recognition: A Domain Adaptation Approach.

[A.A. 2009/10] Fumagalli Ivo. C.d.l. in Informatica. Sviluppo Di Un Metodo Automatico Per L'Identificazione Di 'Spot Proteici' Corrispondenti In Immagini Ottenute Da Elettroforesi Bidimensionale.

[A.A. 2019/20] Toska Desilda, C.d.l. in Informatica. Deep Learning Methods For Remote-Control Of Dough Rising.

[A.A. 2019/20] Balletti Simone, C.d.l. in Informatica. Un Modello Computazionale Della Retina Umana E Di Alcune Delle Sue Funzionalità.

[A.A. 2020/21] Cestola Samuel, C.d.l. in Informatica. Induzione Di Regole Per La Classificazione In Ambito Oncologico.

[A.A. 2020/21] Taverni Stefano, C.d.l. in Informatica. Graph Embedding Algorithms.

[A.A. 2021/22] Luperto Laura, C.d.l. in Informatica. Metodi Ensemble Per L'Analisi Di Dati Omici.

[A.A. 2022/23] Nicolini Marco, C.d.l. in Informatica. Language Models For The Generation Of Functionally Characterized Biomolecules.

5.5 Seminari

28 Febbraio 2024: invited speaker al meeting del DIASyM Consortium (University Medical Center of the Johannes Gutenberg-University Mainz). Presenta il suo lavoro intitolato: "PSN-based inference and multi-omics data integration method".

10 Marzo 2022: invited speaker al Dipartimento di Ingegneria, Università Campus Bio-Medico di Roma. Presenta il suo lavoro intitolato: "PNet: patients' outcome prediction by a network medicine approach".

16 Maggio 2022: invited speaker al Dipartimento di Ingegneria, Università Campus Bio-Medico di Roma. Presenta il suo lavoro intitolato: "Explain covid-19 Risk: towards explainability in the clinical practice".

22 Novembre 2022: invited speaker al meeting annuale dell'Istituto Nazionale dei Tumori (INT). Presenta il suo lavoro di ricerca intitolato: "Multi-omics data integration methods".

21 Settembre 2021: invited speaker alla Scuola di dottorato: VISMACH (Machine Vision)" (Palermo), organizzata dal Centro Interdipartimentale Tecnologie della Conoscenza" (CITC, Università degli Studi di Palermo).

22 Novembre 2021: invited speaker al meeting annuale del Dipartimento di Neurologia (Policlinico di Milano Ospedale Maggiore | Fondazione IRCCS Ca' Granda) per presentare il suo lavoro di ricerca nel contesto dell'Explainable AI.

28-29 Aprile 2008: invited speaker al Workshop: Shape and Size in Medicine, Biotechnology and Materials Science", organizzato dal Dipartimento di Matematica, Università degli Studi di Milano. Ha presentato la sua ricerca intitolata "Computer aided diagnosis systems in medical imaging.

9 Marzo 2007: invited speaker al Workshop: "Biomedical Imaging Systems for diagnosis" (Palermo), organizzato dal Centro Interdipartimentale Tecnologie della Conoscenza" (CITC, Università degli Studi di Palermo), Scuola di Specializzazione in Anatomia Patologica" (Università degli Studi di Palermo) e dal Dipartimento di Biotecnologie e Medicina Legale (Università degli Studi di Palermo). Ha presentato la sua ricerca dal titolo "Computerized liver segmentation method from Computed Tomography (CT) images".

16 Febbraio 2005: invited speaker al Workshop: "Digital Image Processing in medicine and biology" (Palermo), organizzato dal Centro Interdipartimentale Tecnologie della Conoscenza" (CITC, Università degli Studi di Palermo), Scuola di Specializzazione in Anatomia Patologica" (Università degli Studi di Palermo) e dal Dipartimento di Biotecnologie e Medicina Legale (Università degli Studi di Palermo). Ha presentato la sua ricerca intitolata "Computerized lung nodule detection from Postero-Anterior chest radiographs".

6 Attività Organizzativa

A partire da A.A. 2017/18 è membro del Collegio Docenti del Dottorato di Ricerca in Informatica presso il Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano.

A partire da A.A. 2019/20 è membro della Commissione Erasmus presso il Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano.

A partire da Gennaio 2024 è referente AQ per la laurea magistrale in Informatica presso il Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano.

6.1 Membro di commissioni di valutazione per corsi di dottorato

Il 9 Giugno 2022 è membro della commissione di *valutazione finale (PhD defense)* per il corso di Dottorato in Tecnologie biomediche innovative in medicina clinica, Università la Sapienza di Roma (Roma).

Il 19 Febbraio 2024 è membro della commissione di *valutazione finale (PhD defense)* per il corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca (Milano).

Il 12 Luglio 2023 è membro della commissione interna di *valutazione intermedia (II Sessione)* per i dottorandi al XXXVII ciclo del Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano.

Il 6 Marzo 2024 è membro esterno della commissione di *valutazione intermedia (first year evaluation progress)* per i dottorandi al primo anno del ciclo di Dottorato in Translational Biomedicine, Mainz Research School of Translational Biomedicine, University Medical center, Mainz, Università degli Studi di Milano.

[Settembre 2024] Membro della commissione di *valutazione comparativa* per la selezione di studenti per il corso di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano (Milano).

6.2 Membro commissioni di valutazione comparativa per assegni di ricerca, incarichi di collaborazione, posizioni presso enti pubblici

Membro delle seguenti commissioni di valutazione comparativa per la selezione di ricercatori a tempo determinato finanziati tramite Assegni di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni Degli Antoni”, nell’ambito del programma di ricerca del progetto PNRR “Metodi di Machine Learning per l’analisi di grafi con applicazioni in Medicina e Farmacologia – Spoke 7 – Biocomputing - PI Spoke: Prof. Giorgio Valentini e Prof. Giulio Pavesi - National Center for Gene Therapy and Drugs based on RNA Technology, codice CUP G43C22001320007 - Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza (PNRR)”:

- decreto rettorale n. 4875 del 03/11/2022 conferimento di un assegno di ricerca della durata di 24 mesi. Titolo della ricerca Responsabile dell’assegno: Prof. Mesiti Marco.
- decreto rettorale n. 2984 del 07/06/2023 conferimento di un assegno di ricerca della durata di 12 mesi. Responsabile dell’assegno: Prof. Mesiti Marco.
- decreto rettorale n. 6326 del 13/12/2023 conferimento di un assegno di ricerca della durata di 21 mesi (eventualmente rinnovabile). Titolo della ricerca: “Large Language Model per la progettazione di biomolecole funzionalmente caratterizzate”. Responsabile dell’assegno: Prof. Valentini Giorgio.

[avviso pubblico ID 1/2024 - Rep. n. 2140/2024 del 27/02/2024] Membro della commissione per la valutazione comparativa ai fini della selezione di due candidati per n. due incarichi di collaborazione nell’ambito del progetto “Towards fully automatic search of cryptographic trails” - acronimo U-Gov CTE_INT21AVISC_01 e CTE_INT22AVISC_01.

[Decreto n. 82 del 19/10/2023] *Presidente* della commissione giudicatrice relativa all’avviso pubblico del 29/09/2023 per l’assunzione di una unità di personale con rapporto di lavoro a tempo pieno e indeterminato, con profilo professionale di Project Office Junior presso la Fondazione Regionale per la Ricerca Biomedica (FRRB - Lombardia).

6.3 Selezioni studenti Erasmus

[Marzo 2022, Marzo 2023, Marzo 2024]: membro delle *commissioni di valutazione e selezione* degli studenti Erasmus (outgoing) per gli A.A. 2022/23, 2023/24, 2024/25.

7 Fondi ottenuti da Cooperazione con industrie e Bandi Statali

- **08 Dicembre 2006 - 31 Dicembre 2007:** lavora in cooperazione con VIDIEEME CONSULTING S.r.l. per lo sviluppo sperimentale di una applicazione per l’identificazione di tumori polmonari ai primi stadi da radiografie polmonari postero-anteriori. Lo sviluppo si incentra sulla implementazione per applicazione industriale del prototipo di modello sviluppato durante la tesi di Dottorato di EC e pubblicato su riviste scientifiche. VIDIEEME CONSULTING S.r.l. finanzia il progetto tramite un contratto di ricerca commissionata.
- **09 Aprile 2009 - 08 Aprile 2010:** è supervisore di un progetto di ricerca commissionata svolto in cooperazione tra i ricercatori del laboratorio ex-LAIV (Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano) e la società BioDigitalValley S.r.l.. Il progetto dura un anno ed è articolato in due fasi (concernenti, rispettivamente, sviluppo e sperimentazione), ognuna delle quali è regolata da un contratto di ricerca. Lo scopo è lo sviluppo di tecniche innovative per l’elaborazione di immagini biomediche. I risultati ottenuti sono descritti in due pubblicazioni [87, 103]. I fondi per il progetto sono oggetto di un contratto con BioDigitalValley S.r.l..
- **28 Ottobre 2009 - 31 Dicembre 2012:** è supervisore di un progetto di ricerca commissionata svolto dai ricercatori del laboratorio ex-LAIV (Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”, Università degli Studi di Milano) per la società Luxottica S.r.l.. Lo scopo del contratto di ricerca è lo sviluppo di un metodo di controllo industriale che ottimizzi la produzione di occhiali riducendo gli scarti.

- **01 Dicembre 2011 - 31 Novembre 2012:** ottiene i fondi del “Bando Dote Ricerca Applicata” ed è il referente scientifico per il contratto di un anno con la società MOX Consulting S.r.l.. Durante tale anno supervisiona lo sviluppo di un metodo di controllo industriale che effettua l’analisi di conformità di bombolette spray.
- **Anni 2016 - 2017 - 2018:** ottiene i fondi del “Bando sostegno alla Ricerca - Linea A - Giovani ricercatori”. I progetti hanno titolo:
 - 2016: Development of an automatic system for blood and lymph vessels localization and quantification from microscopic images of carotid artery sections
 - 2017: Development of an automatic system for localization and quantification of biological structures of interest from immunohistochemical images
 - 2018: Nuclei segmentation from histological images

L’attività di ricerca dei sopracitati progetti è stata portata a termine durante collaborazioni con enti di ricerca nazionali e internazionali. Essi sono: il Consorzio M.I.A. (Università degli Studi di Milano-Bicocca, <http://www.consorziomia.org/>), il Reparto di Chirurgia Vascolare (Ospedale di Circolo e Fondazione Macchi di Varese), la Unità di Oncologia Sperimentale e Medicina Molecolare (Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori, Milano), la Unità di Immunoterapia dei Tumori Umani (Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori, Milano), la Unità di Oncologia Medica (Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori, Milano), la Unità di chirurgia del Sarcoma e Melanoma (Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori, Milano), Skin Cancer Unit (German Cancer Research Center di Heidelberg, Germania), Department of Dermatology, Venereology and Allergology (University Medical Center Mannheim, Ruprecht-Karl University of Heidelberg, Germania). Tutte le ricerche sino ad oggi condotte con tali unità di ricerca hanno portato a pubblicazioni su riviste scientifiche che operano sia nel campo della bio-medicina che nel campo della bio-informatica.

- **2019:** è parte del gruppo di ricerca che vince i fondi del Bando sostegno alla ricerca (linea B) con il progetto dal titolo: “Graph-based Modelling and Optimisation”.
- **2020:** è parte del gruppo di ricerca che vince i fondi del Bando sostegno alla ricerca (linea B) con il progetto dal titolo: “Human aspects for video, images, and graphics in multimedia systems”.
- **2021:** è parte del gruppo di ricerca che vince i fondi del Bando sostegno alla ricerca (linea B) con il progetto dal titolo: “Percezione, interazione e comunicazione nell’ambito della visualizzazione scientifica”.
- **2020-2023:** è parte del gruppo di ricerca che vince i fondi del Bando SEED dal titolo: “Modellizzazione matematica e analisi SCientifica per i beni CULTurali: previsione e prevenzione del degrado chimico e meccanico di pietre monumentali in ambienti outdoor”.
- **2022-2023:** è PI del gruppo di ricerca che vince i fondi del Bando sostegno alla ricerca (linea B) con il progetto dal titolo: “AI-driven data analysis and integration for bio-medical applications”.
- **Settembre 2023-Luglio 2024:** PI del gruppo di ricerca che vince che vince 22500 ore di calcolo e 1TB di storage al bando Indaco organizzato dalla Università degli Studi di Milano. Il progetto ha titolo: “MULTI-ONET: MULTI-modal Data IntegratiON for Explainable and Translational results” .

8 Partecipazione ai lavori di Progetti Europei, Bandi AIRC, Progetti con enti europei

- **2000 - 2001:** Come componente del FINNET Team, partecipa ai lavori di ricerca del progetto Europeo EURESCOM (Project ID P925-PF) intitolato: “Internet Middleware (for Custom Service Bundling)”.
- **2015 - 2017, 2017 - 2019 :** Come collaboratore di ricerca del Consorzio M.I.A., partecipa ai lavori di ricerca del progetto AIRC (Project ID 12162) intitolato: “Innovative Tools for Cancer Risk Assessment and early Diagnosis”.

- **2016 - 2019:** Come collaboratore di ricerca del Consorzio M.I.A., partecipa ai lavori di ricerca del progetto Europeo PRECIOUS (Union's Horizon 2020 research and innovation programme, grant agreement No 686089): "Scaling-Up Biodegradable Nanomedicines for Multimodal Precision Cancer ImmunoTherapy".
- **Settembre 2019 - Settembre 2024:** Come collaboratore di ricerca del Dipartimento di Chirurgia dei Sarcomi (Istituto Tumori di Milano) partecipa ai lavori di ricerca del trial clinico europeo (ClinicalTrials.gov Identifier: NCT01710176): "Localized High-Risk Soft Tissue Sarcomas of the Extremities and Trunk Wall in Adults: an Integrating Approach Comprising Standard vs Histotype-Tailored Neoadjuvant Chemotherapy (ISG-STs 10-01)". Il progetto vede coinvolti: Gruppo italiano dei sarcomi, grupo español de investigación de sarcomas, Groupe sarcomes français.
- **Luglio 2023 - Gennaio 2024:** PI del gruppo di ricerca che vince che vince 22000 ore di calcolo e 1TB di storage al bando-europeo di tipo B organizzato dal centro di ricerca CINECA. Il progetto ha titolo: "MULTI-ONE: MULTI-modal Data IntegratiON: dEvelopment and validation".
- **Settembre 2023 - Luglio 2024:** Coordinatore di unità (local-PI) per il Dipartimento di Informatica Giovanni degli Antoni, Università degli Studi di Milano nel progetto Europeo che vince i fondi *Seed4EU*+ per il progetto dal titolo: "Applications of deep-learning in life sciences". Nel contesto del progetto viene organizzato un corso di laurea dal titolo "DeepLife: deep-learning in life sciences" erogato in modalità ibrida e distribuito tra cinque enti europei: (I) il Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni" (Università degli Studi di Milano), (II) Institute of Pharmacy and Molecular Biotechnology (Heidelberg University), (III) Faculty of Mathematics and Physics (Prague University), (IV) Faculty of Mathematics, Informatics and Mechanics (Warsaw University), (V) Computational and Quantitative Biology Unit (Sorbonne University).
- **Gennaio 2024 - Agosto 2025:** E' parte del gruppo di ricerca che vince i fondi del bando a cascata del progetto PNRR - FAIR. Il progetto presentato ha titolo "Adaptive AI methods for Digital Health"; in tale progetto il suo scopo è lo sviluppo e sperimentazione di modelli di integrazione di dati multi-omici e di esposizione
- **2023 - 2027:** è inserita come ricercatrice di supporto alla unità di Immunoterapia dei tumori umani (IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori) nel progetto che vince i fondi AIRC: "Persisting myeloid dysfunctions after curative surgery: effect on cancer recurrence and impact of dietary intervention" (Project ID IG 2022). Il suo contributo nel progetto riguarda la guida dei biotecnologi della unità nello sviluppo di modelli per la integrazione di dati longitudinali, tramite metodi basati su grafi e/o modelli statistici.

9 Attività come Guest editor e Revisore

E' parte dell' comitato editoriale (editorial board) delle seguenti riviste internazionali:

- Journal of Imaging (ISSN 2313-433X).
- Frontiers in Digital Health (ISSN 2673-253X).
- BMC Bioinformatics. (ISSN: 1471-2105)

E' inoltre "guest editor" delle seguenti Collezioni/Sezioni speciali:

- sessione speciale dal titolo: "Simulation, Imaging and Modelling for Biomedical Systems", che è parte del giornale "Computers" (ISSN 2073-431X).
- sessione speciale dal titolo: "Bio-Medical Multimodal Methods for Diagnosis, Prognosis, and Outcome Prediction", che è parte del giornale "Journal of Imaging" (ISSN 2313-433X)
- Collezione: "Computational Intelligence and Bioinformatics (CIB)", edita dal gruppo mdpi.

E' revisore dei principali giornali scientifici internazionali nell'ambito di machine learning, artificial intelligence, pattern recognition, digital image and signal analysis, bioinformatics, computational health and informatics. Esempi sono i seguenti giornali di rilevanza internazionale: Applied Sciences, Artificial Intelligence in Medicine, Biomedical Signal Processing and Control, BMC Bioinformatics, Briefings in Bioinformatics, Computers, Computers in Biology and Medicine, Computer Methods and Programs in Biomedicine, Frontiers journals, Informatics, International Journal of Image Processing, IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, IEEE Transactions on Biomedical Engineering, IEEE Transactions on Medical Imaging, IEEE Transactions on Pattern Recognition, Journal of Biomedical Informatics, Journal of Clinical Medicine, Journal of Imaging, Journal of Healthcare Engineering, Journal of Medical Informatics, Lancet Digital Health, Image Analysis & Stereology, Machine Learning and Knowledge Extraction, Nature Journals, Neurocomputing, Pattern Recognition, Pattern Recognition Letters, SPIE Digital Library, Scientific Reports

E' revisore delle seguenti conferenze scientifiche di rilevanza internazionale: coferenze IEEE, CIBB, CBMS, ICIAP, ICPR, IAPR, ICTAI, ACVIS, AIA, MLIS, MLIS, NEURIPS.

10 Organizzazione di Conferenze Internazionali

- Membro di Comitato tecnico di:

2020: 25th International Conference on Pattern Recognition (ICPR2020);

2019: International Conference on Machine Learning and Intelligent Systems (MLIS 2019);

2019: 7th International Symposium on End-User Development (IS-EUD 2019).

- E' tra gli organizzatori/chair del workshop internazionale: "EUD4HWID: Tools and Sociotechnical Frameworks", che è parte del simposio internazionale: "7th International Symposium on End-User Development (IS-EUD 2019)".
- E' tra gli organizzatori/chair della hackaton in Heidelberg: "DeepLife: deep learning in bioinformatics", che raccoglie 75 tra gli studenti che hanno partecipato al corso organizzato nell'ambito del progetto DeepLife (Seed4EU+).

11 Collaborazioni con enti di ricerca nazionali e internazionali

Referente scientifico di AnacletoLab, Laboratorio di Biologia Computazionale e Bioinformatica del Dipartimento di Informatica "Giovanni degli Antoni", Università degli Studi di Milano (Milano), <http://anacletolab.di.unimi.it/>. Il laboratorio raccoglie 6 docenti, 2 ricercatori RTDA, 3 assegnisti, 2 dottorandi e collabora con diversi gruppi di ricerca nazionali ed internazionali nell'ambito della Bioinformatica, Biologia Computazionale, Biologia Molecolare e Medicina, tra cui:

- "Imaging and Radiology" sub-group, COV-IRT International team, di cui è group-leader.
- "Feature Selection and Missing Data" sub-group, N3C Enclave, di cui è group leader.
- Division of Environmental Genomics and Systems Biology, Lawrence Berkeley National Laboratory, Berkeley, CA, USA, (di cui è affiliate researcher).
- Jackson Laboratory for Genomic Medicine, CT, USA.
- KEPKO Group, Computer Science Department, Aalto University, Helsinki, Finland, dove è stata visiting professor/researcher e sta collaborando con un dottorando e un ricercatore post-Doc sull'integrazione e l'analisi di dati e grafi nel contesto di: (I) predizione di sinergie tra farmaci; (II) predizione di reazioni.
- Monarch Initiative Consortium, un consorzio internazionale per la costruzione di standard e tecnologie per l'armonizzazione e integrazione di semantic data (<https://monarchinitiative.org/resources>).

- Computational Biology Group, Universitaatmedizin, Humboldt Universitat Berlin, Germany.
- Computational Genome Biology, Berlin Institute of Health, Germany.
- Skin Cancer Unit, German Cancer Research Center, DKFZ, Heidelberg, Germany.
- Department of Dermatology, Venereology and Allergology, University Medical Center Mannheim, Ruprecht-Karl University of Heidelberg, Germany.
- Institute of Pharmacy and Molecular Biotechnology, Heidelberg University, Germany.
- University Medical Center, Johannes Gutenberg University Mainz, Germany.
- Metabolomics and Proteomics Core (MPC), Helmholtz Munich, Germany
- Computer Science dept. della Royal Holloway, University of London, UK
- FGV EMap, Escola de Matemática Aplicada Edifício Luiz Simões Lopes, Rio de Janeiro RJ, Brazil
- Gruppo Italiano dei Sarcomi.
- Grupo Español de Investigación de Sarcomas.
- Groupe Sarcomes Français.
- Dipartimento di Medicina e Chirurgia dell'Università di Milano-Bicocca (Milano).
- EPIGET-Epidemiology, Epigenetics and Toxicology Lab, Università degli Studi di Milano (Milano).
- Reparto di Radiologia e Reparto di Medicina di Urgenza, Fondazione IRCCS Ospedale Policlinico e Regina Margherita (Milano).
- Reparto di Radiologia, Ospedale Humanitas (Milano).
- Unità di Oncologia Sperimentale e Medicina Molecolare, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori (Milano).
- Unità di Immunoterapia dei Tumori Umani, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori (Milano).
- Unità di Oncologia Medica, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori (Milano).
- Unità di chirurgia del Sarcoma e Melanoma, Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori (Milano).
- Dipartimento di Neurologia, IRCCS Ospedale San Raffaele (Milano)
- Reparto di Chirurgia Vascolare Ospedale di Circolo e Fondazione Macchi (Varese).
- Department of Information Engineering, Università degli Studi di Brescia (Brescia).

12 Attività di Ricerca presso VTT - centro di ricerca tecnologica finlandese

Assunta come training researcher in VTT (Valtion Teknillinen Tutkimuskeskus - Information Technology Department) ho lavorato in cooperazione con aziende internazionali allo sviluppo di modelli matematici per l'implementazione di: (I) interazione tra avatar e oggetti 3D in un mondo virtuale (nel contesto del un progetto "Internet Middleware for Customized Service Bundling"); (II) filtraggio di segnali bio-medicali (Progetti soggetti a un contratto di "undisclosure agreement" della durata di 30 anni).

13 Attività di Ricerca presso il Dipartimento di Informatica “Giovanni degli Antoni”

La mia attività di ricerca presso il Dipartimento di Informatica si articola in due ambiti principali, ovvero (I) elaborazione delle immagini bio-mediche (sottosezione 13.1) e (II) analisi e integrazione di dati complessi nel campo della medicina e bioinformatica (sottosezione 13.2). Entrambi questi campi di indagine hanno come fattore comune lo studio e sviluppo di algoritmi per l'apprendimento supervisionato e non supervisionato di dati complessi.

Lo scopo delle mie ricerche è, in sostanza, l'introduzione pratica e costante della ricerca computazionale nel campo bio-medico al fine di proporre una metodologia di ricerca in cui la scienza computazionale e quella biomedica siano costantemente intrecciate. A tal fine mi sono sempre proposta e continuo a perseguire l'avanzamento della scienza computazionale nel campo dell'analisi, armonizzazione, generazione, integrazione, spiegazione e interpretazione di dati bio-medici complessi per guadagnare un'affidabilità e accuratezza di analisi e predizione necessarie a poter effettivamente contribuire all'investigazione di campi complessi come quelli delle malattie oncologiche e rare, in cui metodi efficaci di diagnosi, prognosi e trattamento personalizzato sono ancora in fase di ricerca. I metodi computazionali ad oggi proposti sono stati pubblicati su riviste ad alto impatto nell'ambito della ricerca informatica, e.g. [3, 6, 7, 9, 11, 14, 15, 16, 17, 23, 24], ma hanno anche permesso di instaurare collaborazioni proficue con diversi ospedali e centri di ricerca biomedica nazionali [4, 10, 13, 25, 28, 33, 35, 31, 40, 48, 55, 59, 79] e internazionali [5, 12, 18, 20, 21, 22, 26, 30, 34], come testimoniato dalla interdisciplinarietà delle pubblicazioni di cui sono autrice.

13.1 Analisi di immagini bio-mediche

Dopo una prima fase di indagine nel campo della elaborazione di immagini di volti [96, 105, 107, 108] ho studiato e sviluppato sistemi di diagnosi computerizzata assistita (CAD) [64, 65, 97, 98, 99, 100, 101, 106, 112] per l'identificazione automatica di noduli polmonari ai primi stadi da radiografie postero-anteriori di polmoni. Il modello sviluppato, oggi definito come un modello di “radiomica”, combinava tecniche efficienti ed efficaci per estrarre in modo automatico un insieme di regioni candidate a contenere noduli, computava su ogni regione un insieme di caratteristiche descrittive (e.g., localizzazione/dimensione nel tessuto, texture, morfologia) e infine applicava metodi di apprendimento (support vector machines i cui parametri sono ottimizzati su un training set) per estrarre potenziali noduli da sottoporre all'attenzione di radiologi esperti. I risultati promettenti ottenuti dal sistema non solo sono stati confermati dagli esperti dell'Ospedale Niguarda Ca' Granda e dell'Ospedale Policlinico e Regina Margherita (Fondazione IRCCS) di Milano, ma hanno permesso di: (I) vincere il premio speciale della camera di commercio di Milano a Obiettivo ICT; (II) vendere un prototipo del sistema a VIDIEMME Consulting S.r.l..

Altri esempi di modello che utilizzavano una combinazione semplice ma vincente di tecniche classiche per l'elaborazione delle immagini, il riconoscimento di pattern e l'apprendimento supervisionato sono stati quelli per la segmentazione e quantificazione del volume del fegato e degli altri organi addominali da immagini di tomografia assiale computerizzata (TAC). I sistemi sviluppati [60, 62, 63, 90, 92, 93, 94, 95] hanno dimostrato un'accuratezza di segmentazione che ha garantito per diversi anni il loro utilizzo pratico in ambito clinico diagnostico per diverse tipologie di valutazioni oltre alla valutazione della volumetria del fegato (e.g. valutazione dell'ingrossamento di tutti gli organi addominali in pazienti sottoposti a radio e chemio terapia) [33, 48, 54, 59].

Ulteriori ricerche su immagini bio-mediche, specificatamente richieste da esperti, hanno riguardato la ricostruzione del volume 3D del cervello di feti da immagini di risonanza magnetica [86] (sistema richiesto e utilizzato da esperti dell'Ospedale San Paolo di Milano) e lo sviluppo di un sistema automatico per la segmentazione e quantificazione di immagini prodotte con tecniche di fluorescenza e imaging molecolare [87] (sistema richiesto e poi utilizzato dai ricercatori del Dipartimento di Scienze Farmacologiche e Biomolecolari, Università degli Studi di Milano, per la valutazione dell'effetto di farmaci sperimentali).

A partire dal 2017 collaboro con esperti dell'Università degli Studi di Milano-Bicocca (Fondazione IRCCS San Gerardo dei Tintori, Monza), dell'Ospedale San Raffaele (Milano), dell'Ospedale di Circolo e Fondazione Macchi di Varese (ASST Sette Laghi) e dell'Istituto Nazionale dei Tumori nell'ambito dell'analisi automatica e comparazione di immagini microscopiche di fette contigue di tessuti. Il sistema originariamente sviluppato [115, 116] (MIA_Quant) per allineare (registrare) fette contigue di tessuto di placche carotidee, estrarne in modo automatico le diverse bio-marcatore e compararne la presenza nelle diverse fette, ha dimostrato una utilità e precisione tali che ne venisse richiesta una estensione al fine di elaborare immagini immunoistochimiche raffiguranti sezioni di tessuto appartenenti a diverse strutture corporee. Il nuovo sistema (MIA_Quant_Learn) integra tecniche di

elaborazione delle immagini, apprendimento supervisionato e non-supervisionato al fine di estrarre, quantificare e analizzare la conta dei nuclei, nonché la coesistenza di marcatori caratterizzati da qualsiasi colore e presenti in sezioni contigue estratte da qualsiasi tipo di tessuto corporeo [46, 51, 52, 111]. Il sistema, sperimentato su immagini di laboratorio acquisite per trial clinici e in progetti europei [50], ha dimostrato una maggiore robustezza e affidabilità rispetto a metodi allo stato dell'arte ed è pertanto ancora oggi ampiamente utilizzato in campo oncologico per quantificare le immagini dei tessuti cancerosi prodotte da diverse unità oncologiche, tra cui quelle della Fondazione IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori di Milano, e della Fondazione IRCCS San Gerardo dei Tintori. Il suo utilizzo permette di produrre distribuzioni quantitative e spaziali dei marcatori che EC utilizza come descrittori per sviluppare classificatori per la predizione accurata e interpretabile della prognosi di pazienti oncologici [4].

Grazie alle conoscenze acquisite dell'ambito dell'elaborazione di immagini medicali dal 2020 sono stata invitata a essere membro del gruppo di ricerca cov-irt (<https://www.cov-irt.org/>), creato da ricercatori statunitensi per combattere la pandemia COVID-19, in qualità di *group-leader* del sottogruppo di lavoro Radiology & Imaging. In tale contesto ho coinvolto anche esperti clinici sia della Fondazione IRCCS Ospedale Policlinico e Regina Margherita che dell'Ospedale Humanitas, con cui ho collaborato allo sviluppo di metodi di apprendimento automatico spiegabili e interpretabili per la previsione del rischio per pazienti contagiati dal COVID [31, 35, 39, 38]. La proficua collaborazione instaurata durante la pandemia è ad oggi attiva e documentata da varie pubblicazioni scientifiche [8, 10, 13, 25, 28, 33, 29].

13.2 Analisi di dati complessi nel campo della bioinformatica/medicina

La mia attività di ricerca nell'ambito della bioinformatica e biomedicina in collaborazione con istituzioni di ricerca biocomputazionali e biomedicali nazionali e internazionali mi hanno portata a investigare i seguenti punti critici: (1) disponibilità di dati complessi con una frequenza, spesso rilevante, di dati mancanti (sottosezione 13.2.1); (2) disponibilità di dati organizzati in classi con cardinalità sbilanciata, affetti sia da rumore dovuto al sistema di acquisizione che da una notevole sparsità, dovuta a una elevata dimensionalità del dato contrapposta a una sua limitata cardinalità (small-sample-size problem, sottosezione 13.2.2); (3) necessità di integrare dati multi-modalità che permettano di descrivere gli stessi pazienti tramite punti di vista semanticamente diversi, ottenendo predizioni interpretabili e spiegabili, ovvero predizioni affidabili e traslazionali in campo bio-medico (13.3); (4) necessità di analizzare le informazioni specifiche di ogni campione (i.e. paziente) considerando anche conoscenze mediche ottenute da grosse moli di dati provenienti da database biomedici e/o dalla letteratura.

13.2.1 Ricerche volte alla opportuna e affidabile imputazione/gestione dei dati mancanti

I dati bio-medici acquisiti nella pratica biomedica sono spesso affetti da valori mancanti. Tale mancanza può riguardare singoli valori mancanti in alcune caratteristiche e/o, nel caso di dataset multimodali, intere viste mancanti per alcuni campioni. La soluzione spesso usata è quella di rimuovere i campioni con dati mancanti, soluzione poco efficace, soprattutto nel caso di dataset medici caratterizzati da limitata cardinalità. Nel caso di singoli valori mancanti, mi sono concentrata sia sullo sviluppo e studio di modelli per l'imputazione di dati complessi [41], in collaborazione con ricercatori del Politecnico di Milano, sia sulla sperimentazione e confronto robusto di modelli statistici applicati alla predizione induttiva [39] e causale [17]. L'efficacia dei modelli proposti ha permesso la loro applicazione nella pratica clinica in contesti internazionali [4, 5, 18, 26]. Il caso di viste interamente mancanti in dati multimodali è oggetto di una tesi di Dottorato di cui sono stata correlatrice [67]; i problemi dovuti alla carenza di dati (per una o più viste) per una percentuale anche elevata di pazienti sono stati risolti tramite un modello matematico che riesce a ignorare, eventualmente imputando, le informazioni provenienti dalle viste mancanti sfruttando tecniche di diffusione applicate a reti di similarità tra pazienti, un concetto innovativo che traduce le teorie della Network Medicine [23, 42] nell'ambito delle predizioni inferenziali e trasduttive su insiemi di pazienti, permettendo tra l'altro di ottenere predizioni inerentemente spiegabili e interpretabili.

13.2.2 Analisi di dati complessi affetti da e small-sample-size e sbilanciamento tra classi

Ho condotto ricerche teoriche al fine di sviluppare algoritmi di apprendimento e classificazione che siano efficaci su dati sbilanciati, ad elevata dimensionalità e limitata cardinalità, la cui sparsità impedisce la computazione di

stime e predizioni affidabili. I metodi proposti sfruttano proiezioni non-lineari sullo spazio di Fisher [58, 61, 84, 85, 88, 109, 117] e hanno dimostrato la loro efficacia in esperimenti sia su dati sintetici che segnali bio-medici. Tali indagini mi hanno condotto verso la investigazione nel campo della inferenza e caratterizzazione delle varietà (manifold) da cui si assume che un insieme di punti sia uniformemente campionato. In tale ambito, oltre a indagini sulla inferenza di tali varietà utilizzando modelli di diffusione basati sulla strategia di “tensor voting” [89, 91, 110], mi sono concentrata sui problemi dovuti alla elevata sparsità di dati affetti da small-sample-size. La letteratura propone una pletora di tecniche per la riduzione della dimensionalità del dato, ma non risolve ad oggi un problema cruciale, ovvero la stima della dimensionalità ottimale dello spazio di proiezione. Altrimenti detto, il problema è quello di determinare il numero minimo di variabili che permettono di caratterizzare i dati riducendone la dimensionalità senza alcuna perdita di informazione. Questo valore è legato alla dimensionalità intrinseca (*id*) del manifold da cui si assume che i punti in un insieme di dati siano uniformemente campionati. Concentrandosi sul fatto che la assunzione di campionamento uniforme non è praticamente mai valida per insiemi di dati reali, ho condotto ricerche teoriche [53, 57, 80, 81, 82, 83, 102] che mi hanno portata a proporre un modello matematico, DANCo [56] - ad oggi considerato uno dei metodi allo stato dell’arte, per la stima affidabile della *id* di dataset reali. Recentemente ho proposto di utilizzare una analisi a blocchi, generalmente applicata in ambito statistico per la stima affidabile di parametri su dati reali, sia per migliorare ulteriormente la stima della *id* fornita da uno stimatore, sia per identificare se e quanto un insieme di dati reali sia affetto dai problemi dovuti a small-sample-size (ovvero rumore e sparsità) [2, 66]. Tali informazioni permettono una riduzione ad-hoc di ogni tipologia di dato e possono quindi essere utilizzate per ridurre in modo differente ogni vista di un dataset multimodale.

13.3 Integrazione di dati multimodali complessi tramite tecniche basate su Network Medicine e Graph Representation Learning per fornire predizioni personalizzate interpretabili e spiegabili

La necessità di integrazione di tipologie diverse di dati [2, 19, 18, 23] è ormai prevalente in ogni campo della letteratura bioinformatica; i dati considerati riguardano dati di laboratorio, clinici, demografici e multi-omici, particolarmente affetti da tutti i problemi oggetto delle sottosezioni 13.2.1 e 13.2.2, che dati derivati da quantificazioni su immagini bio-mediche macro e microscopiche (sottosezione 13.1) e sensori wearable di pazienti.

Un primo esempio di modello per la predizione personalizzata e interpretabile che integra dati multimodali acquisiti principalmente da dispositivi wearable riguarda lo sviluppo di un modello di interazione tra *digital twin* di atleti. Il concetto di digital twin, introdotto nella letteratura industriale e della manifattura, è definito come gemello virtuale di una entità o processo reale (e.g. un macchinario o un processo di produzione, un organo o un paziente), a cui è legato e che simula perfettamente sfruttando l’analisi descrittiva e predittiva dei dati acquisiti sia dal gemello fisico che dall’ambiente circostante. L’analisi predittiva interpretabile e spiegabile permette al digital twin di predire gli stati futuri del suo gemello fisico e di attivare quindi meccanismi di riparazione in caso la predizione riguardi malfunzionamenti. Dopo una attenta analisi dello stato dell’arte [47], ho adattato l’idea di digital twin al comportamento umano, coniando l’idea di *human digital twin* e sviluppando quindi un algoritmo per la creazione di un *team di digital twins* di atleti, il cui obiettivo è l’ottimizzazione della condizione fisica [43] valutata sulla base delle abitudini e esposizioni sia del singolo atleta che del loro confronto. Ogni predizione effettuata da un digital twin sul proprio atleta viene interpretata tramite algoritmi di ottimizzazione che sfruttano una rete di similarità inter e intra-atleta per computare spiegazioni contrafattuali, che in pratica descrivono la minima modifica di comportamento che permetterebbe all’atleta di migliorare il suo stato. Questa ricerca “personalizzata” ha evidenziato la possibilità di affrontare con successo problemi complessi che riguardino predizioni spiegabili su individui sfruttando reti di similarità in un contesto di spiegabilità e interpretabilità.

Le ricerche condotte hanno mostrato come una rappresentazione che usa reti di similarità tra pazienti può permettere di ottenere risultati allo stato dell’arte nella predizione [42] e integrazione [2] di dati complessi. Gli articoli pubblicati e la presentazione in seminari delle mie ricerche nell’ambito della integrazione dei dati tramite modelli di diffusione tra reti di similarità tra pazienti, hanno suscitato l’interesse di enti ricerca esteri (in particolare presso KEPAKO group, Aalto University, Helsinki, Finland - University Medical Center, Johannes Gutenberg University Mainz, Germany - Metabolomics and Proteomics Core (MPC), Helmholtz Munich, Germany) con cui oggi collaboro su quattro problemi distinti: (Ia) KEPAKO: problemi di integrazione di dati tramite deep neural networks per rappresentare combinazioni di farmaci e predirne la sinergia rispetto a linee cellulari; (Ib) KEPAKO: problemi di integrazione di dati riguardanti molecole e proteine per la predizione di reazioni; (II)

Mainz University: integrazione di dati di proteomica, metabolomica e lipidomica per l'identificazione di sottotipi di pazienti con patologie cardiovascolari; (III) MPC, Helmholtz Munich: sviluppo di una pipeline per l'integrazione e analisi inferenziale di dati di metabolomica e proteomica. Queste ricerche sono agli stadi preliminari e stanno ora portando alla stesura delle prime pubblicazioni.

L'analisi di grafi è in ogni caso una ricerca costante in AnacletoLab (di cui sono referente scientifico), attenzione ulteriormente suscitata dalla necessità di integrare i dati specifici di pazienti con le ampie conoscenze mediche ad oggi rese disponibili in letteratura e/o in dataset biomedici allo stato dell'arte. Queste tipologie di informazioni possono essere analizzate solo se previamente uniformate/standardizzate, rappresentate e integrate in grafi di conoscenza ("knowledge graphs", KG); ciò richiede lo sviluppo di sistemi (semi-)automatici che sfruttano le tecnologie alla base del semantic web per armonizzare, standardizzare, integrare moli massive di dati seguendo gli schemi relazionali definiti da ontologie. In tale ambito, e nel contesto di un progetto finanziato dal PNRR (CN3 - Centro Nazionale dei Farmaci) di cui alcuni membri di AnacletoLab sono parte, ho recentemente collaborato con laboratori di ricerca internazionali [37, 16, 7] (tutti prevalentemente parte del consorzio Monarch <https://monarchinitiative.org/resources>) per la creazione di Rna-KG, un KG che rappresenta tutta la conoscenza biomedica nel campo delle molecole RNA [3, 68, 69]. Una volta costruito, un KG può essere interrogato e analizzato tramite tecniche di "graph representation learning" per estrarre nuove conoscenze. In tale ambito, oltre allo sviluppo (I) di una libreria per l'analisi efficiente di grafi con dimensioni massive [14] che è ad oggi lo stato dell'arte nell'analisi di grafi di grosse dimensioni e di (II) metodi per l'analisi di grafi eterogenei [9, 27], ho collaborato a diverse ricerche per l'analisi di KG al fine di inferire nuove conoscenze bio-mediche (e.g., per il riposizionamento dei farmaci [30, 22]).

Sto recentemente impostando una nuova linea di ricerca in un ambito ancora inesplorato in letteratura che riguarda l'integrazione interpretabile e spiegabile tra le informazioni riguardanti pazienti specifici descritti tramite dati multimodali e le informazioni statiche e più generali estratte da KG biomedici. Tale linea di ricerca è ancora inesplorata. Un primo esempio è il sistema che ho realizzato in collaborazione con Oregon State University (USA), University of Colorado Anschutz Medical Campus (USA), National Institute of Environmental Health Sciences (USA) [6]. Il sistema permette di inferire fattori chiave che legano particolari diete alimentari a malattie riproduttive femminili tramite l'integrazione dell'esposoma specifico di pazienti di sesso femminile (riguardanti l'esposoma del paziente - e.g. agenti chimici, ambientali, e nutrizionali a cui il paziente è esposto) con la vasta conoscenza bio-medica disponibile in letteratura e riguardante diversi fattori tra cui, e.g., malattie, fenotipi, effetti dannosi di esposizioni chimiche, farmacologiche, nutrizionali.

Il recente avvento di "Large Language Models" (LLMs) ha infine suscitato la curiosità di investigare i così detti "genome language models". A tal fine sto conducendo un primo studio del comportamento di un modello LLM condizionale per la generazione di proteine; l'obiettivo è comprendere se il "fine tuning" del modello su classi specifiche di proteine mai viste può permettere di produrre nuove e plausibili proteine [65]. Contemporaneamente sto conducendo analisi preliminari sulla spiegabilità delle predizioni di modelli LLMs, quando addestrati su predizioni mediche.

14 Premi

25 Ottobre 2016: il Riassunto/Poster presentato al SICVE (intitolato: "Analisi semi automatica nella valutazione della neo-vascolarizzazione della placca carotidea.") ha vinto il premio per essere stato giudicato il miglior lavoro presentato alla conferenza.

26 Ottobre 2007: partecipa al premio "Start Cup Milano Lombardia", presentando il suo progetto di ricerca, insieme alla Prof.ssa Paola Campadelli. Il progetto ha vinto il Premio Speciale della CCIAA (Camera di Commercio) Milano.

30 Novembre 2006: partecipa al premio "Obiettivo ICT", presentando il suo progetto di idee commerciali, insieme alla Prof.ssa Paola Campadelli. Il progetto è stato selezionato come uno dei migliori 10 progetti.

15 Pubblicazioni

Pubblicazioni su Riviste Scientifiche

- [1] Daveri E, Vergani B, Lalli L, Ferrero G, Casiraghi E et al. (2024). Cancer-associated foam cells hamper protective T cell immunity and favor tumor progression in human colon carcinogenesis. Submitted to Journal for ImmunoTherapy of Cancer
- [2] Gliozzo J, Guarino V, Bonometti A, Cabri A, Cavalleri E, Gomez MS, Reese J, Robinson PN, Mesiti M, Valentini G, Casiraghi E (2024). Intrinsic-Dimension analysis for guiding dimensionality reduction and data-fusion in multi-omics data processing. Submitted to AIIM. <https://doi.org/10.1101/2024.01.23.576822>
- [3] Cavalleri E, Cabri A, Gomez MS, Bonfitto S, Perlasca P, Gliozzo J, Callahan TJ, Reese J, Robinson PN, Casiraghi E, Valentini G, Mesiti M (2024). An ontology-based knowledge graph for representing interactions involving RNA molecules. Under minor Revision in Scientific Data, Nature Publishing
- [4] Pasquali et al. (2024). Spatial distribution of tumour immune infiltrate predicts outcomes of patients with high-risk soft tissue sarcomas after neoadjuvant chemotherapy. To appear in EBiomedicine
- [5] Robinson P, Coleman B, Blau H, Casiraghi E, et al. (2024). Association of Post-COVID Phenotypic Manifestations with New-Onset Psychiatric Disease: Findings from the NIH N3C and RECOVER Studies. To appear in Translational Psychiatry, Nature Publishing.
- [6] Chan L, Casiraghi E, Reese J, et al (2024). Predicting nutrition and environmental factors associated with female reproductive disorders using a knowledge graph and random forests. International Journal of Medical Informatics, 187(105461). <https://doi.org/10.1016/j.ijmedinf.2024.105461>
- [7] Callahan, TJ, Tripodi, IJ, Stefanski, AL, Cappelletti L, Taneja SB, Wyrwa JM, Casiraghi E, et al. (2024). An open source knowledge graph ecosystem for the life sciences. Scientific Data, 11(363), Nature Publishing. <https://doi.org/10.1038/s41597-024-03171-w>
- [8] Giannitto C, Carnicelli G, Lusi S, Ammirabile A, Casiraghi E, et al. (2024). The Use of Artificial Intelligence in Head and Neck Cancers: A Multidisciplinary Survey. Journal of Personalized Medicine. 14(4):341. <https://doi.org/10.3390/jpm14040341>
- [9] Cappelletti L, Rekerle L, Fontana T, Hansen P, Casiraghi E, et al. (2024). Node-degree aware edge sampling mitigates inflated classification performance in biomedical random walk-based graph representation learning, Bioinformatics Advances, 4(1): vbae036, <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbae036>
- [10] Biondetti P, Ierardi AM, Casiraghi E, et al. (2023). Clinical Impact of a Protocol Involving Cone-Beam CT (CBCT), Fusion Imaging and Ablation Volume Prediction in Percutaneous Image-Guided Microwave Ablation in Patients with Hepatocellular Carcinoma Unsuitable for Standard Ultrasound (US) Guidance. Journal of Clinical Medicine. 12(24):7598. <https://dx.doi.org/10.3390/jcm12247598>
- [11] Valentini G, Malchiodi D, Gliozzo J, Mesiti M, Soto-Gomez M, Cabri A, Reese J, Casiraghi E, Robinson PN (2023). The promises of large language models for protein design and modeling. Frontiers in Bioinformatics, 3:1304099. <https://doi.org/10.3389/fbinf.2023.1304099>
- [12] Antony B, Blau H, Casiraghi E, et al. (2023). Predictive models of long COVID. EBioMedicine. 1:96. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2023.104777>
- [13] Carnicelli G, Disconzi L, Cerasuolo M, Casiraghi E, et al. (2023). Image-Guided Intraoperative Assessment of Surgical Margins in Oral Cavity Squamous Cell Cancer: A Diagnostic Test Accuracy Review. Diagnostics, 13(11):1846. <https://doi.org/10.3390/diagnostics13111846>
- [14] Cappelletti L, Fontana T, Casiraghi E, et al. (2023). GRAPE for fast and scalable graph processing and random-walk-based embedding. Nature Computational Science 3, 552–568 (2023). <https://doi.org/10.1038/s43588-023-00465-8>

- [15] Karlebach G, Carmody L, Sundaramurthi JC, Casiraghi E, Hansen P, Reese J, Mungall CJ, Valentini G, Robinson PN (2023). An expectation–maximization framework for comprehensive prediction of isoform-specific functions. *Bioinformatics*, 39(4):btad132. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btad132>
- [16] Callahan TJ, Stefanski AL, Wyrwa JM, Zeng C, Ostropolets A, Banda JB, Baumgartner WA, Boyce RD, Casiraghi E, et al. (2023). Ontologizing health systems data at scale: making translational discovery a reality. *NPJ Digital Medicine*, 6(1):89. <https://doi.org/10.1038/s41746-023-00830-x>
- [17] Casiraghi E, Wong R, Hall M, et al. (2023). A method for comparing multiple imputation techniques: a case study on the US National COVID Cohort Collaborative. *Journal of Biomedical Informatics*, 139: 104295. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2023.104295>
- [18] Reese JT, Blau H, Casiraghi E, et al. (2023). Generalisable long COVID subtypes: Findings from the NIH N3C and RECOVER programmes. *EBioMedicine*. 2023 Jan 1;87.
- [19] Cappelletti L, Petrini A, Gliozzo J, Casiraghi E, Schubach M, Kircher M, Valentini G (2022). Boosting tissue-specific prediction of active cis-regulatory regions through deep learning and Bayesian optimization techniques. *BMC Bioinformatics*, 23(Suppl 2):154. <https://doi.org/10.1186/s12859-022-04582-5>
- [20] Chan LE, Casiraghi E, Laraway B, et al. (2022) Metformin is Associated with Reduced COVID-19 Severity in Patients with Prediabetes. *Diabetes Research and Clinical Practice*, 194. <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2022.110157>
- [21] Wong R, Vaddavalli R, Hall M, Patel MV, Bramante C, Casiraghi E, et al. (2022). Effect of SARS-CoV-2 Infection and Infection Severity on Longer-Term Glycemic Control and Weight in People With Type 2 Diabetes. *Diabetes care*, 45(11): 2709–2717. <https://doi.org/10.2337/dc22-0730>
- [22] Reese JT, Coleman B, Chan L, et al. (2022). NSAID use and clinical outcomes in COVID-19 patients: A 38-center retrospective cohort study. *Virology Journal*, 2022 May 15;19(1):84. <https://doi.org/10.1186/s12985-022-01813-2>
- [23] Gliozzo J, Mesiti M, Notaro M, Petrini A, Patak A, Puertas-Gallardo A, Paccanaro A, Valentini G, Casiraghi E (2022). Heterogeneous data integration methods for patient similarity networks. *Briefings in Bioinformatics*, 23(4): bbac207. <https://doi.org/10.1093/bib/bbac207>
- [24] Paolillo G, Petrini A, Casiraghi E, De Iorio MG, Biffani S, Pagnacco G, Minozzi G, Valentini G (2022). Automated image analysis to assess hygienic behaviour of honeybees. *PLoS ONE*, 17(e0263183). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0263183>
- [25] Giannitto C, Esposito AA, Spriano G, De Virgilio A, Avola E, Beltramini G, Carrafiello G, Casiraghi E, et al. (2022). An approach to evaluate the quality of radiological reports in Head and Neck cancer loco-regional staging: experience of two Academic Hospitals. *Radiologia Medica*, 127(4):407-413. <https://doi.org/10.1007/s11547-022-01464-x>
- [26] Coleman B, Casiraghi E, Blau H, Chan L, Haendel M, Laraway B, Callahan TJ, Deer RR, Wilkins K, Reese J, Robinson PN. (2022). Risk of new-onset psychiatric sequelae of COVID-19 in the early and late post-acute phase. *World Psychiatry*, 21(2):319-320. <https://doi.org/10.1002/wps.20992>
- [27] Valentini G, Casiraghi E, Cappelletti L, Ravanmehr V, Fontana T, Reese J, Robinson P (2021). Het-node2vec: second order random walk sampling for heterogeneous multigraphs embedding. *arXiv preprint arXiv:2101.01425*
- [28] Giannitto C, Mercante G, Disconzi L, Boroni R, Casiraghi E, Canzano F, Cerasuolo M, Gaino F, De Virgilio A, Fiamengo B, Ferrel F (2021). Frozen section analysis and real-time magnetic resonance imaging of surgical specimen oriented on 3D printed tongue model to assess surgical margins in oral tongue carcinoma: preliminary results. *Frontiers in Oncology*, 5049. <https://doi.org/10.3389/fonc.2021.735002>

- [29] A Scarabelli, M Zilocchi, E Casiraghi, P Fasani, G Plensich, AA Esposito, E Stellato, A Petrini, JT Reese, PN Robinson, G Valentini, G Carrafiello (2021). Abdominal Computed Tomography Imaging Findings in hospitalized COVID-19 patients: a year-long experience and associations revealed by explainable artificial Intelligence. *J. Imaging*, 7(12): 258; <https://doi.org/10.3390/jimaging7120258>
- [30] Ravanmehr V, Blau H, Cappelletti L, Fontana T, Carmody L, Coleman B, George J, Reese J, M Joachimiak, Bocci G, Hansen P, Bult C, Rueter J, Casiraghi E, Valentini G, Mungall C, Oprea TI, Robinson PN (2021). Supervised learning with word embeddings derived from PubMed captures latent knowledge about protein kinases and cancer. *NAR Genomics and Bioinformatics*, 3(4):lqab113, <https://doi.org/10.1093/nargab/lqab113>
- [31] Esposito AA, Casiraghi E, Chiaraviglio F, et al. (2021). Artificial intelligence in predicting clinical outcome in COVID-19 patients from clinical, biochemical and a qualitative chest X-ray scoring system. *Reports in Medical Imaging*, 14:27-39. <https://doi.org/10.2147/RMI.S292314>
- [32] Notaro M, Frasca M, Petrini A, Gliozzo J, Casiraghi E, Robinson PN, Valentini G (2021). HEMDAG: a family of modular and scalable hierarchical ensemble methods to improve Gene Ontology term prediction. *Bioinformatics*, 37(23): btab485. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab485>
- [33] Esposito AA, Zannoni S, Castoldi L, Giannitto C, Avola E, Casiraghi E, Catalano O, Carrafiello G. (2021). Pseudo-pneumatosis of the gastrointestinal tract: its incidence and the accuracy of a checklist supported by artificial intelligence (AI) techniques to reduce the misinterpretation of pneumatosis. *Emergency Radiology*. <https://doi.org/10.1007/s10140-021-01932-3>
- [34] Haendel MA et al. (2021). The National COVID Cohort Collaborative (N3C): Rationale, design, infrastructure, and deployment. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 28(3), 427-4431.
- [35] Castoldi L, Solbiati M, Costantino G, Casiraghi E. (2021). Variations in volume of emergency surgeries and emergency department access at a third level hospital in Milan, Lombardy, during the COVID-19 outbreak. *BMC Emergency Medicine*, 21(1):1-9. <https://doi.org/10.1186/s12873-021-00445-z>
- [36] Plutino A, Barricelli BR, Casiraghi E, Rizzi A. (2021). Scoping review on automatic color equalization algorithm. *Journal of Electronic Imaging*, 30(2), 020901. <https://doi.org/10.1117/1.JEI.30.2.020901>
- [37] Bonfitto S, Casiraghi E, Mesiti M. (2021). Table understanding approaches for extracting knowledge from heterogeneous tables. *WIREs Data Mining Knowledge Discovery*, 11:e1407. <https://doi.org/10.1002/widm.1407>
- [38] Chatzitofis A, Cancian P, Gkitsas PV, Carlucci A, Stalidis P, Albanis G, Karakottas A, Semertzidis T, Daras P, Giannitto C, Casiraghi E, et al. (2021). Volume-of-Interest Aware Deep Neural Networks for Rapid Chest CT-Based COVID-19 Patient Risk Assessment. *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 18(6):2842. <https://doi.org/10.3390/ijerph18062842>
- [39] Casiraghi E, Malchiodi D, Trucco G, et al. (2020). Explainable machine learning for early assessment of COVID-19 risk prediction in emergency departments. *IEEE Access*, 8. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3034032>
- [40] Giannitto C, Mrakic Spota F, Repici A, Vatteroni G, Casiraghi E, Casari E, Ferraroli GM, Fugazza A, Sandri MT, Chiti A, Luca B. (2020). Chest CT in patients with a moderate or high pretest probability of COVID-19 and negative swab. *La Radiol Medica*. <https://doi.org/10.1007/s11547-020-01269-w>
- [41] Cappelletti L, Fontana T, Di Donato GW, Di Tucci L, Casiraghi E, Valentini G (2020). Complex Data Imputation by Auto-Encoders and Convolutional Neural Networks—A Case Study on Genome Gap-Filling. *Computers*, 9(37). <https://doi.org/10.3390/computers9020037>
- [42] Gliozzo J, Perlasca P, Mesiti M, Casiraghi E, Vallacchi V, Vergani E, Frasca M, Grossi G, Petrini A, Re M, Paccanaro A, Valentini G (2020). Network modeling of patients' biomolecular profiles for clinical phenotype/outcome prediction. *Scientific Reports*, Nature Publishing, 10(3612). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-60235-8>

- [43] Barricelli BR, Casiraghi E, Gliozzo J, Petrini A, Valtolina S. (2020). Human Digital Twin for Fitness Management. *IEEE Access*, 8: 26637-26664. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.2971576>
- [44] Barricelli BR, Casiraghi E, Dattolo A, Rizzi A. (2020). 15 Years of Stanca Act: Are Italian Public Universities Websites Accessible?, *Universal Access in the Information Society*. <https://doi.org/10.1007/s10209-020-00711-0>
- [45] Barricelli BR, Casiraghi E, Lecca M, Plutino A, Rizzi A. (2020). A cockpit of multiple measures for assessing film restoration quality. *Pattern Recognition Letters*, Special Issue on Pattern Recognition for Cultural Heritage. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2020.01.009>
- [46] Barricelli BR, Casiraghi E, Gliozzo J, Huber V, Leone BE, Rizzi A, Vergani B. (2019). ki67 nuclei detection and ki67-index estimation: a novel automatic approach based on human vision modeling. *BMC BioInformatics*, 20(733). <https://doi.org/10.1186/s12859-019-3285-4>
- [47] Barricelli BR, Casiraghi E, Fogli D. (2019). Digital Twin Application, Definition, and Formalization: A Survey. *IEEE Access*, 7: 167653-167671. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2019.2953499>
- [48] Esposito A, Buscarino V, Raciti D, Casiraghi E, Manini M, Biondetti P, Forzenigo L. (2019). Characterization of liver nodules in patients with chronic liver disease by MRI: Performance of the liver imaging reporting and data system (LI-RADS v.2018) scale and its comparison with the likert scale. *Radiologia Medica*, 125. <https://doi.org/10.1007/s11547-019-01092-y>
- [49] Perlasca P, Frasca M, Ba CT, Notaro M, Petrini A, Casiraghi E, Grossi G, Gliozzo J, Valentini G, Mesiti M. (2019). UNIPred-Web: a Web Tool for the Integration and Visualization of Biomolecular Networks for Protein Function Prediction. *BMC Bioinformatics*, 20:422. <https://doi.org/10.1186/s12859-019-2959-2>
- [50] Huber V, Vallacchi V, Fleming V, Hu X, Cova A, Dugo M, Shahaj E, Sulsenti R, Vergani E, Filipazzi P, De Laurentiis A, Lalli L, Di Guardo L, Patuzzo R, Vergani B, Casiraghi E, et al. (2018). Tumor-derived microRNAs induce myeloid suppressor cells and predict immunotherapy resistance in melanoma. *Journal of Clinical Investigation*, 128(12):5505-5516. <https://doi.org/10.1172/JCI98060>
- [51] Casiraghi E, Huber V, Frasca M, Cossa M, Tozzi M, Rivoltini L, Leone BE, Villa A, Vergani B. (2018). A novel computational method for automatic segmentation, quantification and comparative analysis of immunohistochemically labeled tissue sections. *BMC BioInformatics*, 19(Suppl 10):357. <https://doi.org/10.1186/s12859-018-2302-3>
- [52] Casiraghi E, Cossa M, Huber V, Tozzi M, Rivoltini L, Villa A, Vergani B. (Nov. 2017). MIA-Quant, a novel system for automatic segmentation, measurement, and localization comparison of different biomarkers from serialized histological slices. *European Journal of Histochemistry*, 61(4):2838. <https://doi.org/10.4081/ejh.2017.2838>
- [53] Campadelli P, Casiraghi E, Ceruti C, Rozza A. (2015). Intrinsic Dimension Estimation: Relevant techniques and a Benchmark Framework. *Mathematical Problems in Engineering* (Hindawi Publishing Corporation), 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/759567>
- [54] Esposito A, Zilocchi M, Fasani P, Giannitto C, Maccagnoni S, Maniglio M, Campoleoni M, Brambilla R, Casiraghi E, Biondetti P. (2015). The value of precontrast thoraco-abdominopelvic CT in polytrauma patients. *European Journal of Radiology*. <https://doi.org/10.1016/j.ejrad.2015.02.015>
- [55] Giannitto C, Esposito A, Casiraghi E, Biondetti P. (2014). Epidemiological profile of non-traumatic emergencies of the neck in CT imaging: our experience. *La Radiologia Medica*. <https://doi.org/10.1007/s11547-014-0389-9>
- [56] Ceruti C, Bassis S, Rozza A, Lombardi G, Casiraghi E, Campadelli P (2014). DANCo: An intrinsic dimensionality estimator exploiting angle and norm concentration. *Pattern Recognition*, 47(8):2569-2581. <https://doi.org/10.1016/j.patcog.2014.02.013>

- [57] Rozza A, Lombardi G, Ceruti C, Casiraghi E, Campadelli P (2012). Novel high intrinsic dimensionality estimators. *Machine Learning*, 89(1):37-65. <https://doi.org/10.1007/s10994-012-5294-7>
- [58] Rozza A, Lombardi G, Casiraghi E, Campadelli P (2012). Novel fisher discriminant classifiers. *Pattern Recognition*, 45:3725-3737. <https://doi.org/10.1016/j.patcog.2012.03.021>
- [59] Bredolo F, Esposito A, Casiraghi E, Cornalba G, Biondetti P. (2011). Intestinal interposition: the prevalence and clinical relevance of non-hepatodiaphragmatic conditions (non-Chilaiditi forms) documented by CT and review of the literature. *La Radiologia Medica*, 116:607-619. <https://doi.org/10.1007/s11547-011-0665-x>
- [60] Campadelli P, Casiraghi E, Pratissoli S. (2010). A segmentation framework for abdominal organs from CT scans. *Artificial Intelligence in Medicine*, 50:3-11. <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2010.04.010>
- [61] Rozza A, Lombardi G, Rosa M, Casiraghi E. (2010). O-IPCAC and its application to EEG classification. *Journal of the Machine Learning Research*, 11:4-11
- [62] Campadelli P, Casiraghi E, Pratissoli S, Lombardi G. (2009). Automatic Abdominal Organ Segmentation from CT images. *ELCVIA. Electronic Letters on Computer Vision and Image Analysis*, 8:1-14
- [63] Campadelli P, Casiraghi E, Esposito A. (2008). Liver Segmentation from CT Scans : a Survey and a New Algorithm. *Artificial Intelligence in Medicine*, 45:185-196. <https://doi.org/10.1016/j.artmed.2008.07.020>
- [64] Campadelli P, Casiraghi E, Artioli D. (2006). A Fully Automated Method for Lung Nodule Detection From Postero-Anterior Chest Radiographs. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 25:1588-1603. <https://doi.org/10.1109/TMI.2006.884198>
- [65] Campadelli P, Casiraghi E, Valentini G (2005). Support vector machines for candidate nodules classification. *Neurocomputing*, 68:281-288. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2005.03.005>.

Pubblicazioni agli atti di Conferenze Internazionali

- [64] Maghool S, Casiraghi E, Ceravolo P. Enhancing Fairness and Accuracy in Machine Learning through Similarity Networks. *Proceedings of the International Conference on Cooperative Information Systems (CoopIS) 2023*. Editors: Mohamed Sellami, Maria-Esther Vidal, Boudewijn van Dongen, Walid Gaaloul, and Hervé Panetto.
- [65] Nicolini M, Malchiodi D, Cabri A, Cavalleri E, Mesiti M, Paccanaro A, Robinson PN, Reese J, Casiraghi E, Valentini G. Fine-Tuning of Conditional Transformers Improves the Generation of Functionally Characterized Proteins. *BIOSTEC (1) 2024*: 561-568 2023
- [66] Guarino V, Gliozzo J, Clarelli F, ..., Casiraghi E. Intrinsic-Dimension Analysis for Guiding Dimensionality Reduction in Multi-Omics Data. *Proceedings of the 16th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies - Volume 3: BISTEC*, 243-251, 2023, Lisbon, Portugal
- [67] Gliozzo J, Patak A, Gallardo AP, Casiraghi E, Valentini G. Patient Similarity Networks Integration for Partial Multimodal Datasets. *Proceedings of the 16th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies - Volume 3: BISTEC*, 228-234, 2023, Lisbon, Portugal.
- [68] Cavalleri E, Bonfitto S, Cabri A, Gliozzo J, Perlasca P, Gomez MS, Trucco G, Casiraghi E, Valentini G, Mesiti M. A Meta-Graph for the Construction of an RNA-Centered Knowledge Graph. *International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering (1) 2023*: 165-180
- [69] Cavalleri E, Bonfitto S, Cabri A, Gliozzo J, Perlasca P, Gomez MS, Trucco G, Casiraghi E, Valentini G, Mesiti M. Towards the Construction of an RNA-centered Knowledge Graph. *Symposium on Advanced Database Systems (SEBD) 2023*: 173-180
- [70] Cappelletti L, Taverni S, Fontana T, Joachimiak MP, Reese J, Robinson P, Casiraghi E, Valentini G. Degree-Normalization Improves Random-Walk-Based Embedding Accuracy in PPI Graphs. In *International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering 2023 Jun 29* (pp. 372-383). Cham: Springer Nature Switzerland.

- [71] Cavalleri E, Bonfitto S, Cabri A, Gliozzo J, Perlasca P, Gomez MS, Trucco G, Casiraghi E, Valentini G, Mesiti M. A Meta-Graph for the Construction of an RNA-Centered Knowledge Graph. In International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering 2023 Jun 29 (pp. 165-180). Cham: Springer Nature Switzerland.
- [72] Petrini A, Notaro M, Gliozzo J, Castrignanò T, Robinson P, Casiraghi E, Valentini G. ParSMURF-NG: A Machine Learning High Performance Computing System for the Analysis of Imbalanced Big Omics Data (2022). IFIP Advances in Information and Communication Technology, Volume 652 IFIP, 424 - 435
- [73] Giannitto G, Sposta FM, Repici A, Vatteroni G, Casiraghi E, Casari E, Ferraroli GM, Fugazza A, Sandri MT, Chiti A, Balzarini L, Diagnostic Performance of Chest CT in Suspected COVID-19 Patients with a Negative First RT-PCR Testing (4/29/2020). <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3592655>
- [74] Cappelletti L, Petrini A, Gliozzo J, Casiraghi E, Schubach M, Kircher M, and Valentini G (2020). "Bayesian optimization improves tissue-specific prediction of active regulatory regions with deep neural networks." In International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, pp. 600-612. Springer, Cham.
- [75] Ba CT, Casiraghi E, Frasca M, Gliozzo J, Grossi G, Mesiti M, Notaro M, Perlasca P, Petrini A, Re M, Valentini G (2020). A Graphical Tool for the Exploration and Visual Analysis of Biomolecular Networks. Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Lecture Notes in Artificial Intelligence, pp. 88-98.
- [76] Barricelli BRB, Casiraghi E, Valtolina S (2019) Virtual Assistants for End-User Development in the Internet of Things. In: Malizia A., Valtolina S., Morch A., Serrano A., Stratton A. (eds) End-User Development. IS-EUD 2019. Lecture Notes in Computer Science, vol 11553. Springer, Cham
- [77] Ceruti C, Campadelli P, Casiraghi E (2017). Linear Regularized Compression of Deep Convolutional Neural Networks (ICIAP 2017). LNCS 10484, pp. 244-253, ISBN=978-3-319-68559-5, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-68560-1_22, Springer International Publishing.
- [78] Campadelli P, Casiraghi E, Ceruti C (2015). Neighborhood Selection for Dimensionality Reduction. Proceedings of International Conference on Image Analysis and Processing (ICIAP 2015). LNCS 9279-81, pp. 183-191, ISBN=978-3-319-23230-0, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-23231-7_17, Springer International Publishing.
- [79] Vitellaro M, Signoroni S, Casiraghi E, Sala P, Ballardini G, Delconte G, and Bertario L (2015) Survival rate of patients who develop cancer in rectal stump after Colectomy and IRA in FAP patients. Selected for oral Presentation at the 6th Biennial Meeting of the International Society for Gastrointestinal Hereditary Tumours – (InSiGHT 2015), state de Sao Paulo, Brazil. Published in: Familial Cancer (2015) 14:S1–S91. <http://dx.doi.org/10.1007/s10689-015-9808-x>
- [80] Campadelli P, Casiraghi E, Ceruti C, Lombardi G, Rozza A (2013). Local Intrinsic Dimensionality Based Features for Clustering. Image Analysis and Processing – ICIAP 2013: 17th International Conference, Naples, Italy, September 9-13, 2013. LNCS 8156, Part I, , pp. 41-50, Springer Berlin Heidelberg, Berlin Heidelberg, ISBN: 978-3-642-41181-6, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-41181-6_5.
- [81] Bassis S, Rozza A, Ceruti C, Lombardi G, Casiraghi E, and Campadelli P (2012), A Novel Intrinsic Dimensionality Estimator based on Rank-order Statistics. International Workshop on Clustering High-Dimensional Data (CHDD12), Naples, Italy, May 15th, 2012. LNCS 7627, Francesco Masulli, Alfredo Petrosino, and Stefano Rovetta (Eds.), Springer-Verlag New York, Inc., New York, NY. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-662-48577-4_7
- [82] Rozza A, Lombardi G, Rosa M, Casiraghi E, Campadelli P (2011). IDEA: Intrinsic Dimension Estimation Algorithm. In: G. Maino, G. Foresti (Eds.). 16th International Conference on Image Analysis and Processing (ICIAP 2011): Proceedings (part I). Ravenna, Italy, September 14-16, 2011. vol. 6979, pp. 433-442, Springer New York, ISBN: 9783642240843, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-24085-0_45.

- [83] Lombardi G, Rozza A, Ceruti C, Casiraghi E, Campadelli P (2011). Minimum Neighbor Distance Estimators of Intrinsic Dimension. In: D. Gunopulos, T. Hofmann, D. Malerba, and M. Vazirgiannis (Eds.). Machine learning and knowledge discovery in databases: European conference (ECML PKDD 2011): Proceedings (part II). Athens, Greece, September 5-9, 2011. vol. 6912, pp. 374-389, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 978-960-89282-2-0, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-23783-6_24.
- [84] Rozza A, Lombardi G, Re M, Casiraghi E, Valentini G (2010). DDAG K-TIPCAC: an ensemble method for protein subcellular localization. In: O. Okun, Valentini G and Re M (Eds.). Supervised and Unsupervised Ensemble Methods and their Applications (ECML-SUEMA 2010): Proceedings. Barcelona, Spain, 2010.
- [85] Rozza A, Lombardi G, Casiraghi E (2010). PIPCAC: A Novel Binary Classifier Assuming Mixtures of Gaussian Functions. In: Artificial Intelligence and Applications 2010 (AIA 2010). Innsbruck, Austria, CALGARY: M.H. Hamza, ACTA Press, ISBN: 978-0-88986-817-5.
- [86] Campadelli P, Casiraghi E, Lombardi G, Serrao G (2009). 3D Volume Reconstruction and Biometric Analysis of Fetal Brain from MR Images. In: F. Masulli, R. Tagliaferri, and G.M. Verkhivker (Eds.). Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 5th International Meeting (CIBB 2008): Revised Selected Papers. Vietri sul Mare, Italy, October 3-4, 2008. vol. 5488, pp. 188-197, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 978-3-642-02503-7, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-02504-4_17.
- [87] Rando G, Arca S, Casiraghi E, Campadelli P, Maggi A (2009). Automatic Segmentation of Mouse Images. In: V. Capasso, G. Aletti, and A. Micheletti (Eds.). Stereology and Image Analysis. 10th European Conference of ISS (Ecs10): Proceedings. Milano, Italy, June 22-26, 2009. Esculapio Bologna, ISBN: 978-88-7488-310-3.
- [88] Rozza A, Lombardi G, Casiraghi E (2009). Novel IPCA-Based Classifiers and Their Application to Spam Filtering. In: Ninth International Conference on Intelligent Systems Design and Applications (ISDA 2009): Proceedings. Pisa, Italy, November 30-December 2. pp. 797-802, IEEE Computer Society, Los Alamitos CA (USA), ISBN: 978-1-4244-4735-0, <http://dx.doi.org/10.1109/ISDA.2009.21>.
- [89] Lombardi G, Casiraghi E, Campadelli P (2008). Curvature Estimation and Curve Inference with Tensor Voting: a New Approach. In: J. Blanc-Talon, S. Bourennane, W. Philips, D.C. Popescu, P. Scheunders (Eds.). Advanced Concepts for Intelligent Vision Systems, 10th International Conference (ACIVS 2008): Proceedings. Juan-les-Pins, France, October 20-24, 2008. vol. 5259, pp. 613-624, Springer Berlin, ISBN: 978-3-540-88457-6, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-88458-3_55.
- [90] Campadelli P, Casiraghi E, Pratissoli S (2008). Fully Automatic Segmentation of Abdominal Organs from CT Images using Fast Marching Methods. In: 21st IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS 2008): Proceedings. Jyväskylä, Finland, June 17-19, 2008. pp. 554-559, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA (USA), ISBN: 978-0-7695-3165-6, <http://dx.doi.org/10.1109/CBMS.2008.9>.
- [91] Campadelli P, Casiraghi E, Lombardi G (2008). The Neighbors Voting Algorithm. In: O. Okun, G. Valentini (Eds.). Second Workshop on Supervised and Unsupervised Ensemble Methods and Their Applications (SUEMA 2008): Proceedings. University of Patras, Patras, Greece, July 21-25, 2008. pp. 31-35, ISBN: 978-960-89282-2-0.
- [92] Campadelli P, Casiraghi E, Lombardi G (2007). Automatic Liver Segmentation from Abdominal CT Scans. In: Cucchiara R. (Eds.). International Conference on Image Analysis and Processing (ICIAP 2007): Proceedings. Modena, Italy, September 10-24, 2007. pp. 731-736, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA (USA), ISBN: 0769528775, <http://dx.doi.org/10.1109/ICIAP.2007.4362863>.
- [93] Campadelli P, Casiraghi E, Pratissoli S (2007). Automatic Segmentation of Abdominal Organs from CT Scans. In: 19th International Conference on Tools with Artificial Intelligence (ICTAI 2007): Proceedings. Patras, Greece, October 29-31, 2007. vol. 1, pp. 513-516, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA (USA), ISBN: 076953015X, <http://dx.doi.org/10.1109/ICTAI.2007.62>.
- [94] Campadelli P, Casiraghi E (2007). Liver Segmentation from CT Scans: A Survey. In: F. Masulli, S. Mitra, and G. Pasi (Eds.). Applications of fuzzy sets theory: 7th International Workshop on Fuzzy Logic and Applications

(WILF-CIBB 2007): Proceedings. Portofino, Italy, July 7-10, 2007. vol. 4578, pp. 520-528, Springer-Verlag Berlin-Hedelberg, ISBN: 978-3-540-73399-7, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-73400-0_66.

- [95] Casiraghi E, Lombardi G, Pratissoli S, Rizzi S (2007). 3D α -expansion and Graph Cut Algorithms for Automatic Liver Segmentation from CT Images. In: B. Apolloni, R.J. Howlett, L.C. Jain (Eds.). Knowledge-Based Intelligent Information and Engineering Systems, 11th International Conference, KES 2007, XVII Italian Workshop on Neural Networks: Proceedings (part I). Vietri sul Mare, Italy, September 12-14, 2007. vol. 4692, pp. 421-428, Springer-Verlag Berlin-Heidelberg, ISBN: 978-3-540-74817-5.
- [96] Arca S, Casiraghi E, Lombardi G (2005). CORNER LOCALIZATION IN CHESSBOARDS FOR CAMERA CALIBRATION. In: IADAT International Conference on Multimedia, Image Processing and Computer Vision (IADAT-micv 2005): Proceedings. Madrid, Spain, 2005, ISBN: 8493397156.
- [97] Campadelli P, Casiraghi E (2005). Lung Field Segmentation in Digital Postero-Anterior Chest Radiographs. In: S. Singh, M. Singh, and C. Apte (Eds.). International Conference on Advances in Pattern Recognition (ICAPR 2005): Proceedings. Bath (UK), August 22-25, 2005. vol. 3687, pp. 736-745, Springer-Verlag Berlin-Hedelberg, ISBN: 9783540288336, http://dx.doi.org/10.1007/11552499_81.
- [98] Campadelli P, Casiraghi E, Valentini G (2005). Lung Nodules Detection and Classification. In: IEEE International Conference on Image Processing (ICIP 2005): Proceedings. Genoa, Italy, September 14-19, 2005. vol. 1, pp. 1117-1120, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA (USA), ISBN: 0780391357, <http://dx.doi.org/10.1109/ICIP.2005.1529951>.
- [99] Campadelli P, Casiraghi E. (2004). A Nodule Detection System for Postero-Anterior Chest Radiographs. In: Thi Hoai Han, Pham Dihn Tao (Eds.). First International Conference on Modelling, Computation and Optimization in information systems and management sciences (MCO 2004): Proceedings. Metz, France, July 1-3 2004. Hermes Sciences Publishing, London, ISBN: 1903398215.
- [100] Campadelli P, Casiraghi E (2004). Nodule Detection in Postero Anterior Chest Radiographs. In: C. Barillot, D.R. Haynor, and P. Hellier (Eds.). 7th International conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI 2004): Proceedings. Saint-Malo, France, September 26-29, 2004. vol. 3217, pp. 1048-1049, Springer, ISBN: 9783540229773, http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-30136-3_132.
- [101] Campadelli P, Casiraghi E (2003). Lung Edge Detection in Postero Anterior Chest Radiographs. In: S. Vitulano (Eds.). Image: e-learning, understanding, information retrieval, medical (Image 2003): Proceedings. Cagliari, Italy, 2003. vol. 15, Series on Software Engineering and Knowledge Engineering, ISBN: 978-981-238-587-1.

Pubblicazioni agli atti di Conferenze Nazionali Conference Publications

- [102] Lombardi G, Rozza A, Casiraghi E, Campadelli P (2012). A Novel Approach for Geometric Clustering based on Tensor Voting Framework. In: B. Apolloni, S. Bassis, A. Esposito, F. Morabito (Eds.). Neural Nets WIRN11: Proceedings of the 21st Italian Workshop on Neural Nets. Vietri sul Mare, Salerno, Italy, June 3-5, 2011. vol. 234, pp. 129-138, IOS Press, 2012, ISBN: 978-1-60750-971-4.
- [103] Rozza A, Arca S, Casiraghi E, Campadelli P, Natale M, Bucci E, Consoli P (2012). Automatic Alignment of Gel 2D Images. In: B. Apolloni, S. Bassis, A. Esposito, F. Morabito (Eds.). Neural Nets WIRN11: Proceedings of the 21st Italian Workshop on Neural Nets. Vietri sul Mare, Salerno, Italy, June 3-5, 2011. vol. 234, pp. 3-10, IOS Press, 2012, ISBN: 978-1-60750-971-4.
- [104] Campadelli P, Casiraghi E (2005). Pruning the Nodule Candidate Set in Postero Anterior Chest Radiographs. In: B. Apolloni, M. Marinaro, R. Tagliaferri (Eds.). Biological and Artificial Intelligence Environments: 15th Italian Workshop on Neural Nets, (WIRN Vietri 2004). Vietri sul Mare, Italy, 2004. pp. 37-43, Springer Dordrecht Heidelberg London New York, ISBN: 9789048168637.

- [105] Arca S, Campadelli P, Casiraghi E, Lanzarotti R (2005). An Automatic Feature Based Face Authentication System. In: B. Apolloni B., Marinaro M., Nicosia G., and Tagliaferri R. (Eds.). Neural Nets: 16th Italian Workshop on Neural Nets (WIRN 2005) and International Workshop on Natural and Artificial Immune Systems (NAIS 2005): Revised Selected Papers. Vietri Sul Mare, Italy, June 8-11, 2005. vol. 3931, pp. 120-126, Springer Berlin, ISBN: 3540331832, 10.1007/11731177_18.
- [106] Campadelli P, Casiraghi E, Columbano S (2004). Lung Segmentation and Nodule Detection in Postero Anterior Chest Radiographs. In: B. Apolloni B., Marinaro M., Nicosia G., and Tagliaferri R. (Eds.). Proceedings of the second National Conference of Gruppo Italiano Ricercatori in Pattern Recognition (GIRPR 2004), Perugia, September 15-17.
- [107] Casiraghi E, Lanzarotti R, Lipori G (2003). A Face Detection System based on Color and Support Vector Machines. In: B. Apolloni, M. Marinaro M., R. Tagliaferri (Eds.). Neural Nets: 14th Italian Workshop on Neural Nets (WIRN Vietri 2003): Revised Papers. Vietri sul Mare, Italy, June, 2003. vol. 2859, pp. 113-120, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 3-540-20227-7.
- [108] Campadelli P, Casiraghi E, Lanzarotti R (2002). Detection of Facial Features. In: M. Marinaro, R. Tagliaferri (Eds.). Neural Nets: 13th Italian Workshop on Neural Nets (WIRN Vietri 2002): Revised Papers. Vietri sul mare, Italy, May/June 2002. vol. 2486, pp. 124-131, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 3-540-44265-0.

Capitoli su Saggi e Libri Scientifici

- [109] Rozza A, Lombardi G, Re M., Casiraghi E, Valentini G, Campadelli P (2011). A Novel Ensemble Technique for Protein Subcellular Location Prediction. In: O. Okun, Valentini G, and M. Re (Eds.). Ensembles in Machine Learning Applications. vol. 373/2011, pp. 151-167, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 978-3-642-22909-1, 10.1007/978-3-642-22910-7_9.
- [110] Lombardi G, Casiraghi E, Campadelli P (2010). The Neighbors Voting Algorithm and its Applications. In: O. Okun, G. Valentini. Applications of Supervised and Unsupervised Ensemble Methods. vol. 245/2009, pp. 151-173, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ISBN: 9783642039980, 10.1007/978-3-642-03999-7_9.

Poster Presentations

- [111] Casiraghi E, Vergani B, Barricelli BRB, Liberini S, Leone BE, Rizzi A (2019). Automatic quantification of histochemical images of cancerous tissue samples: a method based on a computational model of human color vision. Workshop on Interdisciplinary Aspects of Biomolecular Modelling, University of Milano, 26th June 2019.
- [112] Buscarino V, Esposito AA, Raciti D, Casiraghi E, Forzenigo LV, Manini M (2017). Characterization of liver nodules in patients with chronic liver disease by MRI: comparison between the LI-RADS v2014 and the Likert scale. European Congress of Radiology. 10.1594/ecr2017/C-2579
- [113] Gliozzo J, Perlasca P, Mesiti M, Notaro M, Petrini A, Casiraghi E, Frasca M, Grossi G, Re M, Paccanaro A, Valentini G (2018). Patients' networks for clinical phenotype/outcome prediction. Grand BIMS Opening Symposium – 11th Berlin (Late) Summer Meeting, 2018, Berlin, Germany.
- [114] Gliozzo J, Notaro M, Petrini A, Perlasca P, Mesiti M, Casiraghi E, Grossi G, Re M, Paccanaro A, Valentini G (2017). Modeling biomolecular profiles in a graph-structured sample space for clinical outcome prediction with melanoma and ovarian cancer patients. 14th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS 2017), July 5-7, 2017, Cagliari, Italy.
- [115] Casiraghi E, Vergani B, Villa A (2017). An automated method for biological marker segmentation, quantification, and colocalization, from histochemical and immunohistochemical images. 14th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society (BITS 2017), July 5-7, 2017, Cagliari, Italy.

- [116] Casiraghi E, Ferraro S, Franchin M, Villa A, Vergani B, Tozzi M (2016). Analisi semi automatica nella valutazione della neo-vascolarizzazione della placca carotidea. SICVE 2016, XV Annual Meeting of Società italiana di Chirurgia Vascolare ed Endovascolare, 22-25 Rome, Italy.
- [117] Rozza A, Lombardi G, Re M., Casiraghi E, Valentini G, Campadelli P (2011). A novel ensemble approach for the subcellular localization of proteins. In: BITS 2011: 8th annual meeting of the Bioinformatics Italian Society: June 20-22, 2011, Pisa, Italy: Proceedings. Pisa, 2011, p. 105-106, PISA:ETS, ISBN: 9788846730695.

Phd Thesis

Elena Casiraghi. A computer aided diagnosis system for lung nodules detection in postero anterior chest radiographs. Phd. Thesis, University of Milan, Computer Science Department, 2004.

Lingue

Italiano: linguaggio nativo,
Inglese: fluente,
Finnico: conoscenza di base.

data: 30 maggio 2024,

Luogo: Milano