

## ALLEGATO A

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di selezione per la chiamata a professore di II fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 18, commi 1 e 4, della Legge n. 240/2010 per il settore concorsuale 05/E2 - BIOLOGIA MOLECOLARE,  
(settore scientifico-disciplinare BIO/11 - BIOLOGIA MOLECOLARE)  
presso il Dipartimento di BIOSCIENZE, Codice concorso 4782

## Riccardo Lorenzo Rossi CURRICULUM VITAE

### INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	ROSSI
NOME	RICCARDO LORENZO
DATA DI NASCITA	23 – 03 – 1972
CITTADINANZA	ITALIANA
LINGUE	ITALIANO, INGLESE

### Affiliazione attuale

Bioinformatics Facility Manager  
Research Scientist  
Istituto Nazionale Genetica Molecolare (INGM)  
"Romeo ed Enrica Invernizzi"  
Via F. Sforza 35, 20122, Milano, Italia  
[rossi@ingm.org](mailto:rossi@ingm.org)  
<https://ingm.org/bioinformatica/>

### Formazione

Ottobre 2010

**Master in "Direzione e Strategia d'Impresa"** (Business Administration)

Business School IISole24Ore, IISole24Ore,  
Viale Monte Rosa, 91 20149 Milano

19 dicembre 2002

**Dottorato in Biotecnologie Industriali**, XV ciclo

Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze, Università di Milano Bicocca  
Piazza della Scienza, 2 20126 Milano

21 dicembre 1999

**Laurea in Scienze Biologiche**

Dipartimento di Fisiologia e Biochimica Generali, Università degli Studi di Milano  
Via Celoria, 26 20133 Milano

## Posizioni ed esperienza di ricerca

<b>2013 – a tutt’oggi.</b>	Mantenendo la qualifica di <b>Research Scientist</b> assume il ruolo di <b>Bioinformatics Facility Manager</b> presso l’Istituto Nazionale Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi", Milano, con il compito di coordinare le necessità di tipo bioinformatico di alcuni gruppi interni e dei collaboratori esterni all’Istituto.
<b>2008 - 2013</b>	Entra in forze come <b>Research Scientist</b> presso l’Istituto Nazionale di Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi", Milano. Lavora nel laboratorio del dott. M. Pagani e gestisce le piattaforme omiche microarray Illumina e array RTqPCR.
<b>2005 - 2008.</b>	È <b>Senior PostDoc Fellow</b> presso il Department of Biochemistry, University of Washington, Seattle WA, USA, nel laboratorio del prof. E. T. Young.
<b>2003 - 2005</b>	È <b>assegnista di ricerca</b> presso il dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze dell’Università di Milano-Bicocca, nel laboratorio della prof.ssa L. Alberghina.
<b>2000.</b>	Inizia il programma di dottorato in Biotecnologie Industriali (XV ciclo) presso il dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze dell’Università di Milano-Bicocca.
<b>1997.</b>	Inizia l’internato per lo svolgimento della tesi presso il laboratorio di ciclo cellulare di lievito nel Dipartimento di Fisiologie e Biochimica Generali dell’Università degli Studi di Milano, sotto la guida della dott.ssa P. Coccetti

## Riconoscimenti per attività di ricerca

2020-2029	MIUR, <b>Abilitazione Scientifica Nazionale</b> , II fascia, Settore Concorsuale 05/E2 Biologia Molecolare
2017	Vincitore del <b>Gilead Fellowship Program</b> , Area Oncoematologia Gilead Sciences, Via Melchiorre Gioia 26, 20124 Milano. Con il progetto presentato: “Molecular and clinical profiling of refractory and early relapsing follicular lymphomas: an unsupervised dual computational approach using co-expression networks and biomarker combinations”
2003-2005	<b>Assegno di Ricerca</b> dell’Università di Milano Bicocca, assegnato su base competitiva con partecipazione a bando di concorso.

## Partecipazione a comitati editoriali di riviste scientifiche

Da giugno 2021 a tutt’oggi	<b>Guest Editor</b> , Research Topic for Computational Genomics <b>Frontiers in Genetics</b> Proposed Topic: “The use of quantitative phenotypes in functional genomics”
Da novembre 2020 a tutt’oggi	<b>Editorial Board Member</b> <b>Biomedinformatics</b> , MDPI group
Gennaio 2020 – Gennaio 2021	<b>Guest Editor</b> Special Issue "Next Generation Sequencing Analyses in Cancer Research, Diagnosis and Treatment" <b>Journal of Clinical Medicine</b> , MDPI group

Dal 2017 a tutt'oggi

**Invited Reviewer** per diverse riviste scientifiche internazionali tra cui: Scientific Reports, International Journal of Molecular Sciences, Cancers, Diagnostics, Molecules, Epigenomics.

### Attività didattica

<b>Da aprile 2021</b>	<b>Docente</b> per la prima edizione del <b>master di II livello</b> "qOmics: quantitative methods for Omics Data" dell'Università di Milano Bicocca. Modulo di "Data visualization", per un totale di 8 ore frontali.
<b>A.A. 2019-2020</b>	<b>Docente</b> per la terza edizione del <b>master di II livello</b> in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano. Moduli di "Algoritmi" e "Biologia computazionale e network", lezioni di "Introduzione a R", "Genomica Funzionale", più altre sessioni di esercitazioni pratiche per un totale di circa 60 ore di didattica frontale. A causa dell'emergenza pandemica parte di queste ore vengono effettuate in soluzione remote-learning tramite piattaforma di ateneo.
<b>Dicembre 2020</b>	Corso di "Statistica Biomedica 2" per il ciclo di formazione dottorale. Dottorato in medicina sperimentale, Dipartimento di Biotecnologie Mediche e Medicina Traslazionale, Università degli Studi di Milano, per un totale di 10 ore di didattica frontale.
<b>A.A. 2018-2019</b>	<b>Docenza</b> per la seconda edizione del <b>master di II livello</b> in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano. Moduli di "Algoritmi" e "Biologia computazionale e network", lezioni di "Introduzione a R" e "Genomica Funzionale", per un totale di circa 36 ore di didattica frontale.
<b>A.A. 2017-2018</b>	<b>Docenza</b> per la prima edizione del <b>master di II livello</b> in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano / INGM. Moduli di "Algoritmi" e "Biologia computazionale e network", lezioni di "Introduzione a R", "Genomica Funzionale", e "Metodi di analisi di Exome Sequencing, per un totale di circa 30 ore di didattica frontale.
<b>Dicembre 2019</b>	Corso di "Statistica Biomedica 2" per il ciclo di formazione dottorale. Dottorato in medicina sperimentale, Dipartimento di Biotecnologie Mediche e Medicina Traslazionale, Università degli Studi di Milano, per un totale di 8 ore di didattica frontale.
<b>Dicembre 2018</b>	Corso di "Statistica Biomedica 2" per il ciclo di formazione dottorale. Dottorato in medicina sperimentale, Dipartimento di Biotecnologie Mediche e Medicina Traslazionale, Università degli Studi di Milano, per un totale di 8 ore di didattica frontale.
<b>2017 - 2019</b>	Promotore dell'iniziativa "Infobiology.eu" di <b>training bioinformatico per biologi e clinici</b> , ne cura l'organizzazione dei corsi e assume la <b>docenza</b> dei corsi "Introduzione a R per la manipolazione di dati biologici", "Genomica Funzionale con R", "Analisi di RNA sequencing"
<b>Dal 2014 al 2016</b>	Tiene i corsi di "Next Generation Sequencing e Systems Biology" presso Alta Formazione Insubria (AFInsubria, coordinatore prof. Mauro Fasano), Università dell'Insubria, Busto Arsizio, come consulente esterno.

### Attività di tutorato di studenti e giovani ricercatori

- A.A. 2019-2020.** (29-01-2021 – 31-07-2021) **Responsabile per lo stage del master di II livello** in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano. Progetto "Costruzione di un pacchetto R: metodo combiroc", assegnato allo studente Ivan Ferrari. Attività di tutoraggio e indirizzo alla ricerca, affiancamento finalizzato al conseguimento del titolo di master di II livello.

- **2017 – a tutt’oggi.** In quanto Bioinformatics Facility manager presso INGM con compiti di mantenimento delle infrastrutture analitiche, R.L. Rossi si occupa regolarmente di **tutoraggio interno dei dottorandi o studenti** (di laurea e di stage) che svolgono tesi in ambito bioinformatico su argomenti di programmazione base, *data literacy* e corretta gestione dei dati.

## **ATTIVITÀ DI RICERCA SCIENTIFICA**

### **Descrizione dettagliata del percorso professionale**

L'attività scientifica di Riccardo L. Rossi ha inizio nel 1997 nel laboratorio di regolazione del ciclo cellulare presso il dipartimento di Fisiologia e Biochimica Generali dell'Università degli Studi di Milano sotto la guida della dott.ssa Paola Coccetti, dove conduce la tesi sperimentale che lo porta nel 1999 alla laurea in Scienze Biologiche, con enfasi in biologia molecolare. Da allora il percorso professionale di Riccardo si sviluppa dapprima nell'ambito biomolecolare e biochimico per poi approdare, inizialmente in maniera ibrida e poi esclusiva, all'ambito bioinformatico e computazionale. E' autore di 33 pubblicazioni su riviste internazionali, e di 2 capitoli di libro, con all'attivo più di mille citazioni totali.

Durante la tesi di laurea e il successivo periodo di dottorato lavora e definisce un modello molecolare minimo della transizione G1/S in lievito di birra e si appassiona alle tecniche di elutrazione per la sincronizzazione delle cellule e di citofluorimetria multiparametrica; quest'ultima diventa il focus principale della sua tesi di dottorato nella quale sviluppa e descrive, in maniera anticipatoria e pionieristica sotto la guida del prof. Danilo Porro, una tecnica quantitativa di colorazione multiparametrica per la correlazione tra dimensione cellulare e stato fisiologico di singole cellule in popolazioni eterogenee. Dopo il dottorato vince un assegno di ricerca su sua proposta di ricerca e completa il lavoro iniziato durante il dottorato.

Dall'ottobre 2005, è Senior Fellow presso il Department of Biochemistry della University of Washington a Seattle, USA, nel laboratorio del prof. Elton T. Young. Qui continua a lavorare sulla modulazione da nutrienti della regolazione trascrizionale di lievito di birra, e per la prima volta viene introdotto a saggi complessi di immunoprecipitazione della cromatina accoppiati con RTqPCR e microarray per l'espressione genica, nonché all'analisi dei dati da questi prodotti.

Nel 2007 collabora con l'Ambasciata italiana a Washington DC, nella persona del Prof. Giorgio Einaudi, scientific attaché, alle fasi di startup della fondazione no profit ISSNAF (Italian Scientists and Scholars in North America Foundation) e tra il dicembre 2007 e marzo 2008 viaggia per gli Stati Uniti realizzando il documentario "Storie di Frontiera", video inchiesta attraverso dieci interviste sul lavoro degli scienziati italiani negli Stati Uniti.

Nel maggio 2008 prende servizio come ricercatore presso INGM, Istituto Nazionale di Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi" di Milano. Nel laboratorio del dott. Massimiliano Pagani si occupa della determinazione dei profili trascrizionali di linfociti umani con particolare riferimento ai microRNA e contribuisce al completamento della prima pubblicazione d'impatto dell'Istituto (Rossi et al. 2011) su cui viene successivamente fondata la principale linea di ricerca del gruppo di Biologia Integrativa. Presso INGM si dedica all'utilizzo massivo delle piattaforme omiche, dapprima i microarray Illumina e i Taqman arrays RTqPCR in microfluidica, fino al sequenziatore Illumina HiScanSQ. Approfondisce i metodi di elaborazione dei dati generati da queste piattaforme, i metodi statistici per la loro analisi e l'automazione degli stessi tramite scripting.

Nel 2009 decide di completare la propria formazione approfondendo i funzionamenti e le dinamiche del mondo aziendale e industriale e si iscrive al Master in "Direzione e Strategia d'Impresa" (Business Administration) della Business School de "IlSole24Ore", nella sede di Milano. Durante questa esperienza si appassiona in particolare ai concetti di produttività, innovazione e governance. Completa e consegue il master nel 2010 e dall'anno successivo, 2011, si interessa di genetica personalizzata e di integrazione di dati e fonda assieme ad altri la start-up Genessere Srl, incubata presso il Parco tecnologico Padano di Lodi. L'idea e l'algoritmo alla base del prototipo di analisi integrativa di varianti genetiche e dati biometrici vengono premiati alla StartCup Lombardia 2011, e la startup è tra i finalisti nel TechCrunch Italy 2013 (RE)Design al Maxxi di Roma al quale R.L. Rossi viene selezionato per intervenire nella sessione plenaria (Settembre 2013).

Nel 2013 affianca a quello di Staff Scientist in INGM anche il ruolo di Bioinformatics Facility Manager, che mantiene tutt'oggi, e coordina il lavoro di bioinformatici (da 2 a 5, a seconda del periodo) per progetti afferenti a diversi gruppi dell'Istituto. Successivamente, si occupa di fornire l'interfaccia tra INGM e il Policlinico di Milano per le esigenze di bioinformatica e di fornire supporto bioinformatico ed analitico ai collaboratori clinici esterni all'Istituto. Da questo momento l'attività di ricerca di Riccardo Rossi assume, in quanto ricercatore assunto, aspetti e argomenti molto diversi spaziando dalla ricerca di base di tipo trascrizionale, alla ricerca clinica e applicata, fino alla determinazione di metodi e formalizzazione di processi attraverso scripting, programmazione e applicazione di pipelines bioinformatiche.

Dal 2014 e per i due anni successivi viene invitato con regolarità a tenere i corsi di "Introduzione all'NGS e RNAseq" e di "Systems biology" per Alta Formazione Insubria (coordinata dal prof. Mauro Fasano) presso l'Università dell'Insubria a Busto Arsizio. Nel 2016 concepisce e realizza l'iniziativa e la relativa piattaforma "Infobiology.eu" e promuove i corsi di bioinformatica per biologi e clinici, e a tutt'oggi ne coordina il contenuto scientifico e tiene regolarmente i corsi di "Introduzione a R per la manipolazione dei dati" e di "Genomica funzionale" confluiti nelle operazioni di una società di recente costituzione.

Dal 2015 affianca i principal investigators che afferiscono a INGM nella stesura e nella valutazione di progetti per la Comunità Europea, Horizon2020, ERC, ERAPerMed, in ambito biologia computazione e medicina personalizzata, nonché collabora alla stesura di progetti nazionali assieme a collaboratori del Policlinico di Milano in ambito di ricerca clinica.

Dal 2018 è docente (lecturer) nei moduli di "Algoritmi" e "Biologia computazionale e network" per il master di secondo livello in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano presso INGM, e si occupa della formazione interna a INGM finalizzata all'alfabetizzazione bioinformatica dei biologi e dei tecnici di laboratorio. La docenza per questo master viene rinnovata anche nelle due successive edizioni fino al 2021, edizione per cui cura anche uno dei progetti di stage.

Nel 2018 dà vita assieme ad altri bioinformatici dell'area milanese all'iniziativa "Milano-Bioinformatics" facendo confluire in questa la comunità locale di utenti "R". Sempre nel 2018, in seguito a diverse esperienze consulenziali e rendendosi conto della diffusa necessità di competenze analitiche in campo biologico, fonda assieme ad altri la start-up Revelo Datalabs Srl, che si occupa di formazione bioinformatica non convenzionale; in questa start-up fa confluire le attività didattiche della precedente iniziativa "infobiology.eu" e ne definisce le linee strategiche presiedendone il board.

Nel 2019 è parte del comitato organizzatore di eRUM2020 (European "R" Users Meeting, Milano 2020) con la responsabilità dell'organizzazione delle sessioni e dei workshop di bioinformatica e life sciences. Dal 2019 partecipa come guest editor a iniziative editoriali per il gruppo MDPI (Journal of Clinical Medicine) e per il gruppo Frontiers in (Frontier in Genetics). È attualmente Editorial Board Member per la rivista Biomedinformatics (gruppo MDPI).

Tiene regolarmente consulenze in ambito genomico e genetico/bioinformatico per prominenti società private del settore clinico e diagnostico.

## **Organizzazione e coordinamento di progetti di ricerca o partecipazione agli stessi.**

Riccardo L. Rossi ha lavorato negli ultimi anni a progetti eterogenei con scopo e applicazione diversi ma accomunati da una estrema necessità di manipolazione ed elaborazione di dati. Si più frequentemente occupato della parte computazionale e bioinformatica, e in alcuni casi anche dello studio e del setup del disegno sperimentale e della strategia analitica. Accanto a piccoli progetti e a numerose richieste di consulenza, vi sono progetti che hanno o hanno avuto maggiore rilevanza: in questa sezione si descrivono nel dettaglio tali progetti, così suddivisi:

### **1) Progetti attivi di cui è responsabile:**

- CombiROC, selezione combinatoria di marcatori biologici
- Gilead Follicular Lymphoma

## **2) Progetti conclusi di cui è stato coordinatore**

- ISG, Interferon Sensitive Genes
- Normalizzazione di microRNA circolanti.

## **3) Progetti conclusi in cui ha contribuito in maniera rilevante**

- HTT-evo
- circRNAs e cellule staminali mesenchimali
- Rett - neurosviluppo
- miRiadne, Armonizzazione delle annotazioni delle piattaforme per l'espressione di microRNA.
- Profilazione trascrizionale di RNA codificanti e microRNA in linfociti umani.

## **1) Progetti attivi di cui R.L. Rossi è responsabile**

### **Progetto CombiROC.**

Periodo: dal 01/01/2017 – progetto attivo

Ruolo nel progetto: Collaborazione alla ricerca e disegno dell'applicazione, analisi dei dati di trascrittomica e proteomica, leadership del lavoro di implementazione algoritmica ed estensione del metodo al sequenziamento a singola cellula.

Gruppi di ricerca: Gruppo di medicina traslazionale e unità di bioinformatica, INGM

Descrizione: CombiROC è il metodo di selezione delle combinazioni di marcatori molecolari pubblicato da S. Mazzara, R.L. Rossi e colleghi nel 2017 (Mazzara, Rossi et al, Scientific Report 2017). Da allora il metodo, implementato come applicazione web Shiny-R e accessibile al pubblico (combiroc.eu) ha avuto un notevole successo in termini di utilizzo e richieste di features aggiuntive. È stato oggetto di altra e più recente pubblicazione su monografia (Bombaci & Rossi, Mimb 2019).

R.L. Rossi si occupa attivamente del mantenimento dell'applicazione Shiny-R, nonché del più recente programma di sviluppo del relativo pacchetto R che è stato recentemente accettato e pubblicato presso il CRAN, Comprehensive R Archive Network (R.L. Rossi è il maintainer del pacchetto).

Il progetto è attualmente in corso e R.L. Rossi coordina gli sforzi per lo sviluppo di un nuovo algoritmo in grado di integrare nel calcolo combinatorio di CombiROC segnali molecolari di natura diversa in un'ottica multi-omica, generati da piattaforme diverse (ad es. espressione genica da microarray, da PCR, da RNAseq, o segnali di fluorescenza per l'espressione di proteine) e l'implementazione di funzioni aggiuntive per l'applicazione del metodo alle signatures geniche ottenute mediante single cell sequencing, per una selezione più efficiente di geni atti alla classificazione di sottopopolazioni cellulari.

Pubblicazioni associate:

- Mazzara, Rossi, et al. An interactive web tool for selecting accurate marker combinations of omics data. Scientific Reports (2017) 7, 45477.
- Bombaci & Rossi,. Computation and Selection of Optimal Biomarker Combinations by Integrative ROC Analysis Using CombiROC. In: Brun V., Couté Y. (eds) Proteomics for Biomarker Discovery. Methods in Molecular Biology (2019), vol 1959. Humana Press, New York, NY

Manoscritto in preparazione:

- Ferrari, Mazzara, Bombaci, Abrignani & Rossi. A package for combinatorial selection of biomarkers and optimized single cell gene signatures.

Code repositories:

- Ferrari, Rossi, Mazzara. combiroc: Selection and Ranking of Omics Biomarkers Combinations Made Easy. R package version 0.2.3. CRAN <https://CRAN.R-project.org/package=combiroc>
- Development version on GitHub: <https://github.com/ingmbioinfo/combiroc>

### **Progetto Gilead-Follicular Lymphoma**

Periodo: dal 2017 – progetto attivo

Ruolo nel progetto: ideazione e presentazione del progetto per finanziamento Gilead, coordinamento del lavoro dei gruppi italiani (Milano e Bergamo), disegno sperimentale, analisi trascrittomica dei campioni, caratterizzazione funzionale e analisi integrativa.

Gruppi di ricerca: Dipartimento di Ematologia ed Oncologia, Osp. Papa Giovanni XXIII Bergamo; Unità di bioinformatica, INGM; Department of Histopathology, University College Hospitals London, London, UK; Centre for Evolution and Cancer and Division of Molecular Pathology, The Institute of Cancer Research, London, UK.

Descrizione: R.L. Rossi è il responsabile del progetto co-finanziato dal Gilead Fellowship Program 2017 a suo nome (*Molecular and clinical profiling of refractory and early relapsing follicular lymphomas: an unsupervised dual computational approach using co-expression networks and biomarker combinations*).

Il progetto prevede l'analisi molecolare del trascrittoma e l'integrazione computazionale dei moduli di co-espressione genica e di marcatori prognostici nonché di marcatori istochimici di linfomi follicolari umani e nasce dalla collaborazione tra R.L. Rossi e il dott. G. Gritti e il prof. A. Rambaldi del Dipartimento di Ematologia ed Oncologia dell'Ospedale Papa Giovanni XXIII di Bergamo, presso il quale sono stati raccolti e annotati i campioni di linfoma follicolare. Lo scopo è selezionare una combinazione di marcatori e punteggi clinici che migliorino il potere prognostico degli attuali criteri FLIPI e FLIPI2 per la stratificazione dei pazienti responsivi/non responsivi nel linfoma follicolare.

Il progetto ha dapprima previsto in collaborazione con due gruppi inglesi (UCL, ICR, London UK), l'analisi istochimica mediante MIL (Multiplex Immuno Labelling) di marcatori immunologici di campioni appaiati a quelli successivamente sequenziati. In questa prima fase sono stati applicati algoritmi di machine learning per determinare fenotipi quantitativi dalle sezioni immunoistochimiche: questa parte del lavoro è descritta in un manoscritto attualmente in fase di submission. Ci si appresta ora all'uso dei dati immunoistochimici quali esca quantitativa per l'estrazione di moduli genici tramite analisi multivariata (WGCNA) integrando i dati di bulk RNA sequencing ottenuti da sezioni complanari dei medesimi campioni.

Manoscritto under revision:

- Hagos, Akarca, Ramsay, Rossi, Pomplun, Moiola, Gianatti, Rambaldi, Quezada, Linch, Gritti, Yuan, Marafioti. Deep learning to decipher the multispectral immune landscape of follicular lymphoma. Submitted to Nature Communications.

## **2) Progetti conclusi di cui R.L. Rossi è stato coordinatore**

### **Progetto Interferon Sensitive Genes**

Periodo: 2019 - 2021

Ruolo nel progetto: disegno sperimentale, analisi integrativa e funzionale dei dati, coordinamento del lavoro

Gruppi di ricerca: gruppo di Virologia (R. De Francesco), INGM

Descrizione: Gli interferoni (IFN) sono tra le più importanti citochine coinvolte nell'allerta del sistema immunitario contro le infezioni virali. I geni stimolati dagli interferoni (ISG) hanno un'ampia varietà di attività antivirali e con questo lavoro si è voluto identificarne di nuovi con un approccio ad ampio spettro che non fosse limitato dalle tecniche tradizionali di espressione differenziale.

Prendendo in carico dati trascrittomici (RNA sequencing) prodotti su due linee cellulari dal laboratorio di Virologia e non successivamente utilizzati, R.L. Rossi ha disegnato un approccio computazionale che integrasse in maniera non canonica la selezione di moduli genici di co-espressione con annotazioni di genomica funzionale e ha coordinato il lavoro assieme a R. De Francesco, avendo in toto la responsabilità di tutti i flussi analitici e bioinformatici del lavoro. Tale approccio ha permesso con successo l'individuazione e la validazione di un gruppo di nuovi ISG, altrimenti non evidenziabili dall'analisi tradizionale di espressione differenziale.

Pubblicazioni associate:

Cheroni, Manganaro, Donnici, Bevilacqua, Bonnal, Rossi<sup>(corr)</sup>, De Francesco<sup>(corr)</sup>. Novel interferon-sensitive genes unveiled by correlation-driven gene selection and systems biology.

Accepted for publication in **Scientific Reports**, 20-08-2021

### **Progetto: Normalizzazione di microRNA circolanti.**

Periodo: 2015 - 2016

Ruolo nel progetto: Ideazione e coordinamento della ricerca, profilazione molecolare e analisi del miRnoma.

Gruppi di ricerca: Unità di bioinformatica, INGM; gruppo di Immunologia, INGM.

Descrizione: L'analisi dell'espressione genica mediante RTqPCR è comunemente e largamente utilizzata dalla comunità scientifica, vi sono casi però in cui non esiste uno standard nel metodo di normalizzazione. L'analisi high-throughput degli RNA circolanti, in particolare dei microRNA circolanti, è uno di questi; non è infatti possibile servirsi in questo caso di veri e propri geni o miRNA "housekeeping" che abbiano espressione costante in tutti i campioni analizzati. R.L. Rossi e F. Marabita hanno proposto e validato un nuovo algoritmo di normalizzazione che, integrando metodi diversi risolve o almeno allevia questo problema, spostando l'attenzione dal normalizzatore universale al metodo di normalizzazione standardizzato al fine di selezionare normalizzatori specifici al contesto. Il metodo è stato validato su dati di tre diversi casi di utilizzo: sieri congelati di pazienti HCV, pazienti di vaccinazione influenzale, pazienti con malattia di Chron. Infine sono state prese in considerazione piattaforme di profiling diverse al fine di valutarne la diversa efficacia a parità di metodo.

Pubblicazioni associate:

Marabita, de Candia, Torri, Tegnér, Abrignani & Rossi. Normalization of circulating microRNA expression data obtained by quantitative real-time RT-PCR. Briefings in Bioinformatics (2016); 17(2): 2014-12.

### **3) Progetti conclusi in cui R.L. Rossi ha contribuito in maniera rilevante**

#### **Progetto HTT-Evo**

Periodo: 2017 - 2020

Ruolo nel progetto: Raccolta e annotazione delle sequenze, analisi computazionale della pressione evolutiva mediante multi allineamenti; collaborazione alle analisi di bulk RNA sequencing e analisi funzionali, interpretazione dei risultati.

Gruppi di ricerca: laboratorio di biologia delle cellule staminali e farmacologia delle malattie neurodegenerative, Università degli Studi di Milano (E. Cattaneo).

Descrizione: Il progetto ha dimostrato che la conservazione e la purezza del tratto poly-Q nell'esone1 di HTT è favorito da selezione naturale e che l'allungamento fisiologico è correlato con un'attività pro-neurale di HTT. Il lavoro multi disciplinare ha integrato dati genetici in chiave di evoluzione computazionale, dati trascrittomici e di biologia cellulare.

R.L. Rossi ha contribuito alla determinazione computazionale della pressione evolutiva sul gene HTT (Huntingtina) attraverso l'analisi dei multi-allineamenti di più di 200 sequenze di vertebrati sequenziate dal laboratorio o recuperate da database di riferimento. In stretto e costante contatto con i componenti del laboratorio Cattaneo, R.L. Rossi ha eseguito le analisi di selezione negativa/positiva sulle sequenze di HTT-esone1 allineate mediante metodi consolidati implementati nell'applicativo HyPhy, aggiornando i risultati per le sequenze ottenute secondo i sottoinsiemi analizzati di volta in volta e infine per altri geni patologici contenenti residui poly-Q usati come controllo; ha inoltre collaborato alle analisi di trascrittomica degli stadi (RNA seq) e di analisi funzionale correlata. R.L. Rossi ha inoltre contribuito alla strategia e alla discussione dei risultati e il loro rafforzamento in seguito a diversi cicli di revisione a cui l'attuale manoscritto è stato recentemente sottoposto. Il manoscritto è attualmente in fase avanzata di revisione presso la rivista Cell Death & Differentiation.

Manoscritto under review:

Iennaco\*, Formenti\*, Trovesi\*, Rossi\*, Zuccato\*, Lischetti\*, Dickinson Bocchi, Scolz, Martínez-Labarga, Rickards, Pacifico, Crottini, Pape Møller, Chen, Vogt, Pavesi, Horner, Saino & Cattaneo. The evolutionary history of the polyQ tract in huntingtin sheds light on its functional pro-neural activities  
*Under review in Cell Death & Differentiation*



### **Progetto: circRNAs e cellule staminali mesenchimali**

Periodo: 2017 - 2018

Ruolo nel progetto: Collaborazione alla ricerca, analisi di espressione di circRNA e microarray, genomica funzionale.

Gruppi di ricerca: Medicina rigenerativa, Policlinico di Milano (L. Lazzari), Unità di bioinformatica, INGM.

Descrizione: Il progetto circRNA e cellule staminali mesenchimali umane (human MSCs) del laboratorio di Medicina Rigenerativa del Policlinico di Milano (prof.ssa L. Lazzari), ha studiato e descritto per la prima volta il ruolo dei circRNA nel controllo dell'identità e del differenziamento di cellule staminali mesenchimali (MSC), mettendo in evidenza un'interazione diretta tra circFOXP1 e i miRNA miR-17-3p/miR-127-5p, con conseguente regolazione non canonica dei pathways Wnt e EGFR.

R.L. Rossi ha contribuito al progetto analizzando i microarray per l'espressione di circRNA, disegnando ed eseguendo le successive indagini di genomica funzionale dei circRNA e alla caratterizzazione del loro ruolo di regolazione trascrizionale.

#### Pubblicazioni associate:

Cherubini, Barilani, Rossi, Jalal, Rusconi, Buono, Ragni, Cantarella, Simpson, Péault, Lazzari. FOXP1 circular RNA sustains mesenchymal stem cell identity via microRNA inhibition. Nucleic Acids Res (2019); 47(10): 5325-5340.

### **Progetto Rett-neurosviluppo**

Periodo: 2014 - 2018

Ruolo nel progetto: Collaborazione alla ricerca e al disegno sperimentale, analisi di trascrittomica, RTqPCR, RNAseq e genomica funzionale.

Gruppi di ricerca: Laboratorio Rett-research OSR Milano (N. Landsberger), Integrative Biology INGM, Unità di bioinformatica INGM.

Descrizione: La sindrome di Rett (RTT) è una malattia genetica grave che costituisce la causa genetica più comune al mondo di disabilità intellettiva nelle femmine. Nella maggior parte dei casi si trovano mutazioni a carico del gene MECP2 sul cromosoma X. La linea di ricerca in capo al laboratorio della prof.ssa N. Landsberger (Università degli Studi di Milano, Ospedale San Raffaele) si occupa da anni dello studio della deregolazione di geni e pathways in presenza di MecP2 disfunzionali.

R.L. Rossi ha collaborato in maniera continuativa a questa linea di ricerca in stretto contatto con il dott. F. Bedogni con il quale ha disegnato gli esperimenti destinati alla profilazione molecolare (RTqPCR, microarrays e RNAseq). R.L. Rossi ha eseguito tutte le analisi dei dati e la contestualizzazione biologica e funzionale dei geni oggetto di studio. Questo progetto ha generato tre pubblicazioni nelle quali si è dimostrato che il fenotipo associato a pazienti MECP2 è ascrivibile a eventi molecolari a stadi precoci di sviluppo, e in particolare a eventi di controllo trascrizionale dello sviluppo cellulare in fase G1 di cellule proliferanti.

#### Pubblicazioni associate:

- Bedogni, Rossi, Galli, Cobolli Gigli, Gandaglia, Kilstrup-Nielsen, Landsberger. Rett syndrome and the urge of novel approaches to study MeCP2 functions and mechanisms of action. Neurosci Biobehav Rev. (2014) ;46(2):187-201.

- Bedogni, Cobolli Gigli, Pozzi, Rossi, Scaramuzza, Rossetti, Pagani, Kilstrup-Nielsen, Matteoli, Landsberger. Defects During Mecp2 Null Embryonic Cortex Development Precede the Onset of Overt Neurological Symptoms. Cerebral Cortex (2016); 26(6): 2517-29

- Cobolli Gigli, Scaramuzza, De Simone, Rossi, Pozzi, Pagani, Landsberger, Bedogni. Lack of Methyl-CpG Binding Protein 2 (MeCP2) Affects Cell Fate Refinement During Embryonic Cortical Development. Cerebral Cortex. (2018) 28(5):1846-1856.

### **Progetto: miRiadne, Armonizzazione delle annotazioni delle piattaforme per l'espressione di microRNA.**

Periodo: 2012 - 2014

Ruolo nel progetto: Partecipazione alla ricerca, identificazione del problema, ideazione dell'applicazione, raccolta e annotazione delle piattaforme di profilazione per micro-RNA

Gruppi di ricerca: gruppo di biologia integrativa, INGM (M. Pagani).

Descrizione: miRiadne è una applicazione web per la ri-annotazione di liste e datasets di microRNA. Le annotazioni obsolete o semplicemente erranee a causa delle versioni obsolete dei database di riferimento implementati da diffuse piattaforme di espressione genica possono essere convertite in annotazioni corrette assicurando la corrispondenza tra sequenze mature di microRNA. miRiadne è aggiornato alla versione 21 del miRBase, contiene le sequenze controllate di microRNA umani, murini, di ratto e di più di 100 altre specie e le sequenze relative a 40 sistemi di profilazione (piastre, microarrays, chips).

R.L. Rossi ha identificato il problema durante un precedente progetto di profilazione dei microRNA umani, ha concepito e disegnato l'applicazione e ha armonizzato le sequenze di tutte le piattaforme di profilazione al momento disponibili.

Pubblicazioni associate:

Bonnal \*, Rossi \*, Carpi, Ranzani, Abrignani, Pagani. miRiadne: a web tool for consistent integration of miRNA nomenclature. Nucleic Acids Research (2015) 43(W1): W487-W492.

**Progetto: Profilazione trascrizionale di RNA codificanti e microRNA in linfociti umani.**

Periodo: 2008 - 2011

Ruolo nel progetto: Collaborazione alla ricerca. Esecuzione delle analisi omiche di laboratorio (RTqPCR arrays e Illumina beadsarrays); analisi trascrizionale dei dati per RNA codificanti e microRNA, interpretazione dei risultati.

Gruppi di ricerca: gruppo di biologia integrativa, INGM (M. Pagani).

Descrizione: Il progetto ha previsto la profilazione trascrizionale (RNA codificanti e microRNA) di un set di 17 tipi di linfociti umani e la determinazione di signature molecolari specifiche. In particolare è stato identificato il mir-125b come responsabile principale del differenziamento dei linfociti T. Il progetto ha fornito il primo atlante dell'espressione di microRNA in linfociti umani definendo gruppi di espressione mirnomica caratteristici per tutte le popolazioni linfocitarie analizzate.

R.L. Rossi si è dedicato all'utilizzo massivo delle piattaforme omiche, dapprima i microarray Illumina e i Taqman arrays RTqPCR in microfluidica, fino al sequenziatore Illumina HiScanSQ in dotazione presso il laboratorio; ha approfondito i metodi di elaborazione dei dati generati da queste piattaforme, i metodi statistici per la loro analisi ed ha elaborato il metodo di espressione anticorrelata descritto nella pubblicazione associata per mettere in relazione i microRNA con i loro potenziali target.

Pubblicazioni associate:

Rossi \*, Rossetti \*, Wenandy \*, Moro, Sciarretta Birolo, Bonnal, Curti, Maglie, Gruarin, Marabita, Mascheroni, Ripamonti, Comelli, Trabucchi, De Francesco, Geginat, Abrignani & Pagani. Distinct microRNA signatures in human lymphocyte subsets and enforcement of the naïve state in CD4+ T cells by the microRNA miR-125b. Nature Immunology (2011),12(8):796-803.

## TITOLARITÀ DI BREVETTI

M Pagani, R De Francesco, G Rossetti, S Abrignani, RL Rossi. MICRORNA EXPRESSION SIGNATURE IN PERIPHERAL BLOOD OF PATIENTS AFFECTED BY HEPATOCARCINOMA OR HEPATIC CIRRHOSIS AND USES THEREOF. US Patent 20,120,238,617 (2012); EP Patent 2,475,785 (2012); WO Patent WO/2011/027,332 (2011).

## ATTIVITÀ GESTIONALI, ORGANIZZATIVE E DI SERVIZIO

INCARICHI DI GESTIONE E AD IMPEGNI ASSUNTI IN ORGANI COLLEGIALI E COMMISSIONI, PRESSO RILEVANTI ENTI PUBBLICI E PRIVATI E ORGANIZZAZIONI SCIENTIFICHE E CULTURALI, OVVERO PRESSO L'ATENEO O ALTRI ATENEI

**2021** – E' **chair** per la sessione "Machine Learning and Data Visualization in Single Cell Analysis" (novembre 2021) delle **SEMM Technological Roundtables 2021**, European School of Molecular Medicine.

**2021** - Membro della **commissione giudicatrice** per la sessione conclusiva della terza edizione del master di II livello in "Bioinformatics and Functional Genomics" dell'Università degli Studi di Milano.  
Sessione del 16 luglio 2021 presso Aula Magna LITA, via F.lli Cervi 93, 20090 Segrate, MI

**2013** – a tutt'oggi. È **Bioinformatics Facility Manager** presso l'Istituto Nazionale Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi", Milano, con i compiti di coordinare le necessità di tipo bioinformatico di alcuni gruppi interni e dei collaboratori esterni all'Istituto e, in collaborazione con il personale IT e altri staff scientists, di implementare e mantenere le infrastrutture bioinformatiche di Istituto.

Si occupa inoltre di tenere regolarmente sessioni di istruzione e formazione interna all'Istituto (INGM) in ambito di trattamento dati, statistica di base e programmazione con R.

**Maggio 2019 – giugno 2020.** Fa parte del **comitato organizzatore di eRUM2020** (European "R" Users Meeting, maggio 2020), ne coordina l'organizzazione delle sessioni e workshop di bioinformatica e uso di "R" in ambito life science. Inoltre presiede alla realizzazione delle interviste ai keynote speakers trasmesse e registrate sul canale YouTube del congresso.

**2018.** Promuove e, assieme ad altri soci tra cui Euroclone Spa, fonda Revelo Datalabs Srl, start-up con sede a Milano operante nel settore della **formazione non convezionale in campo data-science** e bioinformatica.

**2017.** Contribuisce ai **meetup Milano-R / R-labs** per la comunità di utenti R della provincia di Milano. Promuove e modera il meetup "Milano-Bioinformatics".

**2013.** Afferisce in qualità di "membro esperto" a **Action Institute**, think-tank milanese apartitico e no profit per la crescita, innovazione e capitale umano.

**2011 – 2015.** È co-fondatore di Genessere Srl, start-up nel campo della genetica personalizzata integrata con sede a Lodi presso il Parco Tecnologico Padano. Ne presiede il Scientific Advisory Board.

**2010 – 2018.** Fa parte del comitato ideatore e poi dei successivi comitati organizzatori del "**Milan Meets Immunology**" (MMI) meeting, il forum annuale di Immunobiologia dell'area milanese.

**2008.** Fonda il **progetto Mappacervelli.org** (MaRE, Maps of Italian researchers abroad) e realizza il video documentario "Storie di Frontiera" sul lavoro di dieci ricercatori italiani negli USA.

**2007.** Contribuisce allo startup di **ISSNAF** (Italian Scientists and Scholars in North America Foundation) in collaborazione con il Prof. Giorgio Einaudi, scientific attaché presso l'Ambasciata Italiana a Washington, DC, USA.

## Pubblicazioni scientifiche (dalla più recente)

### Articoli sottomessi o in corso di revisione

- R. Iennaco, G. Formenti, C. Trovesi, [R.L. Rossi\\*](#), C. Zuccato, T. Lischetti, V. Dickinson Bocchi, A. Scolz, C. Martínez-Labarga, O. Rickards, M. Pacifico, A. Crottini, A. Pape Møller, R. Chen, T.F. Vogt, G. Pavesi, D.S. Horner, N. Saino & E. Cattaneo. The evolutionary history of the polyQ tract in huntingtin sheds light on its functional pro-neural activities \* [Co-first](#)

***Under advanced review in Cell Death & Differentiation***

- Y.B. Hagos, A.U. Akarca, A. Ramsay, [R.L. Rossi](#), S. Pomplun, A. Moiola, A. Gianatti, A. Rambaldi, S.A. Quezada, D. Linch, G. Gritti, Y. Yuan, T. Marafioti. Deep learning to decipher the multispectral immune landscape of follicular lymphoma.

**Submitted to Nature Communications**

### **Public outreach**

- M. Fortuna, F. Vitalini, M. Signorelli, E. Furfaro, F. Marini, G. Janssenswillen, R. Porreca, [R.L. Rossi](#), A. Guzzo, R. Sirovich. e-Rum2020: how we turned a physical conference into a successful virtual event. *The R Journal* (2020); 12(2):416-424. ISSN 2073-4859; <http://journal.r-project.org/archive/2020-2/erum.pdf>

### **Software open source rilasciato ufficialmente**

I. Ferrari, [R.L. Rossi](#)\*, S. Mazzara (2021). combiroc: Selection and Ranking of Omics Biomarkers Combinations Made Easy. R package version 0.2.3. **CRAN** \* [Corresponding & maintainer](#) <https://CRAN.R-project.org/package=combiroc>

### **Articoli scientifici peer reviewed**

Numero totale: 33

H-index \*: 21 (dal 2016: 18)

Numero totale di citazioni \*: 1684 (dal 2016: 1113)

\* metriche GScholar

1. C. Cheroni, L. Manganaro, L. Donnici, V. Bevilacqua, R.J.P. Bonnal, [R.L. Rossi](#) \*, R. De Francesco. Novel interferon-sensitive genes unveiled by correlation-driven gene selection and systems biology. *Accepted for publication in Scientific Reports*, 20-08-2021 \* [Co-last and Co-corresponding](#)  
This paper was first published as a preprint in *bioRxiv*; DOI: 10.1101/2021.04.05.438481

2. F. Cozzolino, E. Vezzoli, C. Cheroni, D. Besusso, P. Conforti, M. Valenza, I. Iacobucci, V. Monaco, G. Birolini, M. Bombaci, A. Falqui, P. Saftig, [R.L. Rossi](#), M. Monti, E. Cattaneo, C. Zuccato. ADAM10 hyperactivation acts on piccolo to deplete synaptic vesicle stores in Huntington's disease. *Hum. Mol. Genet.* (2021); 30(13):1175-1187  
PMID: 33601422; DOI: 10.1093/hmg/ddab047

3. P. Conforti, D. Besusso, S. Brocchetti, I. Campus, C. Cappadona, M. Galimberti, A. Laporta, R. Iennaco, [R.L. Rossi](#), V. Bocchi Dickinson, E. Cattaneo. RUES2 hESCs exhibit MGE-biased neuronal differentiation and muHTT-dependent defective specification hinting at SP1. *Neurobiol. Dis.* (2020); 146:105140  
PMID: 33065279; DOI: 10.1016/j.nbd.2020.105140

4. N. Manfrini, M. Mancino, A. Miluzio, S. Oliveto, M. Balestra, P. Calamita, R. Alfieri, [R.L. Rossi](#), M. Sassoè-Pognetto, C. Salio, A. Cuomo, T. Bonaldi, M. Manfredi, E. Marengo, E. Ranzato, S. Martinotti, D. Cittaro, G. Tonon, S. Biffo. FAM46C and FNDC3A Are Multiple Myeloma Tumor Suppressors That Act in Concert to Impair Clearing of Protein Aggregates and Autophagy. *Cancer Research* (2020); 80(21):4693-4706  
PMID: 32963011; DOI: 10.1158/0008-5472.CAN-20-1357

5. A. Cherubini, M. Barilani, [R.L. Rossi](#), M.M.K. Jalal, F. Rusconi, G. Buono, E. Ragni, G. Cantarella, H.A.R.W. Simpson, B. Péault, L. Lazzari. FOXP1 circular RNA sustains mesenchymal stem cell identity via microRNA inhibition. *Nucleic Acids Res* (2019); 47(10): 5325-5340.  
PMID 30937446; DOI: 10.1093/nar/gkz199; EID: 2-s2.0-85067215253

6. M. Bombaci & [R.L. Rossi](#) \* Computation and Selection of Optimal Biomarker Combinations by Integrative ROC Analysis Using CombiROC. In: Brun V., Couté Y. (eds) Proteomics for Biomarker Discovery. **Methods in Molecular Biology** (2019), vol 1959. Humana Press, New York, NY  
\* [Co-corresponding](#). ISBN 978-1-4939-9163-1; PMID 30852827; DOI: 10.1007/978-1-4939-9164-8\_16; EID: 2-s2.0-85062685559
7. C. Faliti, R. Gualtierotti, E. Rottoli, M. Gerosa, L. Perruzza, A. Romagnani, G. Pellegrini, B. De Ponte Conti, [R.L. Rossi](#), M. Idzko, E. Mazza, S. Bicciato, E. Traggiai, P.L. Meroni, and F. Grassi. P2X7 receptor restrains pathogenic Tfh cells generation in systemic lupus erythematosus. **J. Exp. Med.** (2019) 216(2). PMID 30655308; DOI: 10.1084/jem.20171976; EID: 2-s2.0-85061114504
8. P. Gruarin, S. Maglie, M. De Simone, B. Häringer, C. Vasco, V. Ranzani, R. Bosotti, J.S. Noddings, P. Larghi, F. Facciotti, M.L. Sarnicola, M. Martinovic, M. Crosti, M. Moro, [R.L. Rossi](#), M.E. Bernardo, F. Caprioli, F. Locatelli, G. Rossetti, S. Abrignani, M. Pagani, J. Geginat. Eomesodermin controls a unique differentiation program in human IL-10 and IFN- $\gamma$  coproducing regulatory T cells. **Eur. J. Immunol** (2019) 49(1):96-111  
PMID 30431161; DOI: 10.1002/eji.201847722; EID: 2-s2.0-85056821108
9. [R.L. Rossi](#) \* & R. Grifantini. Big data: challenge and opportunity for translational and industrial research. **Frontiers in Digital Humanities** (2018) 5:13. \* [Co-corresponding](#)  
DOI: 10.3389/fdigh.2018.00013
10. G. Gritti, A. Gianatti, F. Petronzelli, R. DeSantis, C. Pavoni, [R.L. Rossi](#), L. Cattaneo, L.G. Spagnoli, S. Ferrari, A. Rossi, A.M. Barbui, A. Rambaldi. Evaluation of tenascin-C by tenatumomab in T-cell non-Hodgkin lymphomas identifies a new target for radioimmunotherapy. **Oncotarget** (2018); 9, 9766-9775. PMID 29515769; DOI: 10.18632/oncotarget.23919; EID: 2-s2.0-85041700291
11. C. Cobolli Gigli, L. Scaramuzza, M. De Simone, [R.L. Rossi](#), D. Pozzi, M. Pagani, N. Landsberger, F. Bedogni. Lack of Methyl-CpG Binding Protein 2 (MeCP2) Affects Cell Fate Refinement During Embryonic Cortical Development. **Cerebral Cortex**. (2018) 28(5):1846-1856.  
PMID 29351579; DOI: 10.1093/cercor/bhx360; EID: 2-s2.0-85052199043; WOS:000431890800023
12. S. Mazzara, [R.L. Rossi](#) \*, R. Grifantini, S. Donizetti, S. Abrignani, M. Bombaci. CombiROC: an interactive web tool for selecting accurate marker combinations of omics data. **Scientific Reports** (2017) 7, 45477. \* [Co-first and Co-corresponding](#)  
PMID 28358118; DOI: 10.1038/srep45477; EID: 2-s2.0-85016551547; WOS:000398405200001
13. A Torri, D Carpi, E Bulgheroni, MC Crosti, M Moro, P Gruarin, [R.L. Rossi](#), G. Rossetti, D. Di Vizio, M. Hoxha, V. Bollati, C. Gagliani, C. Tacchetti, M. Paroni, J. Geginat, L. Corti, L. Venegoni, E. Berti, M. Pagani, G. Matarese, S. Abrignani, P. de Candia. Extracellular microRNA signature of human helper T cell subsets in health and autoimmunity. **Journal of Biological Chemistry** (2017); 292 (7): 2903-15. PMID 28077577; DOI: 10.1074/jbc.M116.769893; EID: 2-s2.0-85013380382; WOS:000395535100030
14. M. Paroni, V. Maltese, M. De Simone, V. Ranzani, P. Larghi, C. Fenoglio, A.M. Pietroboni, M.A. De Riz, M.C. Crosti, S. Maglie, M. Moro, F. Caprioli, [R.L. Rossi](#), G. Rossetti, D. Galimberti, M. Pagani, E. Scarpini, S. Abrignani, J. Geginat. Recognition of viral and self-antigens by TH1 and TH1/TH17 central memory cells in patients with multiple sclerosis reveals distinct roles in immune surveillance and relapse. **Journal of Allergy and Clinical Immunology** (2017) S0091-6749(17)  
PMID 28237728; DOI: 10.1016/j.jaci.2016.11.045; EID: 2-s2.0-85013414042; WOS:000409241500018
15. L. Fagnocchi, A. Cherubini, H. Hatsuda, A. Fasciani, S. Mazzoleni, V. Poli, V. Berno, [R. L. Rossi](#), R. Reinbold, M. Ende, T. Schroeder, M. Rocchigiani, Z. Szkarlat, S. Oliviero, S. Dalton, A. Zippo. A Myc-

driven self-reinforcing regulatory network maintains mouse embryonic stem cell identity. **Nature Communication** 7, 11903 (2016).

PMID 27301576; DOI: 10.1038/ncomms11903; EID: 2-s2.0-84975038181; WOS:000378685300001

16. S. Mazzara, A. Sinisi, A. Cardaci, [R.L. Rossi](#), L. Muratori, S. Abrignani, M. Bombaci. Two of Them Do It Better: Novel Serum Biomarkers Improve Autoimmune Hepatitis Diagnosis. **PLoS One** (2015); 10(9): e0137927.

PMID 26375394; DOI: 10.1371/journal.pone.0137927; EID: 2-s2.0-84945977215;

WOS:000361610200062

17. F. Marabita, P. de Candia, A. Torri, J. Tegnér, S. Abrignani, [R.L. Rossi](#) \*. Normalization of circulating microRNA expression data obtained by quantitative real-time RT-PCR. Briefings in **Bioinformatics** (2016); 17(2): 2014-12. \* [Corresponding](#)

PMID 26238539; DOI: 10.1093/bib/bbv056; EID: 2-s2.0-84963759532; WOS:000372974300003

18. F. Bedogni, C. Cobolli Gigli, D. Pozzi, [R.L. Rossi](#), L. Scaramuzza, G. Rossetti, M. Pagani, C. Kilstrup-Nielsen, M. Matteoli, N. Landsberger. Defects During Mecp2 Null Embryonic Cortex Development Precede the Onset of Overt Neurological Symptoms. **Cerebral Cortex** (2016); 26(6): 2517-29, *Epub May2015*.

PMID 25979088; DOI: 10.1093/cercor/bhv078; EID: 2-s2.0-84974573964; WOS:000377917500013

19. R.J.P. Bonnal, [R.L. Rossi](#) \*, D. Carpi, V. Ranzani, S. Abrignani, M. Pagani. miRiadne: a web tool for consistent integration of miRNA nomenclature. **Nucleic Acids Research** (2015) 43(W1): W487-W492. \* [Co-first and Co-corresponding](#)

PMID 25897123; DOI: 10.1093/nar/gkv381; EID: 2-s2.0-84979862566; WOS:000359772700077

20. F. Bedogni, [R.L. Rossi](#), F. Galli, C. Cobolli Gigli, A. Gandaglia, C. Kilstrup-Nielsen, N. Landsberger. Rett syndrome and the urge of novel approaches to study MeCP2 functions and mechanisms of action. **Neurosci Biobehav Rev.** (2014); 46(2):187-201.

PMID 24594195; DOI: 10.1016/j.neubiorev.2014.01.011; EID: 2-s2.0-84909644903;

WOS:000348012600004

21. P. de Candia, A. Torri, T. Gorletta, M. Fedeli, E. Bulgheroni, C. Cheroni, F. Marabita, M. Crosti, M. Moro, E. Pariani, L. Romanò, S. Esposito, F. Mosca, G. Rossetti, [R.L. Rossi](#), J. Geginat, G. Casorati, P. Dellabona, M. Pagani, S. Abrignani. Intracellular modulation, extracellular disposal and serum increase of MiR-150 mark lymphocyte activation. **PLoS One.** (2013); Sep 26;8(9):e75348.

PMID 24205408; DOI: 10.1371/journal.pone.0075348; EID: 2-s2.0-84884658821;

WOS:000325220000016

22. F. Bosè, L. Petti, M. Diani, C. Moscheni, S. Molteni, A. Altomare, [R.L. Rossi](#), D. Talarico, R. Fontana, V. Russo, G. Altomare, E. Reali. Inhibition of CCR7/CCL19 axis in lesional skin is a critical event for clinical remission induced by TNF blockade in psoriasis patients. **American Journal of Pathology.** (2013); 183(2):413-21.

PMID 23731727; DOI: 10.1016/j.ajpath.2013.04.021; EID: 2-s2.0-84880608647;

WOS:000322611700010

23. M. Pagani, G. Rossetti, I. Panzeri, P. de Candia, R.J.P. Bonnal, [R.L. Rossi](#), J. Geginat, S. Abrignani. Role of microRNAs and Long-non-coding RNAs in CD4+ T cell differentiation. **Immunological Reviews.** (2013), 253(1):82-96.

PMID 23550640; DOI: 10.1111/imr.12055; EID: 2-s2.0-84875785000; WOS:000317078800007



24. F. Caprioli, F. Bosè, [R.L. Rossi](#), L. Petti, C. Viganò, C. Ciafardini, L. Raeli, G. Basilisco, S. Ferrero, M. Pagani, D. Conte, G. Altomare, G. Monteleone, S. Abrignani, E. Reali. Reduction of CD68+ macrophages and decreased IL-17 expression in intestinal mucosa of patients with Inflammatory Bowel Disease strongly correlate with endoscopic response and mucosal healing following infliximab therapy. ***Inflammatory Bowel Diseases*** (2013),19(4):729-739.  
PMID 23448791; DOI: 10.1097/MIB.0b013e318280292b; EID: 2-s2.0-84876372616
  
25. L. Novellino, [R.L. Rossi](#), F. Bonino, D. Cavallone, S. Abrignani, M. Pagani, M.R. Brunetto. Circulating hepatitis B surface antigen particles carry hepatocellular microRNAs. ***PLoS One*** (2012),7(3):e31952.  
PMID 22470417; DOI: 10.1371/journal.pone.0031952; EID: 2-s2.0-84859060888;  
WOS:000304489000001
  
26. [R.L. Rossi](#), G. Rossetti, L. Wenandy, M. Moro, R. Sciarretta Birolo, R.J.P. Bonnal, S. Curti, S. Maglie, P. Gruarin, F. Marabita, D. Mascheroni, A. Ripamonti, M. Comelli, E. Trabucchi, R. De Francesco, J. Geginat, S. Abrignani and M. Pagani. Distinct microRNA signatures in human lymphocyte subsets and enforcement of the naïve state in CD4+ T cells by the microRNA miR-125b. ***Nature Immunology*** (2011),12(8):796-803.  
PMID 21706005; DOI: 10.1038/ni.2057; EID: 2-s2.0-80052035077; WOS:000292870700018
  
27. B. Celona, A. Weiner, F. Di Felice, F. M. Mancuso, E. Cesarini, [R.L. Rossi](#), L. Gregory, D. Baban, G. Rossetti, P. Grianti, M. Pagani, T. Bonaldi, J. Ragoussis, N. Friedman, G. Camilloni, M.E. Bianchi and A. Agresti. Substantial Histone Reduction Modulates Genomewide Nucleosomal Occupancy and Global Transcriptional Output. ***PLoS Biology*** (2011),9(6):e1001086.  
PMID 21738444; DOI: 10.1371/journal.pbio.1001086; EID: 2-s2.0-79959811626;  
WOS:000292191200013
  
28. [R.L. Rossi](#), V. Zinzalla, A. Mastriani, M. Vanoni, and L. Alberghina. Subcellular localization of the cyclin dependent kinase inhibitor Sic1 is modulated by the carbon source in budding yeast. ***Cell Cycle*** (2005),4(12) : 1798-1807.  
PMID 16294029; DOI: 10.4161/cc.4.12.2189
  
29. L. Alberghina, [R.L. Rossi](#), D. Porro, M. Vanoni () A modular systems biology analysis of cell cycle entrance into S-phase. In: Alberghina L., Westerhoff H. (eds) Systems Biology. ***Topics in Current Genetics***, vol 13. Springer, Berlin, Heidelberg.  
ISBN 978-3-540-31453-0; DOI: 10.1007/b138746
  
30. M. Vanoni, [R.L. Rossi](#), L. Querin, L. Zinzalla, and L. Alberghina. Glucose modulation of cell size in yeast. ***Biochemical Society Transactions*** (2005),33: 294-296.  
DOI: 10.1042/BST0330294
  
31. L. Alberghina, [R.L. Rossi](#), L. Querin, V. Wanke, and M. Vanoni. A cell sizer network involving Cln3 and Far1 controls entrance into S-phase in the mitotic cycle of budding yeast. ***The Journal of Cell Biology*** (2004), 167(3): 433-443.  
PMID 15520229; DOI: 10.1083/jcb.200405102
  
32. P. Coccetti, [R.L. Rossi \\*](#), F. Sternieri, D. Porro, G.L. Russo, A. Difonzo, F. Magni, M. Vanoni and L. Alberghina. Mutations of the CK2 phosphorylation site of Sic1 affect cell size and S-Cdk kinase activity in *Saccharomyces cerevisiae*. ***Molecular Microbiology*** (2004),51(2): 447-460. \* Co-first  
PMID 14756785; DOI: 10.1046/j.1365-2958.2003.03836.x

33. L. Alberghina, [R.L. Rossi](#), V. Wanke, L. Querin, M. Vanoni. Checking cell size in yeast: a systems biology approach. *Italian Journal of Biochemistry* (2003),52(1): 55-57.  
PMID 12833640

### **Comunicazioni congressuali**

- Identification of serum microRNAs in patients with Lymphangiomyomatosis. Olga Torre, Elisabetta Bulgheroni, Sergio Harari, Riccardo L Rossi, Jens Geginat, Massimiliano Pagani, Sergio Abrignani. European Respiratory Journal 2017 vol. 50 no. suppl 61: PA3851; DOI: 10.1183/1393003.congress-2017.PA3851. Conference: ERS International Congress 2017, Milan, Italy, Sept 9-13, 2017
- A network oriented approach to uncover key drivers in functional modules using genes and microRNA signatures of human lymphocytes subsets. Mazzara S., Pagani M., Abrignani S., Rossi R.L.. Conference: 12th Annual Meeting of the Italian Society of Bioinformatics, BITS2015, Milan, Italy, June 3-5, 2015
- La guarigione mucosale indotta da infliximab si associa ad una down-regolazione dell'asse IL23-Th17 nelle malattie infiammatorie croniche intestinali. Caprioli F, bosè F, Rossi RL, Pagani M, Basilisco G, Viganò C, Ciafardini C, Ferrero S, Botti F, Conte D, Monteleone G, Abrignani S, Reali E. XVIII Congresso Nazionale delle Malattie Digestive 28-31 Marzo 2012, Napoli (Italia). Dig Liver Dis 2012; 44 (Suppl II):S68 (OC.06.1)
- In vivo Adr1 promoter binding studied with a hormone inducible system. Riccardo L. Rossi, Elton T. Young. Department of Biochemistry, University of Washington, Box 357350, Seattle WA 98195. Conference: 2006 Yeast genetics and Molecular Biology Meeting, Princeton University, Princeton, NJ, USA. July 25-30, 2006
- Molecular and computational analysis of a cell sizer network controlling entrance into S phase in budding yeast. Rossi, RL; Querin, L; Paleari, S; Giorgilli, A; Vanoni, M; Alberghina, L. Conference: 21st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Gothenburg, Sweden, July 07-12, 2003
- Far1 is a component of the cell sizer mechanism involved in the G1/S transition in vegetatively growing S-cerevisiae cells. Vanoni, M; Querin,; Rossi, RL; Wanke, V Alberghina, L. Conference: 21st International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Gothenburg, Sweden, July 07-12, 2003

Data

24 Agosto 2021

Luogo

COMUN NUOVO (BG)