


## INFORMAZIONI PERSONALI



## Russo Giulia

 Via Sacerdote Salvatore Penturo n.36, 95014 Giarre (Italia)

 (+39) 095 7384254

 giulia.russo@unict.it

 <https://www.linkedin.com/in/giulia-russo/>

Sesso Femminile | Data di nascita 11/01/1986 | Nazionalità Italiana

ESPERIENZA  
PROFESSIONALE

01/03/2019–alla data attuale

**POST-DOC RESEARCHER**

Università degli Studi Di Catania, Dipartimento di Scienze del Farmaco, Catania (Italia)

Attività di ricerca: “*Computational Modeling Of The Immune System - Mycobacterium Tuberculosis - Vaccine dynamics - Antibiotics MoA*”.

Attività di ricerca finanziata da fondi provenienti dal programma HORIZON 2020 – European Commission – STriTuVaD – (777123).

01/02/2018–alla data attuale

**WORK PACKAGE LEADER, progetto STriTuVaD (777123), programma HORIZON 2020**

Università degli Studi Di Catania, Catania (Italia)

Attività di ricerca: “COMPUTATIONAL MODELLING OF THE IS-TBC VACCINE DYNAMICS”.

01/2015–10/2015

**RESEARCH ASSISTANT**

Università degli Studi di Catania, Dipartimento di Scienze del Farmaco, Catania (Italia)

- Attività di ricerca in campo biomedico computazionale all'interno del gruppo di ricerca del Prof. Francesco Pappalardo.

- Collaborazione scientifica con il National Head of Stem Cells and Immunotherapies della Oxford University e relativa pubblicazione dei risultati ottenuti tramite riviste scientifiche del settore.

- Studio bibliografico e analisi della letteratura scientifica relativa al campo della modellistica bio-computazionale.

- Interpretazione di dati e meeting scientifici in ambito interdisciplinare.

## ISTRUZIONE E FORMAZIONE

11/2015–12/2018

**Dottorato In Basic and Applied Biomedical Sciences**

Dipartimento di Scienze Biomediche e Biotecnologiche, Università degli Studi di Catania, Catania (Italia)

2008–2014

**Laurea Specialistica in Farmacia**

Università degli Studi Di Catania, Catania (Italia)

Titolo tesi finale: "Progettazione e sintesi di clusters C- mannosidici su scaffolds dendrimerici poliamidoaminici come inibitori di interazioni carboidrato-proteina"

2004–2008 **Laurea Triennale in Informazione Scientifica sul Farmaco (ISF)**

Università degli Studi di Catania, Catania (Italia)

Titolo tesi finale: "Nuovi approcci terapeutici per la prevenzione del tromboembolismo venoso (TEV)"

## COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre italiano

Lingue straniere

	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Letture	Interazione	Produzione orale	
inglese	B2	C2	C1	B1	C1
	Certificate Cambridge Key English Test (KET) Certificate Cambridge Preliminary English Test (PET)				
francese	B1	C1	A2	A2	B2
tedesco	A2	B2	A1	A1	B1

Livelli: A1 e A2: Utente base - B1 e B2: Utente autonomo - C1 e C2: Utente avanzato  
Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue

Patente di guida B

## ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni selezionate

### JOURNALS

[1] T. Musumeci, A. Bonaccorso, C. Carbone; G. Russo; F. Pappalardo, and G. Puglisi. Design and optimization of PEGylated nanoparticles intended for Berberine Chloride delivery. Journal of Drug Delivery Science and Technology, 2019. (<https://doi.org/10.1016/j.jddst.2019.05.012>).

[2] L. Pasquinucci, R. Turnaturi, G. Calò, F. Pappalardo, F. Ferrari, G. Russo, E. Arena, L. Montenegro, S. Chiechio, O. Prezzavento, and C. Parenti. (2s)-n-2-methoxy-2-phenylethyl-6,7-benzomorphan compound (2s-lp2): Discovery of a biased mu/delta opioid receptor agonist. European Journal of Medicinal Chemistry, 2019. (doi:10.1016/j.ejmech.2019.02.043).

[3] S. Candido, G. A. Parasiliti Palumbo, M. Pennisi, G. Russo, Giuseppe Sgroi, V. Di Salvatore, M. Libra, and F. Pappalardo. EpiMethEx: a tool for large-scale integrated analysis in methylation hotspots linked to genetic regulation. BMC Bioinformatics, 2018. (doi:10.1186/s12859-018-2397-6).

[4] F. Gianì, G. Russo, M. Pennisi, L. Sciacca, F. Frasca, F. Pappalardo. Computational modeling reveals MAP3K8 as mediator of resistance to vemurafenib in thyroid cancer stem cells. Bioinformatics, 2018. (doi:10.1093/bioinformatics/bty969).

[5] F. Pappalardo, G. Russo, F. Musuamba Tshinanu, M. Viceconti. In silico clinical trials: concepts and early adoptions. Briefings in Bioinformatics, 2018. (doi:10.1093/bib/bby043).

[6] M. Pennisi, G. Russo, S. Ravalli, F. Pappalardo. Combining agent based-models and virtual screening techniques to predict the best citrus-derived vaccine adjuvants against Human Papillomavirus. BMC Bioinformatics, 2017 (doi:10.1186/).

[7] G. Russo, M. Pennisi, R. Boscarino, F. Pappalardo. Continuous Petri Nets and microRNA analysis

in melanoma. *IEEE/ACM Transactions of Computational Biology and Bioinformatics*, 2017 (doi:10.1109/TCBB.2017.2733529).

[8] M. A. Ragusa, G. Russo. ODEs approaches in modeling fibrosis: Comment on "Towards a unified approach in the modeling of fibrosis: A review with research perspectives" by Martine Ben Amar and Carlo Bianca. *Phys Life Rev*, 2016 May 12, pii: S1571-0645(16)30027-6 (doi: 10.1016/j.plev.2016.05.012).

[9] F. Pappalardo, E. Fichera, N. Papparone, A. Lombardo, M. Pennisi, G. Russo, M. Leotta, F. Pappalardo, A. Pedretti, F. De Fiore, S. Motta. A computational model to predict the immune system activation by citrus derived vaccine adjuvants. *Bioinformatics*, 32(17):2672–2680, 2016 (doi:10.1093/bioinformatics/btw293).

[10] M. Pennisi, G. Russo, V. Di Salvatore, S. Candido, M. Libra, F. Pappalardo. Computational modeling in melanoma for novel drug discovery. *Expert Opinion on Drug Discovery*, 11(6):609–621, apr 2016 (doi:10.1080/17460441.2016.1174688).

[11] F. Pappalardo, G. Russo, S. Candido, M. Pennisi, S. Cavaliere, S. Motta, J.A. McCubrey, F. Nicoletti, M. Libra. Computational Modeling of PI3K/AKT and MAPK Signaling Pathways in Melanoma Cancer. *PLoS ONE*, 11(3):e0152104, mar 2016 (doi:10.1371/journal.pone.0152104).

[12] M. Pennisi, G. Russo, S. Motta, and F. Pappalardo. Agent based modeling of the effects of potential treatments over the blood-brain barrier in multiple sclerosis. *Journal of Immunological Methods*, 427:6–12, 2015 (doi:10.1016/j.jim.2015.08.014).

[13] F. Gullo, M. van-der Garden, M. Pennisi, G. Russo, S. Motta, F. Pappalardo, S. Watt. A Computational modeling of the expansion of human cord blood CD133<sup>+</sup>hematopoietic stem/progenitor cells with different cytokine combinations. *Bioinformatics*, 31 (15): 2514-2522, 2015 (doi:10.1093/bioinformatics/btv172).

[14] F. Pappalardo, D. Flower, G. Russo, M. Pennisi, S. Motta. Computational modeling approaches to vaccinology. *Pharmacological Research*, 2014 (doi:10.1016/j.phrs.2014.08.006).

[15] F. Chiacchio, M. Pennisi, G. Russo, S. Motta, and F. Pappalardo. Agent based modeling of the immunesystem: NetLogo, a promising framework. *BioMedResearch International*, 2014 (doi:10.1155/2014/907171).

[16] F. Castiglione, F. Pappalardo, C. Bianca, G. Russo, and S. Motta. Modeling biology spanning different scales: An open challenge. *BioMed Research International*, 2014 (doi:10.1155/2014/902545).

#### CONFERENCE PROCEEDINGS

[1] G. Parasiliti, M. Pennisi, P. Biondi, G. Sgroi, G. Russo, C. Napoli, and F. Pappalardo. A MapReduce based tool for the analysis and discovery of novel therapeutic targets. In *IEEE 27th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (IEEE PDP 2019)*, volume to appear, 2019. (doi:10.1109/PDP.2019.00054).

[2] M. Beccuti, P. Cazzaniga, M. Pennisi, D. Besozzi, M. S. Nobile, S. Pernice, G. Russo, A. Tangherloni, F. Pappalardo. GPU Accelerated Analysis of Treg-Teff Cross Regulation in Relapsing-Remitting Multiple Sclerosis. *Euro-Par 2018: Parallel Processing Workshops. Euro-Par 2018. Lecture Notes in Computer Science*, vol 11339. Springer, Cham, 2018.

[3] G. Russo, G. Zhang. Computational modeling approach to suggest possible therapeutic interventions in spinal muscular atrophy. In *2nd International Workshop on Computational Methods for the Immune System Function (CMISF 2018)*, *IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM 2018)*, volume to appear, 2018. (doi:10.1109/BIBM.2018).

[4] F. Pappalardo, G. Russo, M. Pennisi, G. Sgroi, G. A. Parasiliti Palumbo, F. Chiacchio, S. Motta, D. Maimone. Agent based modeling of relapsing multiple sclerosis: a possible approach to predict treatment outcome. In 2nd International Workshop on Computational Methods for the Immune System Function (CMISF 2018), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM 2018), volume to appear, 2018. (doi:10.1109/BIBM.2018).

[5] F. Pappalardo, G. Russo, M. Pennisi, G. Sgroi, G. A. Parasiliti Palumbo, S. Motta, E. Fichera. An agent based modeling approach for the analysis of tuberculosis - immune system dynamics. In 2nd International Workshop on Computational Methods for the Immune System Function (CMISF 2018), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM 2018), volume to appear, 2018. (doi:10.1109/BIBM.2018).

[6] M. Pennisi, G. Russo, F. Pappalardo. Combining Parallel Genetic Algorithms and Machine Learning to improve the research of optimal vaccination protocols. In IEEE 26th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (IEEE PDP 2018), pages 399–405, 2018. (doi:10.1109/PDP2018.2018.00070).

[7] M. Pennisi, G. Forzano, G. Russo, B. Tomasello, M. Favetta, M. Renis, F. Pappalardo. BIOESOnet: A Tool for the Generation of Personalized Human Metabolic Pathways from 23andMe Exome Data. In 14th International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2018), Lecture Notes in Computer Science, volume 10955 LNCS, pages 345–352, 2018. (doi:10.1007/978-3-319-95933-7\_42).

[8] S. Candido, G. Parasiliti Palumbo, G. Russo, L. Falzone, G. Leonardi, F. Pappalardo, M. Libra. DNA methylation and gene expression in melanoma: A large-scale integrated analysis. In Proceedings of the American Association for Cancer Research Annual Meeting 2018, volume Cancer Research 78(13 Suppl):Abstract nr 5305, 2018. (doi:10.1158/1538-7445.AM2018-5305).

[9] M. Pennisi, G. Russo, J. Sanchez-Lantaron, P.A. Reche, and F. Pappalardo. Optimization and analysis of vaccination schedules using Simulated Annealing and Agent Based Models. In 1st International Workshop on Computational Methods for the Immune System Function (CMISF 2017), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM 2017), pages 1455–1460, 2017. (doi:10.1109/BIBM.2017.8217877).

[10] J. Sanchez-Lantaron, G. Russo, M. Pennisi, F. Pappalardo, P.A. Reche. Introducing scale factor adjustments on agent-based simulations of the immune system. In 1st International Workshop on Computational Methods for the Immune System Function (CMISF 2017), IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM 2017), pages 1461–1468, 2017. (doi:10.1109/BIBM.2017.8217878).

[11] G. Russo, M. Pennisi, R. Boscarino, F. Pappalardo. Modeling PI3K/PDK1/Akt and MAPK Signaling Pathways using Continuous Petri Nets. In 13rd International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2017), Lecture Notes in Computer Science, volume 10362 LNCS, pages 169–175, 2017 (doi:10.1007/978-3-319-63312-1\_15).

[12] M. Pennisi, G. Russo, G. Sgroi, G. Parasiliti, F. Pappalardo. 2DIs: a SBML compliant web platform for the design and modeling of immune system interactions. In 13rd International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2017), Lecture Notes in Computer Science, volume 10362 LNCS, pages 145–154, 2017 (doi:10.1007/978-3-319-63312-1\_13).

#### BOOK CHAPTERS

[1] M. Gómez Perosanz, G. Russo, J. L. Sanchez-Trincado Lopez, M. Pennisi, P. A. Reche, A. Shepherd, F. Pappalardo. Computational immunogenetics. In Reference Module in Life Sciences, pages –. Elsevier, 2018. ISBN: 978-0-12-809633-8. (doi:10.1016/B978-0-12-809633-8.20452-4).

Lgs. 196/2003 e all'art. 13 del Regolamento UE 2016/679 relativo alla protezione delle persone fisiche con riguardo al trattamento dei dati personali.