

Curriculum Vitae

Francesco Pappalardo, PhD

Attività Didattica

- Dipartimento di Scienze del Farmaco, Università di Catania, Italia.
 - 2009–ad oggi: Professore del corso di Informatica per il CdLM in Chimica e Tecnologie □Farmaceutiche.
 - 2012–ad oggi: Professore del corso di Informatica per il CdL in Scienze Erboristiche e dei prodotti nutraceutici.
 - 2012–ad oggi: Professore del corso di Informatica per la Scuola di Specializzazione in Farmacia Ospedaliera.
 - 2006–2010: Professore del corso di Matematica.
- Dipartimento di Scienze Chirurgiche, Trapianti d'Organo e Tecnologie Avanzate, Università di □Catania, Italia. □
 - 2012–ad oggi: Professore del corso di Informatica per la Scuola di Specializzazione in Patologia Clinica.
- Dipartimento di Matematica e Informatica, Università di Catania, Italia;
 - 17 Novembre 2003 - 17 Febbraio 2004: Contratto di collaborazione esterna per il miglioramento dell'attività formativa di servizi di didattica integrativa nel Corso di Laurea in Informatica. Corso di recupero di Algoritmi 1;
 - 2002–2003: Algoritmi Genetici e Memetici per il corso di Intelligenza Artificiale;
 - Settembre 2001 – Gennaio 2002: Tutor del corso: Corsi di Formazione in Informatica da parte del Centro Orientamento e Formazione dell'Università di Catania a favore dei dipendenti della Provincia Regionale di Catania;
 - 2001–2002: Algoritmi Genetici per il corso di Intelligenza Artificiale;
 - 2001–2002: Corso di Applicazioni dell'Intelligenza Artificiale;
- CNOSFAP - Centro Nazionale Opere Salesiane, Catania, Italia. □
 - Professore del corso: Sistemista di Rete Multiplatforma, Maggio - Dicembre 2011;□

- Professore del corso: Sistemista di Rete Multiplatforma, Maggio - Dicembre 2010; □
- Professore del corso: Sistemista di Rete Multiplatforma, Maggio - Dicembre 2008; □
- Professore del corso: Sistemista di Rete Multiplatforma, Maggio - Dicembre 2007; □
- Professore del corso: Tecnico Linux: installatore reti e webmaster, Maggio - Dicembre 2006;
- Professore del corso: Web engineering: sistemista nelle tecnologie web, 1-5 Luglio, 2002;
- Liceo Scientifico Statale Leonardo (Giarre, Catania, Italia).
 - Aprile - Maggio 2009 - Professore del corso: Bioinformatica, Obiettivo C, azione 1, Commissione Europea - Fondo Sociale Europeo (FSE) e Piano Operativo Nazionale Italiano (PON) - progetto numero C-1-FSE-2008-1862;
 - Aprile - Maggio 2008 - Professore del corso: Linux e software open source, Obiettivo C, azione 1, Commissione Europea - Fondo Sociale Europeo (FSE) e Piano Operativo Nazionale Italiano (PON) - progetto numero C-1-FSE-2007-2373; □
 - Aprile - Maggio 2008 - Professore del corso: Bioinformatica, Obiettivo C, azione 1, Commissione Europea - Fondo Sociale Europeo (FSE) e Piano Operativo Nazionale Italiano (PON) - progetto numero C-1-FSE-2007-2373.
- Provincia Regionale di Caltanissetta (Caltanissetta, Italia) - Università di Catania (Catania, Italia). Tutor del progetto: Programma per la realizzazione del progetto di sostegno didattico e di orientamento, a favore degli studenti fuori sede, residenti nei paesi della zona Sud della Provincia, sottoscritto dal legale rappresentante dell'ente ed il Preside della Facoltà di Lettere dell'Università di Catania, 13 Dicembre 2002 – 28 Febbraio 2003.

Attività Organizzativa

- SCUOLE E CONFERENZE ORGANIZZATE:
 - Grid Open Days on New Frontiers in Drug Discovery: Models & Grid Computing, 22-23 Gennaio 2009, Catania, Italy.
 - 1st Immunomics Summer School, 24 Agosto - 3 Settembre 2007, Catania, Italy. □ VISITING INTERNAZIONALI: □ • Cancer Vaccine Center, Dana-Farber Cancer Institute, Harvard University. Boston, USA. 2008. • Laboratorio di Immunogenetica Molecolare, Montpellier, Francia. 2006.
- ORGANIZZAZIONI DI CONVEGNI/COMMISSIONI DI PROGRAMMA DI CONFERENZE ED EDITORIALI:
 - Lead Guest Editor for the Special Issue on “Computational and Bioinformatics Techniques for Immunology”, BioMed Research International Journal.
 - Lead Guest Editor for the Special Issue on “Immune system modeling and related pathologies”, Computational and Mathematical Methods in Medicine Journal.
 - Membro della Program Committee for the 2007 IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (<http://www.cs.kent.edu/~volkert/CIBCB07/>).
 - Membro della Program committee di International Conference on Intelligent Computing (2007-oggi). (<http://www.ic-ic.org/>).
 - Membro della Program Committee di InCoB2012 - 11th International Conference on Bioinformatics. (<http://www.incob2012.org/>).
 - Membro della Program Committee di Immunoinformatics and Computational Immunology Work- shop (ICIW2012), in conjunction with the ACM International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (ACM-BCB).
 - Membro della Program Committee di IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology 2013 (CIBC 2013).
 - Membro della Program Committee di InCoB2013 - 12th International Conference on Bioinformatics. (<http://ictbi.imed-cn.org/incob2013/>).
 - Membro della Program Committee di Fourth Immunoinformatics and Computational Immunology Workshop (ICIW2013), in conjunction with the ACM International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (ACM-BCB).

Attività Scientifica

- PROGETTI DI RICERCA:

- Membro del Board di IMMUNOGRID, European Commission Project (STREP: FP6-2004-IST-4, CONTRACT No 028069).
- Membro di PI2S2, Progetto per l'Implementazione e lo Sviluppo di una e-Infrastruttura in Sicilia basata sul paradigma della Grid, progetto PON. □6
- Partecipante al progetto INDAM-GNFM-Young Researchers Project-prot.n.43-Mathematical Modelling for the Cancer-Immune System Competition Elicited by a Vaccine.
- Partecipante al progetto MUSS (Mobilità Urbana ed Intraurbana Sostenibile e Sicura) - Bando 2008 relativo ai Programmi di Ricerca e Sviluppo - Azione strategica di Innovazione Industriale Mobilità Sostenibile (art.1 della legge 27 dicembre 2006), finanziato dal Ministero dello Sviluppo Economico e dall'Unione Europea. (Settembre 2012 - Marzo 2013). □

- APPARTENENZE:

- Valutatore Europeo per il Settimo Programma Quadro (EC-FP7).
- Revisore per la Valutazione di progetti per conto del Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca.
- Editore di "PLoS ONE" (<http://www.plosone.org/>).
- Editore di "BMC Immunology" (<http://www.biomedcentral.com/bmcimmunol/>).
- Editore di "The Open Bioinformatics Journal." (<http://www.benthamscience.com/open/tobioij/>).
- Editore di "ISRN Bioinformatics" (<http://www.hindawi.com/isrn/bioinformatics/>).
- Editore di "The Open Applied Informatics Journal" (<http://www.bentham.org/open/toainfoj/>).

□

- REVISORE SCIENTIFICO PER:

- Artificial Intelligence in Medicine
- The Journal of Supercomputing

- Pattern Recognition
 - Bioinformatics
 - PLoS ONE
 - Nature Scientific Reports
 - Journal of Bioinformatics and Computational Biology
 - IEEE Transactions on Neural Networks
 - Mini Reviews in Medicinal Chemistry
 - The Open Vaccine Journal
 - International meeting on computational intelligence methods for bioinformatics and biostatistics
 - International Conference on Intelligent Computing
 - IEEE Symposium on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology
 - IEEE International Joint Conference on Neural Networks
 - International Conference on Artificial Intelligence and Soft Computing ICAISC
 - Expert Opinion On Drug Discovery
 - Applied Mathematics and Computation
 - Journal of Mathematics and Statistics
 - Journal of Biomedicine and Biotechnology
- RICONOSCIMENTI:
 - Gennaio 2009: ImmunoGrid prize for excellence 2008.
 - Ottobre 2008: Feature Commentary, International Atherosclerosis Society (<http://www.athero.org>).
 - Luglio 2008: Feature Article, Shape Society (<http://www.shapesociety.org>).
- INVITI A SEMINARI:
 - 2010 “Computational Models: a Concrete Help to Biology and Medicine”, School of Life Sciences - School of Engineering, Ecole Polytechnique Federale de Lausanne (EPFL), Lausanne, Switzerland.

- “ImmunoGrid Simulator Tutorial”, Grid Open Days on New frontiers in Drug Discovery: Models & Grid Computing, Department of Physics, University of Catania, Catania, Italy.
- “ImmunoGrid Tutorial”, Sixth International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2009), Genova, Italy.
- 2008 “Mathematical/Computational Models: a concrete help to Medicine and Biology”, Il carcinoma della mammella: la recidiva loco-regionale, Catania, Italy.
- 2008 “Modeling immune system”, Dana-Farber Cancer Vaccine Center, Boston, USA.
- 2008 “Systems biology: modeling artificial immunity”, Grid Open Day, Agrarian Faculty, University of Catania, Catania, Italy.

Pubblicazioni ultime cinque anni

Pubblicazioni su riviste

1. C. Calonaci, F. Chiacchio, and F. Pappalardo. Optimal vaccination schedule search using genetic algorithm over mpi technology. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, page to appear, 2013.
2. C. Bianca, F. Chiacchio, F. Pappalardo, and M. Pennisi. Mathematical modeling of the immune system recognition to mammary carcinoma antigen. *BMC Bioinformatics*, page to appear, 2012. doi:10.1186/1471-2105-13-S17-S21. □9
3. S. Motta and F. Pappalardo. Mathematical modeling of biological systems. *Briefings in Bioinformatics*, page advanced access, 2012. doi:10.1093/bib/bbs061.
4. F. Pappalardo, A. Palladini, M. Pennisi, F. Castiglione, and S. Motta. Mathematical and computational models in tumor immunology. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 7(3):186–203, 2012. doi:10.1051/mmnp/20127312.
5. F. Castiglione, S. Motta, F. Pappalardo, and M. Pennisi. A modeling framework for immune-related diseases. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, 7(3):40–48, 2012. doi:10.1051/mmnp/20127304.
6. D. Alemani, F. Pappalardo, M. Pennisi, S. Motta, and V. Brusici. Combining cellular automata and lattice Boltzmann method to model multiscale avascular tumor growth coupled with nutrient diffusion and immune competition. *Journal of Immunological Methods*, 376(1-2):55–68, 2012. doi: 10.1016/j.jim.2011.11.009.

7. F. Pappalardo, I.M. Forero, M. Pennisi, A. Palazon, I. Melero, and S. Motta. SimB16: Modeling induced immune system response against B16-melanoma. *PLoS ONE*, 6(10), 2011. doi:10.1371/journal.pone.0026523.
8. A. Astolfi, P.-L. Lollini, S. Motta, and F. Pappalardo. Current issues in tumor immunology. *Current Bioinformatics*, 5(3):164–175, 2010. doi:10.2174/157489310792006684.
9. M. Pennisi, F. Pappalardo, A. Palladini, G. Nicoletti, P. Nanni, P.-L. Lollini, and S. Motta. Modeling the competition between lung metastases and the immune system using agents. *BMC Bioinformatics*, 11(SUPPL. 7), 2010. doi:10.1186/1471-2105-11-S7-S13.
10. A. Palladini, G. Nicoletti, F. Pappalardo, A. Murgo, V. Grosso, V. Stivani, M.L. Ianzano, A. An-tognoli, S. Croci, L. Landuzzi, C. De Giovanni, P. Nanni, S. Motta, and P.-L. Lollini. In silico modeling and in vivo efficacy of cancer-preventive vaccinations. *Cancer Research*, 70(20):7755–7763, 2010. doi:10.1158/0008-5472.CAN-10-0701.
11. M. Halling-Brown, F. Pappalardo, N. Rapin, P. Zhang, D. Alemani, A. Emerson, F. Castiglione, P. Duroux, M. Pennisi, O. Miotto, D. Churchill, E. Rossi, D.S. Moss, C.E. Sansom, M. Bernaschi, M.-P. Lefranc, S. Brunak, O. Lund, S. Motta, P.-L. Lollini, A. Murgo, A. Palladini, K.E. Basford, V. Brusica, and A.J. Shepherd. Immunogrid: towards agent-based simulations of the human immune system at a natural scale. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 368(1920):2799–2815, 2010. doi:10.1098/rsta.2010.0067.
12. F. Pappalardo, M.-P. Lefranc, P.-L. Lollini, and S. Motta. A novel paradigm for cell and molecule interaction ontology: From the CMM model to IMG-T-ONTOLOGY. *Immunome Research*, 6(1), 2010. doi:10.1186/1745-7580-6-1.
13. F. Pappalardo, M. Pennisi, F. Castiglione, and S. Motta. Vaccine protocols optimization: In silico experiences. *Biotechnology Advances*, 28(1):82–93, 2010. doi:10.1016/j.biotechadv.2009.10.001.
14. M. Pennisi, R. Catanuto, F. Pappalardo, S. Motta, E. Mastriani, and A. Cincotti. Simulated annealing and optimal protocols. *Journal of Circuits, Systems and Computers*, 18(8):1565–1579, 2009. doi:10.1142/S0218126609005770.
15. M. Pennisi, F. Pappalardo, P. Zhang, and S. Motta. Searching of optimal vaccination schedules. *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, 28(4):67–72, 2009. doi:10.1109/MEMB.2009.932919. □10
16. F. Pappalardo, M.D. Halling-Brown, N. Rapin, P. Zhang, D. Alemani, A. Emerson, P. Paci, P. Duroux, M. Pennisi, A. Palladini, O. Miotto, D. Churchill, E. Rossi, A.J. Shepherd, D.S. Moss, F. Castiglione, M. Bernaschi, M.-P. Lefranc, S. Brunak, S. Motta, P.-L. Lollini, K.E. Basford, and V. Brusica. Immunogrid, an integrative

- environment for large-scale simulation of the immune system for vaccine discovery, design and optimization. *Briefings in Bioinformatics*, 10(3):330–340, 2009. doi:10.1093/bib/bbp014.
17. C. Bianca, F. Pappalardo, and S. Motta. The MWF method for kinetic equations system. *Computers and Mathematics with Applications*, 57(5):831–840, 2009. doi:10.1016/j.camwa.2008.09.018.
18. M. Musumeci, F. Pappalardo, G. Tonolo, F. Torrisi, F. Gullo, and S. Musumeci. Effect of LDL-apheresis on plasma lipids, chitotriosidase and anti-oxLDL antibodies in heterozygous familial hypercholesterolemia. *Journal of Biomedical Science and Engineering*, 2(7):499–505, 2009. doi:10.4236/jbise.2009.27072.
19. F. Pappalardo, P. Zhang, M. Halling-Brown, K. Basford, A. Scalia, A. Shepherd, D. Moss, S. Motta, and V. Brusica. Computational simulations of the immune system for personalized medicine: state of the art and challenges. *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine*, 6(4):260–271, 2008. doi:10.2174/187569208786733839.
20. M. Pennisi, R. Catanuto, F. Pappalardo, and S. Motta. Optimal vaccination schedules using simulated annealing. *Bioinformatics*, 24(15):1740–1742, 2008. doi:10.1093/bioinformatics/btn260.
21. F. Pappalardo, S. Musumeci, and S. Motta. Modeling immune system control of atherogenesis. *Bioinformatics*, 24(15):1715–1721, 2008. doi:10.1093/bioinformatics/btn306.

Capitoli di libro

1. F. Castiglione, P.-L. Lollini, S. Motta, A. Palladini, F. Pappalardo, and M. Pennisi. Computational models as novel tools for cancer vaccines. In A. D’Onofrio, P. Cerrai, and A. Gandolfi, editors, *New Challenges for Cancer Systems Biomedicine*, pages 231–252. Springer Series, 2012. ISBN: 9788847025707.
2. F. Pappalardo and F. Chiacchio. GRID Computing and Computational Immunology. In H.S. Lopes and L.M. Cruz, editors, *Computational Biology and Applied Bioinformatics*, pages 223–228. InTech, 2011. ISBN: 9789533076294.
3. S. Musumeci, F. Pappalardo, and J. Simporé. Sexual Risk Behavior for HIV and other sexual diseases in Burkina Faso and structure of a sexual contact network. In L. Passero and C. Sgariglia, editors, *Sexual Risk Behaviors*, pages 125–135. Nova Publisher, 2011. ISBN: 9781607412274.
4. S. Motta, P.-L. Lollini, and F. Pappalardo. Modelling Vaccine Protocols. In R. Hosking and E. Venturino, editors, *Aspects of Mathematical Modelling*, pages 195–210. Birkhauser, 2008. ISBN: 9783764385903.
5. P.-L. Lollini, A. Palladini, F. Pappalardo, and S. Motta. Predictive models in tumor immunology. In N. Bellomo, M. Chaplain, and E. De Angelis, editors, *Selected*

topics on cancer modeling: genesis - evolution - immune competition - therapy, pages 363–384. Birkhauser, 2008. ISBN: 9780817647124.

6. G. Nicoletti, A. Palladini, A. Murgo, A. Antognoli, S. Crosi, F. Pappalardo, S. Motta, and P.-L. Lollini. Translational immunomics of cancer immunoprevention. In A. Falus and V. Brusica, editors, *Clinical Applications of Immunomics*, pages 253–268. Springer, 2008. ISBN: 9780387792071.

Publicazioni su conferenze

1. F. Pappalardo and S. Motta. Modeling cancer vaccines. In *IEEE Sixth International Conference on Complex, Intelligent and Software Intensive Systems (CISIS 2012)*, pages 615–617, 2012. doi: 10.1109/CISIS.2012.13.
2. M. Pennisi, D. Motta, A. Cincotti, and F. Pappalardo. Predicting long-term vaccine efficacy against metastases using agents. In *7th International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2011)*, volume 6840 LNBI, pages 97–106, 2011. doi:10.1007/978-3-642-24553-4_15.
3. M. Pennisi, F. Pappalardo, F. Chiacchio, and S. Motta. A model of cytotoxic t antitumor activation stimulated by pulsed dendritic cells. In *9th International Conference of Numerical Analysis and Applied Mathematics (ICAAM 2011)*, volume 1389, pages 1236–1239, 2011. doi: 10.1063/1.3637840.
4. M. Pennisi, C. Bianca, F. Pappalardo, and S. Motta. Compartmental mathematical modeling of immune system - melanoma competition. In *Proceedings of the 11th International Conference on Mathematical Methods in Science and Engineering (CMMSE 2011)*, pages 930–934, 2011.
5. F. Pappalardo, M. Pennisi, F. Chiacchio, A. Cincotti, and S. Motta. GRIDUISS - A grid based universal immune system simulator framework. In *6th International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2010)*, volume 6215 LNCS, pages 285–290, 2010. doi:10.1007/978-3-642-14922-1_36. □
6. F. Pappalardo, M. Pennisi, A. Cincotti, F. Chiacchio, S. Motta, and P.-L. Lollini. Cancer immunoprevention: what can we learn from in silico models? In *6th International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2010)*, volume 93 CCIS, pages 111–118, 2010. doi:10.1007/978-3-642-14831-6_15.
7. F. Pappalardo, M. Halling-Brown, M. Pennisi, F. Chiacchio, C.E. Sansom, A.J. Shepherd, D.S. Moss, S. Motta, and V. Brusica. The immunogrid simulator: how to use it. In *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics 6th International Meeting (CIBB 2009)*, volume 6160 LNBI, pages 1–19, 2010. doi:10.1007/978-3-642-14571-1_1.
8. F. Pappalardo, M. Pennisi, and S. Motta. Universal Immune System Simulator framework (UISS). In *Proceedings of the First ACM International Conference on*

- Bioinformatics and Computational Biology (ACM-BCB 2010), pages 649–650, 2010. doi:10.1145/1854776.1854900.
9. M. Pennisi, C. Bianca, F. Pappalardo, and S. Motta. Modeling artificial immunity against mammary carcinoma. In Proceedings of the 10th International Conference on Mathematical Methods in Science and Engineering (CMMSE 2010), pages 753–756, 2011.
 10. Pappalardo, A. Cincotti, A. Motta, and M. Pennisi. Agent based modeling of atherosclerosis: a concrete help in personalized treatments. In 5th International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2009), volume 5755 LNAI, pages 386–396, 2009. doi:10.1007/978-3-642-04020-7_41.
 11. M. Pennisi, F. Pappalardo, and S. Motta. Agent based modeling of lung metastasis-immune system competition. In 8th International Conference (ICARIS 2009), volume 5666 LNCS, pages 1–3, 2009. doi:10.1007/978-3-642-03246-2_1.
 12. F. Castiglione and F. Pappalardo. Toward multi-organs simulations of immune-pathogen interactions. In ISDA 2009 - 9th International Conference on Intelligent Systems Design and Applications, pages 330–334, 2009. doi:10.1109/ISDA.2009.119.
 13. F. Pappalardo, C. Calonaci, M. Pennisi, E. Mastriani, and S. Motta. HAMFAST: Fast hamming distance computation. In 2009 IEEE WRI World Congress on Computer Science and Information Engineering, CSIE 2009, volume 1, pages 569–572, 2009. doi:10.1109/CSIE.2009.223.
 14. F. Pappalardo, M. Pennisi, E. Mastriani, and S. Motta. Grid-based atherosclerosis simulations. In Proceedings of the Final Workshop of Grid Projects, PON Ricerca 2000-2006, no. 1575, pages 396–402, 2009.
 15. M. Pennisi, F. Pappalardo, E. Mastriani, F. Chiacchio, and S. Motta. A biological optimization problem on the Grid. In Proceedings of the Final Workshop of Grid Projects, PON Ricerca 2000-2006, no. 1575, pages 403–410, 2009.
 16. E. Mastriani, M. Halling-Brown, E. Giorgio, F. Pappalardo, and S. Motta. P2SI2-ImmunoGrid services integration: a working example of web based approach. In Proceedings of the Final Workshop of Grid Projects, PON Ricerca 2000-2006, no. 1575, pages 438–445, 2009.
 17. F. Pappalardo, M. Pennisi, E. Mastriani, and S. Motta. Grid-based atherosclerosis simulations. In Proceedings of the Final Workshop of Grid Projects, PON Ricerca 2000-2006, no. 1575, pages 396–402, 2009.
 18. F. Pappalardo, F. Gullo, R. Catanuto, E. Mastriani, M. Pennisi, S. Musumeci, and S. Motta. Agent based modeling of humoral response to atherogenesis. In Fifth International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2008), 2008.

