

CURRICULUM VITAE – Giorgio Grillo

Giorgio Grillo si è laureato in Scienze dell'Informazione nel 1993 presso l'Università degli Studi di Bari Aldo Moro con una tesi nell'ambito del Calcolo Parallelo applicato agli Algoritmi per l'analisi di sequenze biologiche.

Ha iniziato a collaborare dal 1994 con il gruppo di Bioinformatica del CNR di Bari nello sviluppo di software per Genomica e Trascrittomica e nel 2001 è diventato Tecnologo del CNR presso Istituto di Tecnologie Biomediche (ITB) sede di Bari.

Le attività di ricerca di maggior rilievo sono: disegno, sviluppo e gestione di database biologici specializzati, punti di riferimento a livello internazionale (UTRdb/UTRsite, MitoNuc/MitoRes, p53FamTag e PlantPis); sviluppo di metodologie e implementazione di algoritmi per l'analisi e l'annotazione funzionale delle sequenze biologiche, ampiamente utilizzati dalla comunità scientifica (CleanUp, PatSearch, CSTminer e GeneUp). Negli ultimi anni ha intrapreso lo studio e la messa a punto di sistemi per la gestione, integrazione e annotazione strutturale/funzionale di dati "omici" prodotti dalle piattaforme di Next Generation Sequencing (NGS). Si è specializzato nella costruzione di complesse pipeline/workflow in molteplici ambiti di analisi e nell'implementazione di Web Applications e Web Tools. Ha partecipato a numerosi progetti di ricerca sia nazionali che internazionali ed è autore/coautore di circa 40 articoli su riviste internazionali nel settore della Bioinformatica.

Competenze in Bioinformatica: progettazione e implementazione di algoritmi e pipeline per l'analisi bioinformatica; progettazione e sviluppo di database bioinformatici e applicazioni per la loro gestione; realizzazione di Web application e Web server per workflow bioinformatici; analisi di dati di Genomica, Trascrittomica e Metagenomica, in particolare da dati prodotti da tecnologie di Next-Generation Sequencing (NGS).

ESPERIENZE PROFESSIONALI

Da Marzo 2001: Di ruolo nel Consiglio Nazionale delle Ricerche in qualità di Tecnologo di III Livello presso l'Istituto di Tecnologie Biomediche – Sezione di Bari.

Aprile 2000 – Settembre 2000: Area della Ricerca C.N.R. of Bari, Bari (Italy). Contratto per Gestore software dell'Infrastruttura Bioinformatica allocata presso l'Area della Ricerca CNR di Bari.

Aprile 1999 – Marzo 2000: Post-doc fellowship nel progetto "Reduced Complexity cDNA Probes" finanziato dal National Institute of Health (NIH) nell'ambito di una collaborazione tra il Sidney Kimmel Cancer Center – San Diego CA, USA e l'Area di Ricerca C.N.R. di Bari.

Maggio 1996 – Maggio 1999: Contratto di lavoro autonomo, coordinato e continuativo per il Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare dell'Università degli Studi di Bari nell'ambito del progetto di ricerca dell'Unione Europea dal titolo "Methods and Software for Evolutionary Analysis of Genome Sequence Data" (n. BIO4-CT95-0130).

Marzo 1995 – Febbraio 1996: Assegnatario della borsa di studio del Progetto Finalizzato INGEGNERIA GENETICA del Consiglio Nazionale delle Ricerche, nell'ambito della tematica "Tecnologia del DNA ricombinante", svolta presso il Centro Studio sui Mitochondri e Metabolismo Energetico C.N.R. di Bari.

Gennaio 1993 – Gennaio 1995: Collaborazione con l'Area di Ricerca del C.N.R. di Bari per supporto tecnico alla gestione dei sistemi informatici per ricerche nel campo della Biologia Molecolare.

Novembre 1989 – Aprile 1991: Impiegato presso la ditta di consulenza e progettazione di impianti telefonici R.B.M. s.a.s. come responsabile del Settore Informatico e sviluppo software.

Gennaio 1987 – Dicembre 1988: Collaborato con la Società INFORMED s.c.r.l. di Bari per la realizzazione di pacchetti software e per lo svolgimento di attività didattiche effettuate dalla Società per conto dell'Assessorato alla Formazione Professionale.

ATTIVITA DIDATTICA

Febbraio 1995: Docenza al Master in "Media & Information Technology" organizzato dalla Elea S.p.A. Formazione e Consulenza - Ente di Formazione - Gruppo Olivetti, tenutosi a Bari presso la struttura del CNR-IRMA.

Novembre 2007: Docenza relative al modulo di Bioinformatica in merito al progetto: "Tecnico Superiore per le Applicazioni Informatiche" cofinanziato dalla Regione Puglia - Complemento di Programmazione - asse III - Risorse Umane - mis. 3.7 - "Formazione Superiore" Azione C), organizzato da Consorzio CARSO - Centro di Addestramento alla Ricerca Scientifica Oncologica, Valenzano (BA).

Luglio 2008: Docente nel corso di formazione Progetto Strategico Regionale PS-012, nell'ambito dell'Accordo di Programma Quadro "Ricerca Scientifica" Intervento Progetti Strategici per il Corsi di formazione Progetto Strategico PST_01, organizzato dal Università degli Studi Centro di Ricerca Interdipartimentale BIOAGROMED – Foggia.

Maggio 2009 - Luglio 2009: Docente nel Ciclo di Seminari nell'ambito del Progetto di Ricerca e Formazione Lab.8 "Laboratorio pubblicoprivato di bioinformatica applicata alla genomica" (DM19410 Ricerca "Laboratorio di Bioinformatica per la Biodiversità Molecolare" e Formazione "Formazione avanzata di Ricercatori Esperti di Bioinformatica per lo studio della Biodiversità Molecolare"), organizzato da Università Telematica Guglielmo Marconi – Roma.

PARTECIPAZIONE A PROGETTI

2015 - 2018: progetto FISM - Fondazione Italiana Sclerosi Multipla "High-throughput investigation of Multiple Sclerosis associated infectious agents by unbiased cDNA deep sequencing".

2011 - 2015: progetto MIUR PON_01 "VIRTUALAB - Sistemi Avanzati di Meccatronica Biomedicale di Diagnosi e Terapia Medica basati su Realtà Virtuale e Aumentata, Microelettronica, e su Laboratori robotizzati ad elevato throughput".

2011 - 2015: progetto MIUR PON_01 "MICROMAP - Sviluppo di una piattaforma tecnologica multiplex per diagnostica molecolare, portatile ed automatizzata, basata sulla logica strumentale del Lab-on-chip, in grado di consentire applicazioni multiparametriche in campo infettivologico".

2012 - 2014: progetto Bandiera MIUR InterOmics "Sviluppo di una piattaforma integrata per l'applicazione delle scienze 'omiche' alla definizione dei biomarcatori e profili diagnostici, predittivi, e teranostici".

Ottobre 2006 - Maggio 2010: progetto Regione Puglia "Progetto Strategico Regione Puglia - Ricerca e Sviluppo di nuovi strumenti Bioinformatici e Biotecnologici per l'analisi del Profilo di Espressione genica e proteica del Cancro e per l'identificazione di marcatori biologici per la diagnosi precoce delle neoplasie colo-rettali, renali e del Cavo Orale".

Dicembre 2008 - Dicembre 2010: BioBancOncologicaPugliese (BioBOP): Network per l'utilizzo di tessuti oncologici controllati e caratterizzati per lo sviluppo di nuovi approcci diagnostici, farmacologici e biomedicali.

Novembre 2006 - Dicembre 2012: MBLab: Laboratorio pubblico-privato di Bioinformatica per la Biodiversità Molecolare MIUR-FAR.

Settembre 2005 - Settembre 2011: LIBI: International Laboratory for Bioinformatics

Febbraio 2005 - Gennaio 2010: EMBRACE : A European Model for Bioinformatics Research and Community Education. Progetto Europeo del VI Programma Quadro: Network of Excellence.

Gennaio 2003 - Luglio 2007: Bioinformatica per la Genomica e Proteomica MIUR-FIRB.

Gennaio 2003 – Gennaio 2007: BIG: Potenziamento delle Infrastrutture per la Bioinformatica e la Genomica PON 2000-2006 Azione a della Misura II.1.

Luglio 2001 – Luglio 2004: Study of p53 gene family and identification of new transactivated genes by Bioinformatics and Microarray approaches Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro (AIRC).

Aprile 2000 – Aprile 2006: Studio di geni di interesse biomedico e agroalimentare Piani di Potenziamento delle Rete Scientifica e Tecnologica MURST Cluster L.488/92.

PUBBLICAZIONI

- Giorgio Grillo, Marcella Attimonelli, Sabino Liuni and Graziano Pesole (1996). CLEANUP: a fast computer program for removing redundancies from nucleotide sequence databases CABIOS, 12, 1-8.
- Graziano Pesole, Giorgio Grillo and Sabino Liuni (1996). Databases of mRNA untranslated regions for metazoan. Computer And Chemistry, 20, 141-144.
- Graziano Pesole, Sabino Liuni, Giorgio Grillo, Cecilia Saccone (1997). Structural and compositional feature of untranslated regions of eukaryotic mRNAs. GENE, 1997, 205, 95 – 102.
- Graziano Pesole, Sabino Liuni, Giorgio Grillo and Cecilia Saccone (1998). UTRdb: a specialized database of 5'- and 3'- untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Nucleic Acid Research, 26, 192-195.
- G. Pesole, S. Liuni, G. Grillo, P. Belichard, T. Trenkle and M. McClelland (1998). GeneUP: A Program to Select Short PCR Primer Pairs that Occur in Multiple Member of Sequence Lists. Biotechniques, 25(1):112-7, 120-3.
- Graziano Pesole, Sabino Liuni, Giorgio Grillo, Matilde Ippedico, Alessandra Larizza, Wojciech Makalowski and Cecilia Saccone (1999). UTRdb: a specialized database of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Nucleic Acid Research, 27(1):188-91.
- Graziano Pesole, Carmela Gissi, Domenico Catalano, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Marcella Attimonelli and Cecilia Saccone (2000). MitoNuc and MitoAln: two related databases of nuclear genes coding for mitochondrial proteins. Nucleic Acid Research, 28(1):163-165.
- Graziano Pesole, Sabino Liuni, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Alessandra Larizza, Wojciech Makalowski and Cecilia Saccone (2000) UTRdb and UTRsite: specialized databases of sequences and functional elements of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Nucleic Acid Research, 28(1):193-196.
- Graziano Pesole, Carmela Gissi, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Cecilia Saccone (2000). Analysis of oligonucleotide AUG start codon context in eukaryotic mRNAs. Gene, 261: 85 – 91.
- Graziano Pesole, Giorgio Grillo, Alessandra Larizza and Sabino Liuni (2000). The untranslated regions of eukaryotic mRNAs: Structure, function, evolution and bioinformatic tools for their analysis. Briefings in Bioinformatics, 3, 236 – 249.
- Graziano Pesole, Flavio Mignone, Carmela Gissi, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni (2001). Structural and functional features of eukaryotic mRNA untranslated regions. Gene, 276, 73-81.
- Marcella Attimonelli, Domenico Catalano, Carmela Gissi, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Monica Santamaria, Graziano Pesole and Cecilia Saccone (2002). MitoNuc: a database of nuclear genes coding for mitochondrial proteins. Update 2002. Nucleic Acid Research, 30(1):172-173.
- Graziano Pesole, Sabino Liuni, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Flavio Mignone, Carmela Gissi and Cecilia Saccone (2002). UTRdb and UTRsite: specialized databases of sequences and functional elements of 5' and 3' untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Update 2002. Nucleic Acid Research, 30(1):335-340.
- Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Elisabetta Sbisà and Graziano Pesole (2003). PatSearch: a program for the detection of patterns and structural motifs in nucleotide sequences. Nucleic Acid Research, 31(13): 3608–3612
- Flavio Mignone, Giorgio Grillo, Sabino Liuni and Graziano Pesole (2003). Computational identification of protein coding potential of conserved sequence tags through cross-species evolutionary analysis. Nucleic Acid Research, 31(15): 4639–4645
- Tiziana Castrignanò, Alessandro Canali, Giorgio Grillo, Sabino Liuni and Graziano Pesole (2004). CSTminer: a web tool for the identification of coding and noncoding conserved sequence tags through cross-species genome comparison. Nucleic Acid Research, 32: W624-W627.
- Gisel A, Panetta M, Grillo G, Licciulli VF, Liuni S, Saccone C, Pesole G. (2004). DNAfan: a software tool for automated extraction and analysis of user-defined sequence regions. Bioinformatics, 20(18):3676-9.
- Mignone F, Grillo G, Licciulli F, Iacono M, Liuni S, Kersey PJ, Duarte J, Saccone C, Pesole G. (2005). UTRdb and UTRsite: a collection of sequences and regulatory motifs of the untranslated regions of eukaryotic mRNAs. Nucleic Acid Research, 33 (Database issue):D141-6.

- Matteo R , Flavio Mignone, Michele Iacono, Giorgio Grillo, Sabino Liuni , Graziano Pesole (2006). UTRdb and UTRsite: a collection of sequences and regulatory motifs of the untranslated regions of eukaryotic mRNAs. *Gene*, 365:35-40.
- Castrignano T, De Meo PD, Grillo G, Liuni S, Mignone F, Talamo IG, Pesole G. (2006). GenoMiner: a tool for genome-wide search of coding and non-coding conserved sequence tags. *Bioinformatics*, 22(4):497-9.
- Catalano D, Licciulli F, Turi A, Grillo G, Saccone C, D'Elia D. (2006). MitoRes: a resource of nuclear-encoded mitochondrial genes and their products in Metazoa. *BMC Bioinformatics*, 7(1):36.
- Domenico Catalano, Flavio Licciulli, Antonio Turi, Giorgio Grillo, Cecilia Saccone, Domenica D'elia (2006). What the MitoRes Database Provides and How to Use It. *Mitomat*, 5(1):3-5.
- Paolo D'Onorio De Meo, Danilo Carrabino, Nico Sanna, Tiziana Castrignano, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Matteo Re, Flavio Mignone, Graziano Pesole (2007). A high performance grid-web service framework for the identification of 'conserved sequence tags'. *Future Generation Computer Systems*, 23:371–381.
- Elisabetta Sbis , Domenico Catalano, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Antonio Turi, Sabino Liuni, Graziano Pesole, Anna De Grassi, Mariano Francesco Caratozzolo, Anna Maria D'Erchia, Beatriz Navarro, Apollonia Tullo, Cecilia Saccone and Andreas Gisel (2007). p53FamTaG: a database resource of human p53, p63 and p73 direct target genes combining in silico prediction and microarray data. *BMC Bioinformatics*, 8(Suppl 1):S20.
- Mignone F, Anselmo A, Donvito G, Maggi GP, Grillo G, Pesole G. (2008). Genome-wide assessment of coding and non-coding conserved sequence tags in human and mouse genomes. *BMC Genomics*, 9:277.
- Antonio Turi, Corrado Loglisci, Eliana Salvemini, Giorgio Grillo, Donato Malerba and Domenica D'Elia (2009). Computational annotation of UTR cis-regulatory modules through Frequent Pattern Mining. *BMC Bioinformatics*, 10(Suppl 6):S25.
- Maria Mirto et al. (Giorgio Grillo) (2009). The LIBI Grid Platform for Bioinformatics. *Handbook of Research on Computational Grid Technologies for Life Sciences, Biomedicine, and Healthcare*, DOI:10.4018/978-1-60566-374-6.ch029.
- Giorgio Grillo, Antonio Turi, Flavio Licciulli, Flavio Mignone, Sabino Liuni, Sandro Banfi, Vincenzo Alessandro Gennarino, David S. Horner, Giulio Pavesi, Ernesto Picardi and Graziano Pesole (2010). UTRdb and UTRsite (RELEASE 2010): a collection of sequences and regulatory motifs of the untranslated regions of eukaryotic mRNAs. *Nucleic Acids Res.* 38(Database issue):D75-80.
- Arianna Consiglio, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Luigi R. Ceci, Sabino Liuni, Nicola Losito, Mariateresa Volpicella, Raffaele Gallerani and Francesca De Leo, (2011). PlantPIs--an interactive web resource on plant protease inhibitors. *Current Protein and Peptide Science*, 2, 448-454.
- Arianna Consiglio, Massimo Carella, Giorgio De Caro, Gianfranco Delle Foglie, Candida Giovannelli, Giorgio Grillo, Massimo Ianigro, Flavio Licciulli, Orazio Palumbo, Ada Piepoli, Elena Ranieri, Sabino Liuni (2012). BEAT: Bioinformatics Exon Array Tool to store, analyze and visualize Affymetrix GeneChip Human Exon Array data from disease experiments. *BMC Bioinformatics*, 13(Suppl 4):S21.
- Paolo Pannarale, Domenico Catalano, Giorgio De Caro, Giorgio Grillo, Pietro Leo, Graziano Pappad , Francesco Rubino, Gaetano Scioscia, Flavio Licciulli (2012). GIDL: a rule based expert system for GenBank Intelligent Data Loading into the Molecular Biodiversity database. *BMC Bioinformatics*, 13(Suppl 4):S4.
- Monica Santamaria*, Bruno Fosso*, Arianna Consiglio, Giorgio De Caro, Giorgio Grillo, Flavio Licciulli, Sabino Liuni, Marinella Marzano, Daniel Alonso-Aleman, Gabriel Valiente and Graziano Pesole (2012). Reference databases for taxonomic assignment in metagenomics. *Brief Bioinform.* 13(6):682-95.
- Matteo Giulietti, Giorgio Grillo, Sabino Liuni and Graziano Pesole (2015). A Guideline for the Annotation of UTR Regulatory Elements in the UTRsite Collection. *Methods in Molecular Biology*, 21:339-348.
- Consiglio A.; Mencar C.; Grillo G.; Liuni S. (2016). Managing NGS differential expression uncertainty with fuzzy sets. *Lecture Notes in Computer Science*. Volume 9874 LNCS, 42-53.
- Arianna Consiglio, Corrado Mencar, Giorgio Grillo, Flaviana Marzano, Mariano Francesco Caratozzolo, and Sabino Liuni (2016). A fuzzy method for RNA-Seq differential expression analysis in presence of multireads. *BMC Bioinformatics*, 17(Suppl 12): 95–110.
- Puccio, Simone; Grillo, Giorgio; Licciulli, Flavio; Severgnini, Marco; Liuni, Sabino; Biciato, Silvio; De Bellis, Gianluca; Ferrari, Francesco; Peano, Clelia (2017). WoPPER: Web server for Position Related data analysis of gene Expression in Prokaryotes. *Nucleic Acids Res.* 45(W1):W109-W115.

- Santamaria, Monica; Fosso, Bruno; Licciulli, Flavio; Balech, Bachir; Larini, Ilaria; Grillo, Giorgio; De Caro, Giorgio; Liuni, Sabino; Pesole, Graziano (2018). ITSoneDB: a comprehensive collection of eukaryotic ribosomal RNA Internal Transcribed Spacer 1 (ITS1) sequences. *Nucleic Acids Res.* 46(D1):D127-D132.
- Maria Liguori, Nicoletta Nuzziello, Flavio Licciulli, Arianna Consiglio, Marta Simone, Rosa Gemma Viterbo, Teresa Maria Creanza, Nicola Ancona, Carla Tortorella, Lucia Margari, Giorgio Grillo, Paola Giordano, Sabino Liuni and Maria Trojano (2018). Combined microRNA and mRNA expression analysis in pediatric multiple sclerosis: an integrated approach to uncover novel pathogenic mechanisms of the disease. *Hum Mol Genet.* 27(1):66-79.
- Balech B, Sandionigi A, Manzari C, Trucchi E, Tullo A, Licciulli F, Grillo G, Sbisà E, De Felici S, Saccone C, D'Erchia AM, Cesaroni D, Casiraghi M, Vicario S. (2018). Tackling critical parameters in metazoan meta-barcoding experiments: a preliminary study based on cox1 DNA barcode. *PeerJ*, 6:e4845. doi:10.7717/peerj.4845.
- Soluri MF, Puccio S, Caredda G, Grillo G, Licciulli VF, Consiglio A, Edomi P, Santoro C, Sblattero D, Peano C. (2018). Interactome-Seq: A Protocol for Domainome Library Construction, Validation and Selection by Phage Display and Next Generation Sequencing. *J Vis Exp.* (140). doi:10.3791/56981.
- Nuzziello N, Craig F, Simone M, Consiglio A, Licciulli F, Margari L, Grillo G, Liuni S, Liguori M (2019). Integrated Analysis of microRNA and mRNA Expression Profiles: An Attempt to Disentangle the Complex Interaction Network in Attention Deficit Hyperactivity Disorder. *Brain Sci.* 2019 Oct 22;9(10):288. doi: 10.3390/brainsci9100288.
- Simone Puccio, Giorgio Grillo, Arianna Consiglio, Maria Felicia Soluri, Daniele Sblattero, Diego Cotella, Claudio Santoro, Sabino Liuni, Gianluca De Bellis, Enrico Lugli, Clelia Peano, Flavio Licciulli, InteractomeSeq: a web server for the identification and profiling of domains and epitopes from phage display and next generation sequencing data, *Nucleic Acids Research*, Volume 48, Issue W1, 02 July 2020, Pages W200–W207, doi:10.1093/nar/gkaa363.