

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di selezione per la chiamata a professore di II fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 18, comma 1, della Legge n. 240/2010 per il settore concorsuale 01/B1 - Informatica, (settore scientifico-disciplinare INF/01 - Informatica) presso il Dipartimento di INFORMATICA "GIOVANNI DEGLI ANTONI", (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 41 del 24/05/2019) - Codice concorso 4037

Paolo Cazzaniga

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI (NON INSERIRE INDIRIZZO PRIVATO E TELEFONO FISSO O CELLULARE)

COGNOME	CAZZANIGA
NOME	PAOLO
DATA DI NASCITA	[05, 09, 1980]

Attività Lavorativa

Febbraio 2011 - Oggi

Ricercatore presso l'Università degli Studi di Bergamo, Dipartimento di Scienze Umane e Sociali

Gennaio 2013 - Dicembre 2014

Ricercatore Associato all'Istituto di Analisi dei Sistemi e Informatica (IASI) - CNR, Roma

Maggio 2010 - Gennaio 2011

Assegnista di Ricerca presso l'Università degli Studi di Milano - Bicocca. Progetto di ricerca dal titolo: "Stochastic and hybrid simulation and analysis of mathematical models of biological systems"

Dicembre 2009 - Febbraio 2010

Collaborazione di Ricerca presso l'Università degli Studi di Milano - Bicocca. Progetto di ricerca dal titolo: "Development of a stochastic simulator for the GPU"

Istruzione e Formazione

Novembre 2006 - Ottobre 2009

Corso di Dottorato in Informatica (XXII Ciclo) presso l'Università degli Studi di Milano - Bicocca. Titolo della tesi: "Stochastic algorithms for biochemical processes". Titolo conseguito il **3 Febbraio 2010** con valutazione **eccellente**

Settembre 2005 - Settembre 2006

Borsista di studio presso l'Università degli Studi di Milano - Bicocca. Titolo del progetto: "Algoritmi biomolecolari per la soluzione di problemi computazionalmente complessi"

Ottobre 2002 - Aprile 2005

Laurea Specialistica in Informatica, Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università degli Studi di Milano - Bicocca. Titolo conseguito il **28 Aprile 2005** con voto **110/110 e Lode**

Ottobre 1999 - Ottobre 2002

Laurea Triennale in Informatica, Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali. Università degli Studi di Milano - Bicocca

Attività didattica**A.A. 2018/2019**

Corso di dottorato: "Introduction to Machine Learning"

Scuola di dottorato in Biostatistica

Università degli Studi di Milano-Bicocca

A.A. 2018/2019

Fondamenti di tecnologie della informazione e della comunicazione (6 CFU)

Corso di Laurea Triennale in Scienze dell'Educazione

Università degli Studi di Bergamo

A.A. 2017/2018

Corso di dottorato: "Fundamentals of Biostatistics"

Scuola di dottorato in Tecnologie Convergenti per i Sistemi Biomolecolari

Università degli Studi di Milano-Bicocca

A.A. 2017/2018 - 2018/2019

Informatica per la Comunicazione (5 CFU)

Corso di Laurea Triennale in Scienze della Comunicazione

Università degli Studi di Bergamo

A.A. 2015/2016 - 2018/2019

Metodi per il trattamento dei dati Sociali (5 CFU)

Corso di Laurea Triennale in Scienze dell'Educazione

Università degli Studi di Bergamo

A.A. 2013/2014 - 2017/2018

Fondamenti di Informatica (5 CFU)

Corso di Laurea Triennale in Scienze Psicologiche

Università degli Studi di Bergamo

A.A. 2011/2012 - 2017/2018

Fondamenti di Informatica (5 CFU)

Corso di Laurea Triennale in Scienze dell'Educazione

Università degli Studi di Bergamo

A.A. 2008/2009

Ciclo di lezioni integrative per il corso di "Algoritmi per la bioinformatica"

Corso di Laurea Magistrale in Genomica Funzionale e Bioinformatica

Università degli Studi di Milano

A.A. 2008/2009

Esercitatore per il corso di “Fondamenti di informatica - Linguaggio Perl”
Corso di Laurea Specialistica in Bioinformatica
Università degli Studi di Milano – Bicocca

A.A. 2008/2009

Tutor LAE per il corso di “Programmazione I”
Corso di Laurea Triennale in Informatica
Università degli Studi di Milano - Bicocca

Supervisione di Studenti

1 Studente di Dottorato in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca
3 Studenti di Laurea Triennale in Biotecnologie Industriali e Ambientali, Università degli Studi di Milano
4 Studenti di Laurea Magistrale in Genomica Funzionale e Bioinformatica, Università degli Studi di Milano
4 Studenti di Laurea Triennale in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca
3 Studenti di Laurea Magistrale in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca
5 Studenti di Laurea Triennale in Informatica, Università degli Studi di Milano
2 Studenti di Laurea Magistrale in Informatica, Università degli Studi di Milano
30 Studenti di Laurea Triennale in Scienze dell'Educazione, Università degli Studi di Bergamo
10 Studenti di Laurea Triennale in Scienze Psicologiche, Università degli Studi di Bergamo
1 Studente di Laurea Triennale in Scienze della Comunicazione, Università degli Studi di Bergamo
1 Studente di Laurea Magistrale in Scienze Pedagogiche, Università degli Studi di Bergamo

Incarichi istituzionali

A.A. 2013/2014 - Oggi

Referente per la compilazione dei piani di studio e per il riconoscimento delle carriere pregresse per il corso di Laurea Triennale in Scienze dell'Educazione, Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo

Giugno 2015 - Oggi

Presidente della commissione dipartimentale per la valutazione della produzione scientifica e la distribuzione dei fondi di ateneo ex-60%. Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo

Ottobre 2018 - Oggi

Membro della commissione Paritetica Docenti-Studenti del Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo

Settembre 2016 - Oggi

Membro della Giunta del Centro per le tecnologie didattiche e la comunicazione dell'Università degli Studi di Bergamo

Maggio 2017 - Ottobre 2018

Membro della Giunta del Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo

Visite all'estero per ricerca

Gennaio 2008 - Luglio 2008

Visita presso il Laboratory for Foundations of Computer Science (LFCS) - Supervisor: Prof. Stephen Gilmore, University of Edinburgh, Scotland

22 Gennaio 2006 - 4 Febbraio 2006

Visita presso il "Department of Computer Science" - Supervisor: Prof. Mario de Jesús Pérez Jiménez, University of Seville, Spain

Attività Scientifica

La mia attività di ricerca si colloca nell'ambito interdisciplinare della Systems Biology. Sono principalmente coinvolto nella definizione di modelli matematici di sistemi biologici e nella simulazione della loro dinamica temporale utilizzando algoritmi di simulazione deterministica, stocastica o ibrida. Mi occupo inoltre di definire e implementare diverse metodologie per l'analisi dei comportamenti emergenti dei sistemi biologici in analisi (ad esempio: parameter sweep analysis, parameter identifiability, sensitivity analysis), sfruttando soluzioni di High Performance Computing, come le Graphics Processing Units (GPUs).

Sono inoltre interessato alla definizione, implementazione ed applicazione di algoritmi evolutivi ai tipici problemi della Systems Biology, come ad esempio la stima delle informazioni sconosciute dei sistemi biologici (ad esempio le concentrazioni molecolari e le costanti cinetiche delle reazioni chimiche), e il reverse engineering delle interazioni logiche tra le componenti di un sistema biologico. Tra gli altri, ho già applicato metodi di Particle Swarm Optimizer, Algoritmi Genetici, Programmazione Genetica.

Attualmente ho delle collaborazioni con:

- Prof.ssa Daniela Besozzi, Università degli Studi di Milano-Bicocca, riguardo alla definizione di metodi di modellazione e simulazione per sistemi complessi;
- Prof. Pietro Liò, University of Cambridge, riguardo alla definizione e sviluppo di metodi di machine learning per il genotype assembly;
- Dr. Carlos F. Lopez, Vanderbilt University, School of Medicine, riguardo allo sviluppo di strumenti di analisi accelerati su GPU per modelli biologici a larga scala;
- Prof. Pier Giuseppe Pelicci, Istituto Europeo di Oncologia (IEO), riguardo alla modellazione e simulazione di popolazioni cellulari di leucemia mieloide acuta;
- Dr. Ferdinando Chiaradonna e Maria Pia Longhese, Università degli Studi di Milano-Bicocca, riguardo all'applicazione di sistemi di modellazione basati su logica Fuzzy per lo studio di sistemi biologici complessi;
- Dr. Renata Tisi, Università degli Studi di Milano-Bicocca, riguardo all'analisi computazionale di processi di omeostasi del calcio in cellule di lievito;
- Prof. Hitoshi Iba, Università di Tokyo, riguardo all'inferenza di reti biochimiche sintetiche;

- Prof. Enzo Martegani, Università degli Studi di Milano-Bicocca, riguardo alla analisi computazionale di percorsi di segnalazione in cellule di lievito.

Partecipazione a Convegni

Relatore presso 7th International Workshop on Membrane Computing, Leiden, The Netherlands, 2006. Titolo dell'intervento: "Tau leaping stochastic simulation method in P systems".

Relatore presso IEEE Congress on Evolutionary Computation, Beijing, China, 2014. Titolo dell'intervento: "A memetic hybrid method for the Molecular Distance Geometry Problem with incomplete information".

Relatore presso IEEE World Congress on Computational Intelligence, Vancouver, Canada, 2016. Titolo dell'intervento: "GPU-powered and settings free parameter estimation of biochemical systems".

Relatore presso the 13th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics, Stirling, UK, 2016. Titolo dell'intervento: "COSYS: Computational Systems Biology infrastructure".

Relatore presso IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, Chiang Mai, Thailand, 2016. Titolo dell'intervento: "GPU-powered Bat Algorithm for the parameter estimation of biochemical kinetic values".

Relatore presso BITS 2017 - 14th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society, Cagliari, Italy, 2017. Titolo dell'intervento: "LASSIE: a GPU-based large-scale simulator of biological systems".

Relatore presso the 26th Euromicro International Conference on Parallel, distributed and network-based Processing, Cambridge, UK, 2018. Titolo dell'intervento: "GPU-powered Multi-Swarm Parameter Estimation of Biological Systems: A Master-Slave Approach".

Premi

2018

Beneficiario del "Fondo per il finanziamento delle attività base di ricerca" (FFABR) istituito dal MIUR

2016

NVIDIA Academic GPU grant. Premio ricevuto da NVIDIA corporation consistente in una GPU Titan X

Direzione di Progetti di Ricerca

Dicembre 2017 - Settembre 2018

Principal Investigator del progetto "FISCo 2.0: Fine-grain and spatial simulations of complex biological systems" - CINECA Italian SuperComputing Resource Allocation (ISCRA)

Aprile 2017 - Ottobre 2017

Principal Investigator del progetto "SPASMO: Spatial Analysis and Simulation of large-scale Models" - CINECA Interdisciplinary Laboratory for Advanced Simulation (LISA)

Febbraio 2017 - Novembre 2017

Principal Investigator del progetto “FISCo: Fine-grain and spatial simulations of complex biological systems” - CINECA Italian SuperComputing Resource Allocation (ISCRA)

Progetti di Ricerca

Gennaio 2013 - Oggi

Membro dell'infrastruttura di ricerca SYSBIO.IT Centre of Systems Biology (www.sysbio.it), nodo italiano di ISBE - Infrastructure Systems Biology Europe

2015 - 2016

Membro del progetto “FiCoS: Fine and coarse-grain simulations of complex biological systems” - Italian SuperComputing Resource Allocation (ISCRA)

2014 - 2015

Membro del progetto “PACoS: Massive parallel analysis of complex biological systems” - CINECA LISA 2014 (Production Projects)

Aprile 2013 - Marzo 2014

Membro del progetto “BioComPLX: a tool for the analysis and reverse engineering of complex biological systems” - IsC10_BioPLX, CINECA ISCRA (Class C Projects)

Febbraio 2007 - Febbraio 2009

Membro del progetto PRIN (Programma di Ricerca Scientifica di Rilevante Interesse Nazionale) project: “Sistemi e calcoli per la descrizione e l'analisi di processi biologici: estensioni quantitative, studio dell'espressività e simulazione (Bisca)”. Coordinatore: Prof. Pierpaolo Degano, Università degli Studi di Pisa.

Maggio 2006 - Maggio 2007

Azione integrata Italia-Spagna - MIUR.

Novembre 2004 - Novembre 2006

Membro del progetto PRIN (Programma di Ricerca Scientifica di Rilevante Interesse Nazionale) project: “Systems Biology: modellazione, linguaggi e analisi (SYBILLA)”. Coordinatore: Prof. Corrado Priami, Università degli Studi di Trento.

Organising Committee

General Chair di 16th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2019), 4-6 Settembre 2019, Bergamo, Italy

Chair dell'Organising Committee della 2nd SYSBIO.IT School on Computational Systems Biology, 4-6 Ottobre 2017, Milano, Italy

Chair dell'Organising Committee della special session: Parallel and distributed high-performance computing solutions in Systems Biology, presso la 26th Euromicro International Conference on Parallel, distributed and network-based Processing, 21-23 Marzo 2018, Cambridge, UK

Membro dell'Organising Committee della special session: **Modeling and simulation methods for Systems Biology and Systems Medicine**, presso CIBB 2017- 14th International Conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 7-9 Settembre 2017, Cagliari, Italy

Chair dell'Organising Committee della special session: Parallel and Distributed High Performance Computing Solutions for Computational Intelligence Methods, presso IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and

Computational Biology (CIBCB 2016), 5-7 Ottobre 2016, Chiang Mai, Thailand

Chair dell'Organising Committee della special session: **Modeling and simulation methods for Systems Biology and Systems Medicine**, presso CIBB 2016 – 13th International Conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 1-3 Settembre 2016, Stirling, UK

Membro dell'Organising Committee di **AAIM 2016 - 11th International Conference on Algorithmic Aspects in Information and Management**, 18-20 Luglio 2016, Bergamo, Italy

Membro dell'Organising Committee della **1st SYSBIO.IT School on Computational Systems Biology**, 8-10 Giugno 2016, Milano, Italy

Membro dell'Organising Committee di **BITS 2015 - Twelfth Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society**, 3-5 Giugno 2015, Milano, Italy

Membro dell'Organising Committee di **DLT 2011 - Developments in Language Theory**, 19-22 Luglio 2011, Milano, Italy

Program Committee

Membro del Program Committee di **ECTA 2019 - 11th International Conference on Evolutionary Computation Theory and Applications**, 17-19 Settembre 2019, Vienna, Austria

Chair del Program Committee di special session: **Parallel and distributed high-performance computing solutions in Systems Biology**, presso la 26th Euromicro International Conference on Parallel, distributed and network-based Processing, 21-23 Marzo 2018, Cambridge, UK

Membro del Program Committee della special session: **Modeling and simulation methods for Systems Biology and Systems Medicine**, presso CIBB 2017 – 14th International Conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 7-9 Settembre 2017, Cagliari, Italy

Chair del Program Committee della special session: **Parallel and Distributed High Performance Computing Solutions for Computational Intelligence Methods**, presso IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB 2016), 5-7 Ottobre 2016, Chiang Mai, Thailand

Chair del Program Committee della special session: **Modeling and simulation methods for Systems Biology and Systems Medicine**, presso CIBB 2016 – 13th International Conference on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, 1-3 Settembre 2016, Stirling, UK

Membro del Program Committee di **ACM-SAC 2017 Conference Track on Bioinformatics**, Marrakech, Morocco, 27-31 Marzo 2017

Membro del Program Committee di **ACM-SAC 2016 Conference Track on Computational Biology and Bioinformatics**, Pisa, Italy, 3-8 Aprile 2016

Membro del Program Committee di **ICANNGA 2013 - 11th International Conference on Adaptive and Natural Computing Algorithms**, Lausanne, Switzerland, 4-6 Aprile 2013

Editorial board

Dicembre 2016 - Gennaio 2019

Membro dell'editorial board della rivista internazionale Neurocomputing, Elsevier. Editors in chief: Prof. Zidong Wang e Prof. Steven Hoi

Attività di Revisione

Revisore per diverse conferenze e riviste internazionali nel campo della Systems Biology, del Soft Computing e del Natural Computing. Membro del board dei revisori del MIUR per i settori ERC LS2_14 (Biological systems analysis, modelling and simulation), PE6_12 (Scientific computing, simulation and modelling tools), LS2_13 (Systems biology)

Pubblicazioni

Journals

- S. Spolaor, M.S. Nobile, G. Mauri, P. Cazzaniga, D. Besozzi, **Coupling mechanistic approaches and Fuzzy Logic to model and simulate complex systems**, IEEE Transactions on Fuzzy Systems, 2019 (in press)
- A. Tangherloni, S. Spolaor, P. Cazzaniga, D. Besozzi, L. Rundo, G. Mauri, M.S. Nobile, **Biochemical parameter estimation vs. benchmark functions: A comparative study of optimization performance and representation design**, Applied Soft Computing, 81, 105494, 2019
- L. Rundo, A. Tangherloni, P. Cazzaniga, M.S. Nobile, G. Russo, M.C. Gilardi, S. Vitabile, G. Mauri, D. Besozzi, C. Militello. **A novel framework for MR image segmentation and quantification by using MedGA**, Computer Methods and Programs in Biomedicine, 176, pp. 159-172, 2019
- A. Tangherloni, S. Spolaor, L. Rundo, M.S. Nobile, P. Cazzaniga, G. Mauri, P. Liò, I. Merelli, D. Besozzi. **GenHap: A novel computational method based on genetic algorithms for haplotype assembly**, BMC Bioinformatics, 20(4), 172, 2019
- M.S. Nobile, T. Vlachou, S. Spolaor, D. Bossi, P. Cazzaniga, L. Lanfrancone, G. Mauri, P.G. Pelicci, D. Besozzi. **Modeling cell proliferation in human acute myeloid leukemia xenografts**. Bioinformatics, btz063, 2019
- L. Rundo, A. Tangherloni, M.S. Nobile, C. Militello, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga. **MedGA: a novel evolutionary method for image enhancement in medical imaging systems**. Expert Systems with Applications, 119, pp. 387-399, 2019
- M.S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, R. Colombo, G. Mauri, G. Pasi. **Fuzzy Self-Tuning PSO: A settings-free algorithm for global optimization**. Swarm and Evolutionary Computation, 30, pp. 70-85, 2018
- M.S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri. **ginSODA: massive parallel integration of stiff ODE systems on GPUs**. Journal of Supercomputing, 2018
- L.A. Harris, M.S. Nobile, J.C. Pino, A.L.R. Lubbock, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga*, C.F. Lopez. **GPU-powered model analysis with PySB/cupSODA**. Bioinformatics, 2017
- A. Tangherloni, M.S. Nobile, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga. **LASSIE: simulating large-scale models of biochemical systems on GPUs**. BMC Bioinformatics, 2017
- M.S. Nobile, A.E. Porreca, S. Spolaor, L. Manzoni, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Besozzi. **Efficient simulation of reaction systems on Graphics Processing Units**. Fundamenta Informaticae, 154, pp. 1-4, 2017
- M.S. Nobile, P. Cazzaniga†, A. Tangherloni, D. Besozzi. **Graphics Processing Units in Bioinformatics, Computational Biology and Systems Biology**. Briefings in Bioinformatics, 2016
- A. Tangherloni, M.S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri. **Gillespie's Stochastic Simulation Algorithm on MIC coprocessors**. Journal of Supercomputing, pp. 1-11, 2016
- P. Cazzaniga, C. Damiani, D. Besozzi, R. Colombo, M.S. Nobile, D. Gaglio, D. Pescini, S. Molinari, G. Mauri, L. Alberghina, M. Vanoni. **Computational Strategies for a System-Level**

Understanding of Metabolism. Metabolites, 4(4), 2014

P. Cazzaniga, M. S. Nobile, D. Besozzi, M. Bellini, G. Mauri. **Massive exploration of perturbed conditions of the blood coagulation cascade through GPU parallelization.** BioMed Research International - High-Performance Computing and Big Data in Omics-based Medicine, Article ID 863298, 2014

M. S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri. **GPU-accelerated simulations of mass-action kinetics models with cupSODA.** The Journal of Supercomputing, 69(1), pp. 17-24, 2014

M. S. Nobile, P. Cazzaniga†, D. Besozzi, D. Pescini, G. Mauri. **cuTauLeaping: a GPU-powered Tau-leaping Stochastic Simulator for Massive Parallel Analyses of Biological Systems.** PLoS ONE, 9(3): e91963, 2014

F. Amara, R. Colombo, P. Cazzaniga, D. Pescini, A. Csikász-Nagy, M. Muzi Falconi, D. Besozzi, P. Plevani. **In vivo and in silico analysis of PCNA ubiquitylation in the activation of the Post Replication Repair pathway in S. cerevisiae.** BMC Systems Biology 7:24, 2013

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri, S. Colombo, E. Martegani. **The role of feedback control mechanisms on the establishment of oscillatory regimes in the Ras/cAMP/PKA pathway in S. cerevisiae.** EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology 2012:10, 2012

D. Pescini, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri, L. Amigoni, S. Colombo, E. Martegani. **Simulation of the Ras/cAMP/PKA pathway in budding yeast highlights the establishment of stable oscillatory states.** Biotechnology Advances, 30(1), pp. 99-107, 2012

D. Besozzi, P. Cazzaniga, S. Cocolo, G. Mauri, D. Pescini. **Modeling diffusion in a signal transduction pathway: the use of virtual volumes in P systems.** International Journal of Foundations of Computer Science, 22(1), pp. 89-96, 2011

A. Leporati, D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, C. Ferretti. **Computing with energy and chemical reactions.** Natural Computing, 9(2), pp. 493-512, 2010

D. Besozzi, N. Busi, P. Cazzaniga, C. Ferretti, A. Leporati, G. Mauri, D. Pescini, C. Zandron. **(Tissue) P systems with cell polarity.** Mathematical Structures in Computer Science, 19(6), pp. 1141-1160, 2009

P. Cazzaniga, D. Pescini, D. Besozzi, G. Mauri, S. Colombo, E. Martegani. **Modeling and stochastic simulation of the Ras/cAMP/PKA pathway in the yeast Saccharomyces cerevisiae evidences a key regulatory function for intracellular guanine nucleotides pools.** Journal of Biotechnology, 133(3), pp. 377-385, 2008

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri. **Modelling metapopulations with stochastic membrane Systems.** BioSystems, 91(3), pp. 499-514, 2008

M. Muskulus, D. Besozzi, R. Brijder, P. Cazzaniga, S. Houweling, D. Pescini, G. Rozenberg. **Cycles and communicating classes in membrane systems and molecular dynamics.** Theoretical Computer Science, 372(2-3), pp. 242-266, 2007

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri. **Seasonal variance in P system models for metapopulations.** Progress in Natural Science, 17(4), pp. 392-400, 2007

†co-first author, *co-corresponding author

Book Chapters

P. Cazzaniga, M.S. Nobile, A. Tangherloni, D. Besozzi. **Accelerating stochastic simulations of mechanistic models of biological systems: Advantages and issues in the parallelization on Graphics Processing Units.** In Quantitative Biology: Computational Methods and Examples, Brian Munsky, William Hlavacek, Lev Tsimring (Eds.), 2018

M.S. Nobile, D. Cipolla, P. Cazzaniga, D. Besozzi. **GPU-powered evolutionary design of mass-action based models of gene regulation.** In: Evolutionary Algorithms in Gene Regulatory Network Research (H. Iba, N. Noman eds.), Wiley, 2016

D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Pescini. **Modeling and Analysis of Cellular Processes**

with Dynamical Probabilistic P Systems: Questions, Methods and Results. In Multidisciplinary Creativity (M. Gheorghe, I. Petre, M.J. Pérez-Jiménez, G. Rozenberg, A. Salomaa eds.), 40-51, Spandugino, 2015

P. Cazzaniga, D. Besozzi, D. Pescini, G. Mauri. **Molecular diffusion and compartmentalization in signal transduction pathways: an application of membrane systems to the study of bacterial chemotaxis.** In: Applications of Membrane Computing in Systems and Synthetic Biology (M. Gheorghe, P. Frisco, M. Pérez-Jiménez eds.), Emergence, Complexity and Computation, Springer, Vol. 7, 65-96, 2014

P. Cazzaniga, M. Gheorghe, N. Krasnogor, G. Mauri, D. Pescini, F.J. Romero-Campero. **Probabilistic/stochastic models.** In: The Oxford Handbook of Membrane Computing, (G. Păun, G. Rozenberg, A. Salomaa, eds.), Oxford University Press, 2009

Contributed Volumes

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri. **A multivolume approach to stochastic modelling with membrane systems.** In: Algorithmic Bioprocesses, (A. Condon, D. Harel, J.N. Kok, A. Salomaa, E. Winfree, eds.), Natural Computing Series, Springer-Verlag, 519-542, 2009

Conference Proceedings

M.S. Nobile, T. Vlachou, S. Spolaor, P. Cazzaniga, G. Mauri, P.G. Pelicci, D. Besozzi, **ProCell: Investigating cell proliferation with Swarm Intelligence,** 16th IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB 2019), Certosa di Pontignano, Italy, 2019 (accepted)

M.S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Ashlock, **Dilation functions in Global Optimization,** IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2019), Wellington, New Zealand, 2019 (accepted)

A. Tangherloni, L. Rundo, S. Spolaor, M.S. Nobile, I. Merelli, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga, P. Liò, **High Performance Computing for Haplotyping: Models and Platforms.** European Conference on Parallel Processing, LNCS, 11339, 650-661, 2019

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.** European Conference on Parallel Processing, LNCS, 11339, 626-637, 2019

M.S. Nobile, A. Tangherloni, L. Rundo, S. Spolaor, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga. **Computational intelligence for parameter estimation of biochemical systems.** IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2018), 1-8, 2018

A. Tangherloni, L. Rundo, S. Spolaor, P. Cazzaniga, M.S. Nobile. **GPU-Powered Multi-Swarm Parameter Estimation of Biological Systems: A Master-Slave Approach.** 26th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed and Network-based Processing (PDP), 2018

S. Spolaor, A. Tangherloni, L. Rundo, M.S. Nobile, P. Cazzaniga. **Reboot strategies in particle swarm optimization and their impact on parameter estimation of biochemical systems.** Proceedings of IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB2017), Manchester (UK), 2017

D. Ramazzotti, M.S. Nobile, P. Cazzaniga, G. Mauri, M. Antoniotti. **Parallel implementation of efficient search schemes for the inference of cancer progression models,** Proceedings of IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB2016), Chiang Mai (Thailand), 2016

A. Tangherloni, M.S. Nobile, P. Cazzaniga. **GPU-powered Bat Algorithm for the parameter estimation of biochemical kinetic values,** Proceedings of IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB2016), Chiang Mai (Thailand), 7 2016

F. Cumbo, M.S. Nobile, C. Damiani, R. Colombo, G. Mauri, P. Cazzaniga. **COSYS: Computational Systems Biology infrastructure,** 13th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB2016), Stirling

(UK), 2016

A. Re, G. Caravagna, D. Pescini, M.S. Nobile, P. Cazzaniga. **Approximate simulation of chemical reaction systems with micro, meso and macro-scales**, 13th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB2016), Stirling (UK), 2016

M.S. Nobile, A. Tangherloni, D. Besozzi, P. Cazzaniga. **GPU-powered and settings-free parameter estimation of biochemical systems**, IEEE World Congress on Computational Intelligence 2016, Vancouver (Canada), 2016

A. Tangherloni, P. Cazzaniga, M.S. Nobile, D. Besozzi, G. Mauri. **Deterministic simulations of large-scale models of cellular processes accelerated on Graphics Processing Units**, 12th International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB2015), Naples (Italy), 2015

P. Cazzaniga, M.S. Nobile, D. Besozzi. **The impact of particles initialization in PSO: parameter estimation as a case in point**, 2015 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, August 12-15, Niagara Falls, (Canada), 2015

M.S. Nobile, G. Pasi, P. Cazzaniga, D. Besozzi, R. Colombo, G. Mauri. **Proactive particles in swarm optimization: a self-tuning algorithm based on fuzzy logic**, Proceedings of the 2015 IEEE International Conference on Fuzzy Systems (FUZZ-IEEE 2015), Istanbul (Turkey), pp. 1-8, 2015

P. Cazzaniga, F. Ferrara, M.S. Nobile, D. Besozzi, G. Mauri. **Parallelizing biochemical stochastic simulations: a comparison of GPUs and Intel Xeon Phi coprocessors**, Proceedings of the 13th International Conference on Parallel Computing Technologies (PaCT 2015), Petrozavodsk (Russia). V. Malyshev (Ed.). Lecture Notes in Computer Science. Vol. 9251, pp. 363-374, 2015

M.S. Nobile, A.G. Citrolo, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri. **A memetic hybrid method for the Molecular Distance Geometry Problem with incomplete information**. 2014 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2014), 1014-1021, 2014

M. Bellini, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, M.S. Nobile. **Simulation and analysis of the blood coagulation cascade accelerated on GPU**. PDP2014 - Special Session "Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology", 12-14 February 2014, Torino, Italy

D. Besozzi, G. Caravagna, P. Cazzaniga, M.S. Nobile, D. Pescini, A. Re. **GPU-powered simulation methodologies for biological systems**. Proceedings of Wivace 2013 - Italian Workshop on Artificial Life and Evolutionary Computation (A. Graudenzi, G. Caravagna, G. Mauri and M. Antonietti, eds.), EPTCS 130, 87-91, 2013

M.S. Nobile, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri. **The foundation of Evolutionary Petri Nets**. Proceedings of the 4th International Workshop on Biological Processes & Petri Nets (BioPPN 2013), a satellite event of PETRI NETS 2013 (G. Balbo and M. Heiner, eds.), CEUR Workshop Proceedings Vol. 988, 60-74, 2013

M.S. Nobile, D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri. **Reverse engineering of kinetic reaction networks by means of Cartesian Genetic Programming and Particle Swarm Optimization**. IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2013), 1594-1601, 2013

M.S. Nobile, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Pescini. **cupSODA: a CUDA-powered simulator of mass-action kinetics**. Proceedings of 12th International Conference on Parallel Computing Technologies (PaCT 2013) (V. Malyshev, ed.), LNCS 7979, 344-357, 2013

M.S. Nobile, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Pescini. **Estimating reaction constants in stochastic biological systems with a multi-swarm PSO running on GPUs**. Proceedings of the fourteenth International Conference on Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion. ACM New York, NY, USA, GECCO Companion '12, 1421-1422, 2012

M.S. Nobile, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Pescini. **A GPU-based multi-swarm PSO method for parameter estimation in stochastic biological systems exploiting discrete-time target series**. Evolutionary Computation, Machine Learning and Data Mining in Bioinformatics (M. Giacobini, L. Vanneschi, W.S. Bush, eds.), LNCS 7246, 74-85, 2012

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri, S. Colombo, E. Martegani. **Investigating oscillatory regimes in the Ras/cAMP/PKA pathway in *S. cerevisiae*: the role of feedback control mechanisms**. Eighth International Workshop on Computational Systems Biology, WCSB 2011, June 6-8, 2011, Zürich, Switzerland, (H. Koeppl, J. Acimovic, J. Kesseli, T. Mäki-Marttunen, A. Larjo, O. Yli-Harja, eds.), TICSP Series #57, 33-36, 2011

D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Pescini. **BioSimWare: a software for the modeling, simulation and analysis of biological systems**. Membrane Computing, 11th International Conference, CMC 2010, Jena, Germany, August 24-27, 2010. Revised Selected Papers, (M. Gheorghe, T. Hinze, G. Păun, G. Rozenberg, A. Salomaa, eds.), LNCS 6501, 119-143, 2010

D. Besozzi, P. Cazzaniga, D. Pescini, G. Mauri. **An analysis on the influence of network topologies on local and global dynamics of metapopulation systems**. Applications of Membrane Computing, Concurrency and Agent-based Modelling in Population Biology (AMCA-POP 2010) (P. Milazzo, M.J. Pérez-Jiménez, eds.), EPTCS 33, 1-17, 2010

E. Mosca, P. Cazzaniga, D. Pescini, I. Merelli, G. Mauri, L. Milanese. **Stochastic simulations on a grid framework for parallel sweep applications in biological models**. HiBi09 - High Performance Computational Systems Biology Workshop, 14-16 October 2009 - Trento, Italy

P. Cazzaniga, G. Mauri, L. Milanese, E. Mosca, D. Pescini. **A novel variant of tissue P systems for the modelling of biochemical systems**. Proceedings of the 10th International Workshop on Membrane Computing, WMC 2009 (G. Paun, M.J. Perez-Jimenez, A. Riscos-Nunez, G. Rozenberg, A. Salomaa, eds.), LNCS 5957, 210-226, 2010

D. Besozzi, P. Cazzaniga, M. Dugo, D. Pescini, G. Mauri. **A study on the combined interplay between stochastic fluctuations and the number of flagella in bacterial chemotaxis**. Proceedings of CompMod2009 - 2nd International Workshop on Computational Models for Cell Processes (R.J. Back, I. Petre, E. de Vink, eds.), EPTCS 6, 47-62, 2009

P. Cazzaniga, D. Pescini, L. Vanneschi, D. Besozzi, G. Mauri. **A Comparison of Genetic Algorithms and Particle Swarm Optimization for Parameter Estimation in Stochastic Biochemical Systems**, Proceedings of EvoBio 2009, LNCS 5483, 116-127, 2009

D. Pescini, P. Cazzaniga, C. Ferretti, G. Mauri. **First steps towards a wet implementation for tau-DPP**. 9th International Workshop, WMC 2008 (D. Corne et al. Eds.), LNCS 5391, 355-373, 2009

P. Cazzaniga, D. Pescini, D. Besozzi, G. Mauri. **Tau leaping stochastic simulation method in P systems**. 7th International Workshop, WMC 2006 (H.J. Hoogeboom, G. Paun, G. Rozenberg, A. Salomaa, eds.), LNCS 4361, 298-313, 2006

P. Cazzaniga, A. Leporati, G. Mauri, C. Zandron, **P Systems with Memory**, 6th International Workshop, WMC 2005, Vienna, Austria, July 18-21, 2005, Revised Selected and Invited Papers, (R. Freund, Gh. Paun, G. Rozenberg, A. Salomaa, eds.), LNCS 3850, 165-180, 2006

Data

21/06/2019

Luogo

Lomagna (LC)