

ALLEGATO B

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

selezione pubblica per n. 2 posti di Ricercatore a tempo determinato ai sensi dell'art.24, comma 3, lettera b) della Legge 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. 17 del 01/03/2022) Codice concorso 4957

ANDREA TANGHERLONI CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	TANGHERLONI
NOME	ANDREA
DATA DI NASCITA	07/02/1990

TITOLI

TITOLO DI STUDIO

Laurea Magistrale in Informatica (110/110 e lode)

Novembre 2013 - Ottobre 2015 (Data conseguimento titolo: 27/10/2015)

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Titolo della tesi: *"Progettazione e sviluppo di un simulatore biochimico a larga scala accelerato su GPU"*. Relatore: Prof. Giancarlo Mauri

Laurea Triennale in Informatica (107/110)

Ottobre 2010 - Ottobre 2013 (Data conseguimento titolo: 31/10/2013)

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Titolo della tesi: *"Creazione di un database di pietanze e studio dei meccanismi di indicizzazione"*. Relatore: Prof. Raimondo Schettini

TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA O EQUIVALENTI, OVVERO, PER I SETTORI INTERESSATI, DEL DIPLOMA DI SPECIALIZZAZIONE MEDICA O EQUIVALENTE, CONSEGUITO IN ITALIA O ALL'ESTERO

Dottorato di ricerca in Informatica

Novembre 2015 - Febbraio 2019 (Data conseguimento titolo: 15/02/2019)

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Titolo della tesi: *"High-Performance Computing to tackle complex problems in life sciences"*.

Relatori: Prof.ssa Daniela Besozzi e Prof. Paolo Cazzaniga

CONTRATTI DI RICERCA, ASSEGNI DI RICERCA O EQUIVALENTI

Experienced Postdoctoral Researcher

01/12/2020 - In corso

Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo

Research Associate (Postdoctoral Researcher)

02/11/2018 - 18/11/2020

Department of Haematology, University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito

Wellcome - MRC Stem Cell Institute, Cambridge, Regno Unito

Visiting worker at Wellcome Trust Sanger Institute, Hinxton, Regno Unito

ATTIVITÀ DIDATTICA A LIVELLO UNIVERSITARIO IN ITALIA O ALL'ESTERO

Master Universitari

- Professore a contratto (4 ore, A.A. 2022/23): *Neural networks and deep learning*, Master di secondo livello in Methods and Data Analysis in Biomedical Research (MEDAL), Università degli Studi di Milano-Bicocca

Laurea Magistrale

- Esercitatore (16 ore, A.A. 2021/22): *Gestione dei sistemi ICT*, Laurea Magistrale in Ingegneria Gestionale, Università degli Studi di Bergamo
- Tutor di laboratorio (30 ore, A.A. 2017/18): *Data Technology and Machine Learning*, Laurea Magistrale in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Laurea Triennale

- Tutor di laboratorio (30 ore, A.A. 2021/22): *Informatica*, Laurea Triennale in Biotecnologie, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Milano
- Esercitatore di laboratorio (6 ore, A.A. 2020/21): *Fondamenti di informatica e statistica*, Laurea Triennale in Scienze psicologiche, Università degli Studi di Bergamo
- Esercitatore di laboratorio (24 ore, A.A. 2016/17): *Architettura degli elaboratori*, Laurea Triennale in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca
- Tutor in E-learning (30 ore, A.A. 2014/15): *Reti e sistemi operativi*, Laurea Triennale in Informatica, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Altro

- Lezioni ed esercitazioni (24 ore maggio 30 - 31 e giugno 1, 2017): *Python for Beginners*, Micron Semiconductor Italia S.R.L., Milano

DOCUMENTATA ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA PRESSO QUALIFICATI ISTITUTI ITALIANI O STRANIERI

Erasmus+ Traineeship Program (A.A. 2017/18, dal 05/04/2018 al 05/07/2018) con valutazione massima (90/90): periodo all'estero come studente di Dottorato presso il Department of Computer Science and Technology (The Computer Laboratory), University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito.

ExtraUE Exchange Program (A.A. 2016/17 dal 06/06/2017 al 06/08/2017) con valutazione massima (100/100): periodo all'estero come studente di Dottorando presso il Department of Cancer Biology, School of Medicine, Vanderbilt University, Nashville, TN, USA.

SUPERVISIONE STUDENTI

Master Universitario di 1° e 2° livello

2021: co-supervisione di una tesi di Master di I livello (con Dott. Marabini Leonardo) in Marketing Management, Scuola di Alta Formazione, Università degli Studi di Bergamo

Laurea Magistrale

2019: co-supervisione di due tesi magistrali (con Prof.ssa Daniela Besozzi e Dr. Ana Cvejic) in Informatica, Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

Laurea Triennale

2018: co-supervisione di una tesi triennale (con Prof.ssa Daniela Besozzi) in Informatica, Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

2017: co-supervisione di due tesi triennali (con Prof.ssa Daniela Besozzi) in Informatica, Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

ATTIVITÀ EDITORIALI

Review Editor

"Computational Genomics", Frontiers in Genetics, Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, Frontiers in Plant Science

Topic Editor

"Biomedical Engineering", Applied Sciences (MDPI)

Guest Editor

"Machine Learning Applied to Medical Imaging and Computational Biology", Special Issue, Applied Sciences (MDPI)

"Artificial Intelligence Approaches for the Analysis and Integration of Omics Data", Research Topic in Integrative Bioinformatics, Frontiers in Bioinformatics

COMITATO DI PROGRAMMA E COMITATO ORGANIZZATORE**Conferenze**

Web Chair della IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB 2023)

Membro del Program Committee della 14th International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies (BIOTECHNO 2022)

Membro del Program Committee della 8th International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science (LOD 2022)

Membro del Program Committee della 7th International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science (LOD 2021)

Membro del Program Committee della 6th International Conference on Machine Learning, Optimization, and Data Science (LOD 2020)

Special Session e workshop

Co-chair della Special Session *"Candidate solution representation and fitness landscape manipulation"*, IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (IEEE CIBCB 2022)

Membro del Program Committee della Special Session *"Candidate solutions representation and fitness landscape manipulation"*, IEEE Congress on Evolutionary Computation (IEEE CEC 2021)

Co-chair del Workshop *"Machine Learning and Computational Intelligence in multi-omics and medical image analysis"*, 16th International Conference on Artificial Intelligence Applications and Innovations (IAI 2020)

Local Organizer dell'International Workshop on Bio-Design Automation (IWBD 2019)

Co-chair della Special Session *"Machine Learning and Computational Intelligence in multi-omics and medical image analysis"*, 16th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2019)

Membro del Program Committee dei post-proceedings della 16th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2019), LNCS

Membro del Program Committee della Special Session *"Fast and Efficient Solutions for Computational Intelligence Methods in Bioinformatics, Systems and Computational Biology"*, 15th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2018)

Membro del Program Committee della Special Session *"Modeling and Simulation Methods for System Biology and System Medicine"*, 15th International Conference on Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB 2018)

Membro del Program Committee della Special Session *"Advances in High-Performance Bioinformatics and Biomedicine"*, 26th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (PDP 2018)

Membro del Program Committee della Special Session *"Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology"*, 25th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed, and Network-Based Processing (PDP 2017)

Membro del Program Committee della Special Session *"Parallel and distributed high performance computing solutions for computational intelligence methods"*, IEEE International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (IEEE CIBCB 2016)

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E COORDINAMENTO DI GRUPPI DI RICERCA NAZIONALI E INTERNAZIONALI, O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

Assegnista di ricerca senior (tipo A, SSD: INF/01 - Informatica), nell'ambito del Programma STaRs
Dipartimento di Scienze Umane e Sociali, Università degli Studi di Bergamo
01/12/2020 - In corso

Responsabile del progetto *“Sviluppo di strumenti computazionali come supporto per attuare interventi di medicina personalizzata”*. Diverse collaborazioni a livello nazionale e internazionale, tra cui: Department of Computer Science and Technology (The Computer Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito), Department of Industrial Engineering & Innovation Sciences (Eindhoven University of Technology, Eindhoven, Olanda), Weatherall Institute of Molecular Medicine (Radcliffe Department of Medicine University of Oxford, Oxford, Regno Unito), Universidade Nova de Lisboa (Lisbona, Portogallo), IRCCS Istituto Nazionale dei Tumori (Milano), Dipartimento di Medicina e Chirurgia (Università degli Studi di Milano-Bicocca), Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione (Università degli Studi di Milano-Bicocca). La partecipazione alle attività di ricerca sta portando alla produzione di diverse pubblicazioni, soprattutto in ambito della Bioinformatics, del Machine Learning e della Computational Intelligence.

Membro del *“Cvejic Lab”*

02/11/2018 - 18/11/2020

Department of Haematology, University of Cambridge (Cambridge, Regno Unito) e Wellcome - MRC Cambridge Stem Cell Institute (Cambridge, Regno Unito). Visiting scientist presso il Wellcome Trust Sanger Institute (Hinxton, Regno Unito).

Le principali attività di ricerca hanno riguardato lo sviluppo di metodi computazionali per l'analisi e l'integrazione di multi-omici. Partecipazione alle attività di ricerca del gruppo e direzione dei progetti nell'ambito della bioinformatica, con diverse collaborazioni a livello nazionale e internazionale: Department of Computer Science and Technology (The Computer Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito), Structural and Computational Biology Unit (European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg, Germania), Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione (Università degli Studi di Milano-Bicocca), Dipartimento di Scienze Umane e Sociali (Università degli Studi di Bergamo). La partecipazione alle attività di ricerca ha portato alla produzione di diverse pubblicazioni, soprattutto in ambito della Bioinformatics e del Machine Learning. Supporto alla co-supervisione di Dottorandi di Ricerca e Studenti Magistrali durante i loro progetti di ricerca e le loro tesi.

Membro del Comitato di selezione per una posizione da assegnista di ricerca (Research Assistant) in Bioinformatica per il *“Mohorianu Group”* (Scientific Computing Group), presso il Wellcome - MRC Cambridge Stem Cell Institute (Cambridge, Regno Unito).

29/01/2020 - 29/01/2020

Membro del Comitato di selezione per una posizione da studente di dottorato in Bioinformatica per il *“Cvejic Lab”*, presso il Wellcome - MRC Cambridge Stem Cell Institute (Cambridge, Regno Unito), il Department of Haematology (University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito) e il Wellcome Trust Sanger Institute (Hinxton, Regno Unito).

21/10/2019 - 21/10/2019

Membro del Comitato di selezione per una posizione da assegnista di ricerca (Research Assistant) in Bioinformatica per il *“Cvejic Lab”*, presso il Wellcome Trust Sanger Institute (Hinxton, Regno Unito), il Department of Haematology (University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito) e il Wellcome - MRC Cambridge Stem Cell Institute (Cambridge, Regno Unito).

14/06/2019 - 14/06/2019

Membro del laboratorio *“Bioinformatics Milan Bicocca (BIMIB)”*

01/11/2015 - 31/10/2018

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca. Partecipazione alle attività di ricerca del gruppo BIMIB con diverse collaborazioni a livello nazionale e internazionale, tra cui: Department of Cancer Biology (Vanderbilt University, Nashville, TN, USA), Department of Computer Science and Technology (The Computer Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito), Department of Creative Informatics (The University of Tokyo, Tokyo, Giappone), Department of Haematology (University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito), Wellcome Trust Sanger Institute (Hinxton, Regno Unito), Dipartimento di Scienze Umane e Sociali (Università degli Studi di Bergamo), Istituto di Bioimmagini e Fisiologia Molecolare (Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Cefalù), Istituto di Tecnologie Biomediche (Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Segrate). La partecipazione alle attività di ricerca ha portato alla produzione di diverse pubblicazioni, soprattutto in ambito della Bioinformatics, del Machine Learning, della Computational Intelligence e dell'High-Performance Computing. Supporto alla co-supervisione di Studenti Triennali e Magistrali del corso di laurea in Informatica durante le loro tesi.

ATTIVITÀ AUSILIARIE

2022-In corso: Membro della IEEE CIS Task Force on advanced representation in biological and medical search and optimization

2020: Membro dello Stem Cell Institute Public Engagement network, Wellcome - MRC Stem Cell Institute, Cambridge, Regno Unito

2015-2018: Rappresentante degli studenti di Dottorato, Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli Studi di Milano-Bicocca

ATTIVITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

Conferenze

Relatore all'IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, Virtuale, 2021. Titolo dell'intervento: *"Integration of Multiple scRNA-Seq Datasets on the Autoencoder Latent Space"*

Relatore alla 17th International Conference on Computational Intelligence Methods For Bioinformatics And Biostatistics, Virtuale, 2021. Titolo dell'intervento: *"Genetic Algorithms for the identification of marker panels in single-cell RNA Data"*

Relatore all'IEEE Congress on Evolutionary Computation, Virtuale, 2021. Titolo dell'intervento: *"The Impact of Representation on the Optimization of Marker Panels for Single-cell RNA Data"*

Relatore alla 24th International European Conference on Parallel and Distributed Computing, Torino, Italia, 2018. Titolo dell'intervento: *"High Performance Computing for Haplotyping: Models and Platforms"*

Relatore al 17th International Workshop on Network Tools and Applications in Biology, Palermo, Italia, 2017. Titolo dell'intervento: *"GenHap: A Novel Computational Method Based on Genetic Algorithms for Haplotype Assembly"*

Relatore al 12th International Meeting on Computational Intelligence Methods For Bioinformatics And Biostatistics, Napoli, Italia, 2015. Titolo: *"Deterministic Simulations of Large-Scale Models of Cellular Processes Accelerated on Graphics Processing Units"*

Seminari

Relatore per gli Internal Seminar Series, Wellcome - MRC Stem Cell Institute, Cambridge, Regno Unito, 2019. Titolo dell'intervento: *"Advanced Machine Learning approaches for the downstream analysis of scRNA-Seq data"*

Relatore presso il Department of Computer Science and Technology, University of Cambridge, Cambridge, Regno Unito, 2018. Titolo dell'intervento: *"High-Performance Computing Applied to Computational Intelligence in Systems Biology and Genome Analysis"*

Relatore al 1st Computational Intelligence and Biomathematics, Rio de Janeiro, Brasile, 2017. Titolo webinar: *"Biomedical Image Segmentation and Analysis Using Machine Learning and Computational Intelligence Techniques"* (co-autore Dr. Leonardo Rundo)

Relatore presso il Department of Cancer Biology, Vanderbilt University, Nashville, TN, USA, 2017. Titolo dell'intervento: *"High Performance Computing to Tackle Complex Problems in Life Sciences"*

CONSEGUIMENTO DI PREMI E RICONOSCIMENTI NAZIONALI E INTERNAZIONALI PER ATTIVITÀ DI RICERCA

Secondo posto alla Start Cup Bergamo 2021 (Start Cup School Competition) con il progetto *"ReHubAI: il rimedio a portata di click!"*, Dipartimento di Ingegneria Gestionale, dell'Informazione e della Produzione e Center for Young and Family Enterprise (CYFE), Università degli Studi di Bergamo

PRODUZIONE SCIENTIFICA

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Journals

- Riva SG, Cazzaniga P, Nobile MS, Spolaor S, Rundo L, Besozzi D, **Tangherloni A** (2021). *SMGen: A generator of synthetic models of biochemical reaction networks*. Symmetry, 14(1): 119. DOI: 10.3390/sym14010119
- Castelli M, Manzoni L, Mariot L, Nobile MS, Tangherloni A (2021). *Salp Swarm Optimization: a Critical Review*. Expert Systems with Applications, 189: 116029. DOI: 10.1016/j.eswa.2021.116029
- **Tangherloni A**, Nobile MS, Cazzaniga P, Capitoli G, Spolaor S, Rundo L, Mauri G, Besozzi D (2021). *FiCoS: a fine- and coarse-grained GPU-powered deterministic simulator for biochemical networks*. PLoS Computational Biology, 17(9): e1009410. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009410
- **Tangherloni A**, Ricciuti F, Besozzi D, Liò P, Cvejic A (2021). *Analysis of single-cell RNA sequencing data based on autoencoders*. BMC Bioinformatics, 22(1): 309. DOI: 10.1186/s12859-021-04150-3
- Ranzoni AM*, **Tangherloni A***, Berest I*, Riva SG, Myers B, Strzelecka PM, Xu J, Panada E, Mohorianu I, Zaugg JB, Cvejic A (2021). *Integrative Single-Cell RNA-Seq and ATAC-Seq Analysis of Human Developmental Hematopoiesis*. Cell Stem Cell, 28(3): 472-487. DOI: 10.1016/j.stem.2020.11.015 (* equal contribution)
- Rundo L*, **Tangherloni A***, Cazzaniga P, Mistri M, Galimberti S, Woitek R, Sala E, Mauri G, Nobile MS (2021). *A CUDA-powered method for the feature extraction and unsupervised analysis of medical images*. The Journal of Supercomputing. DOI: 10.1007/s11227-020-03565-8 (* equal contribution)
- Rundo L*, **Tangherloni A***, Tyson DR*, Betta R, Militello C, Spolaor S, Nobile MS, Besozzi D, Lubbock ALR, Quaranta V, Mauri G, Lopez CF, Cazzaniga P (2020). *ACDC: Automated cell detection and counting for time-lapse fluorescence microscopy*. Applied Sciences, 10(18), 6187. DOI: 10.3390/app10186187 (* equal contribution)
- Besozzi D, Manzoni L, Nobile MS, Spolaor S, Castelli M, Vanneschi L, Cazzaniga P, Ruberto S, Rundo L, **Tangherloni A** (2020). *Computational Intelligence for Life Sciences*. Fundamenta Informaticae, 171(1-4), 57-80. DOI: 10.3233/FI-2020-1872
- **Tangherloni A**, Spolaor S, Cazzaniga P, Besozzi D, Rundo L, Mauri G, Nobile MS (2019). *Biochemical parameter estimation vs. benchmark functions: A comparative study of optimization performance and representation design*. Applied Soft Computing, 81: 105494. DOI: 10.1016/j.asoc.2019.105494
- Rundo L*, **Tangherloni A***, Cazzaniga P, Nobile MS, Russo G, Gilardi MC, Vitabile S, Mauri G, Besozzi D, Militello C (2019). *A novel framework for MR image segmentation and quantification by using MedGA*. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 176(1): 59-172. DOI: 10.1016/j.cmpb.2019.04.016 (* equal contribution)
- Rundo L*, **Tangherloni A***, Nobile MS, Militello C, Besozzi D, Mauri G, Cazzaniga P (2019). *MedGA: A Novel Evolutionary Method for Medical Image Enhancement in Medical Imaging Systems*. Expert Systems with Applications, 119: 387-399. DOI: 10.1016/j.eswa.2018.11.013 (* equal contribution)
- **Tangherloni A**, Spolaor S, Rundo L, Nobile MS, Cazzaniga P, Mauri G, Liò P, Merelli I, Besozzi D (2019). *GenHap: A Novel Computational Method Based on Genetic Algorithms for Haplotype Assembly*. BMC Bioinformatics, 20(4): 172. DOI: 10.1186/s12859-019-2691-y
- Rundo L, Han C, Nagano Y, Zhang J, Hataya R, Militello C, **Tangherloni A**, Nobile MS, Ferretti C, Besozzi D, Gilardi MC, Vitabile S, Mauri G, Nakayama H, Cazzaniga P (2019). *USE-Net: Incorporating Squeeze-and-Excitation blocks into U-Net for prostate zonal segmentation of multi-institutional MRI datasets*. Neurocomputing, 365: 31-43. DOI: 10.1016/j.neucom.2019.07.006
- Rundo L, Militello C, **Tangherloni A**, Russo G, Vitabile S, Gilardi MC, Mauri G (2018). *NeXt for neuro-radiosurgery: A fully automatic approach for necrosis extraction in brain tumor MRI using an unsupervised machine learning technique*. International Journal of Imaging Systems and Technology, 28(1): 21-37. DOI: 10.1002/ima.22253
- **Tangherloni A**, Nobile MS, Besozzi D, Mauri G, Cazzaniga P (2017). *LASSIE: simulating large-scale models of biochemical systems on GPUs*. BMC Bioinformatics, 18(1): 246. DOI: 10.1186/s12859-017-1666-0
- **Tangherloni A**, Nobile MS, Cazzaniga P, Besozzi D, Mauri G (2017). *Gillespie's Stochastic Simulation Algorithm on MIC Coprocessor*. The Journal of Supercomputing, 73(2): 676-686. DOI: 10.1007/s11227-016-1778-8
- Nobile MS, Cazzaniga P, **Tangherloni A**, Besozzi D (2017). *Graphics Processing Units in Bioinformatics, Computational Biology and Systems Biology*. Briefings in Bioinformatics, 18(5): 870-885. DOI: 10.1093/bib/bbw058

Book chapters and contributed volumes

- Rundo L, Han C, Zhang J, Hataya R, Nagano Y, Militello C, Ferretti C, Nobile MS, **Tangherloni A**, Gilardi MC, Vitabile S, Nakayama H, Mauri G (2020). *CNN-Based Prostate Zonal Segmentation on T2-Weighted MR Images: A Cross-Dataset Study*. In *Neural Approaches to Dynamics of Signal Exchanges*, 151: 269-280, Springer. DOI: 10.1007/978-981-13-8950-4_25
- Cazzaniga P, Nobile MS, **Tangherloni A**, Besozzi D (2018). *Accelerating stochastic simulations of mechanistic models of biological systems: Advantages and issues in the parallelization on Graphics Processing Units*. In *Quantitative Biology: Theory, Computational Methods, and Models*, 423-440, MIT Press.
- Rundo L, Militello C, **Tangherloni A**, Russo G, Lagalla R, Mauri G, Gilardi MC, Vitabile S (2018). *Computer-assisted Approaches for Uterine Fibroid Segmentation in MRgFUS Treatments: Quantitative Evaluation and Clinical Feasibility Analysis*. In *Quantifying and Processing Biomedical and Behavioral Signals, Smart Innovation, Systems and Technologies*, 103: 229-241, Springer. DOI: 10.1007/978-3-319-95095-2_22

Conference Proceedings

- Riva SG, Cazzaniga P, **Tangherloni A** (2021). *Integration of Multiple scRNA-Seq Datasets on the Autoencoder Latent Space*. Proceeding of International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, pp. 2155-2162, IEEE. DOI: 10.1109/BIBM52615.2021.9669807
- **Tangherloni A**, Riva SG, Spolaor S, Besozzi D, Nobile MS, Cazzaniga P (2021). *The impact of representations in the optimization of marker panels for single-cell RNA data*. Proceeding of Congress on Evolutionary Computation, pp. 1-8, IEEE. DOI: 10.1109/CEC45853.2021.9504808
- Totis N*, **Tangherloni A***, Beccuti M, Cazzaniga P, Nobile MS, Besozzi D, Pennisi M, Pappalardo F (2020). *Efficient and Settings-Free Calibration of Detailed Kinetic Metabolic Models with Enzyme Isoforms Characterization*. In *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Lecture Notes in Computer Science*, 11925: 187-202, Springer. DOI: 10.1007/978-3-030-34585-3_17 (* equal contribution)
- Rundo L*, **Tangherloni A***, Galimberti S, Cazzaniga P, Woitek R, Sala E, Nobile MS, Mauri G (2019). *HaraliCU: GPU-powered Haralick Feature Extraction on Medical Images Exploiting the Full Dynamics of Gray-Scale Levels*. In *International Conference on Parallel Computing Technologies, Lecture Notes in Computer Science*, 11657: 304-318, Springer. DOI: 10.1007/978-3-030-25636-4_24 (* equal contribution)
- **Tangherloni A**, Rundo L, Spolaor S, Nobile MS, Merelli I, Besozzi D, Mauri G, Cazzaniga P, Liò P (2019). *High Performance Computing for Haplotyping: Models and Platforms*. In *Euro-Par 2018: Parallel Processing Workshops, Lecture Notes in Computer Science*, 11339: 650-661, Springer. DOI: 10.1007/978-3-030-10549-5_51
- Beccuti M, Cazzaniga P, Pennisi M, Besozzi D, Nobile MS, Pernice S, Russo G, **Tangherloni A**, Pappalardo F (2019). *GPU accelerated analysis of Treg-Teff cross regulation in relapsing-remitting multiple sclerosis*. In *Euro-Par 2018: Parallel Processing Workshops, Lecture Notes in Computer Science*, 11339: 626-637, Springer. DOI: 10.1007/978-3-030-10549-5_49
- Spolaor S, **Tangherloni A**, Rundo L, Cazzaniga P, Nobile MS (2019). *Estimation of Kinetic Reaction Constants: Exploiting Reboot Strategies to Improve PSO's Performance*. In *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Lecture Notes in Computer Science*, 10834: 92-102, Springer. DOI: 10.1007/978-3-030-14160-8_10
- Nobile MS, **Tangherloni A**, Rundo L, Spolaor S, Besozzi D, Mauri G, Cazzaniga P (2018). *Computational Intelligence for Parameter Estimation of Biochemical Systems*. Proceeding of Congress on Evolutionary Computation, pp. 1-8, IEEE. DOI: 10.1109/CEC.2018.8477873
- **Tangherloni A**, Rundo L, Spolaor S, Cazzaniga P, Nobile MS (2018). *GPU-Powered Multi-Swarm Parameter Estimation of Biological Systems: A Master-Slave Approach*. Proceeding of 26th Euromicro International Conference on Parallel, Distributed and Network-based Processing, pp. 698-705, IEEE. DOI: 10.1109/PDP2018.2018.00115
- Spolaor S, **Tangherloni A**, Rundo L, Nobile MS, Cazzaniga P (2017). *Reboot Strategies in Particle Swarm Optimization and their Impact on Parameter Estimation of Biochemical Systems*. Proceeding of International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, pp. 1-8, IEEE. DOI: 10.1109/CIBCB.2017.8058550
- **Tangherloni A**, Rundo L, Nobile MS (2017). *Proactive Particles in Swarm Optimization: a Settings-Free Algorithm for Real-Parameter Single Objective Optimization Problems*. Proceeding of Congress on Evolutionary Computation, pp. 1940-1947, IEEE. DOI: 10.1109/CEC.2017.7969538
- Rundo L, **Tangherloni A**, Militello C, Gilardi MC, Mauri G (2016). **Multimodal medical image registration using Particle Swarm Optimization: A review**. Proceeding of Symposium Series on Computational Intelligence, pp. 1-8, IEEE. DOI: 10.1109/SSCI.2016.7850261

- **Tangherloni A**, Nobile MS, Cazzaniga P (2016). *GPU-powered Bat Algorithm for the parameter estimation of biochemical kinetic values*. Proceeding of International Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology, 1-6, IEEE. DOI: 10.1109/CIBCB.2016.7758103
- Nobile MS, **Tangherloni A**, Besozzi D, Cazzaniga P (2016). *GPU-powered and settings-free parameter estimation of biochemical systems*. Proceeding of Congress on Evolutionary Computation, pp. 32-39, IEEE. DOI: 10.1109/CEC.2016.7743775

Data

25/03/2022

Luogo

Bergamo