

CURRICULUM VITAE  
Giancarlo Mauri

**1. INFORMAZIONI GENERALI**

Giancarlo Mauri si è laureato in Fisica nel 1973.

Dal 1990 è professore di prima fascia di Informatica (SSD INF/01), attualmente presso l'Università di Milano-Bicocca.

E' socio fondatore della Società Italiana Reti Neurali (SIREN), della Associazione Italiana di Telemedicina e Informatica Medica (AITIM), della Associazione Italiana per la Bioinformatica (BITS), del Capitolo italiano dell'EATCS (European Association of Theoretical Computer Science), e della International Society of Nanoscale Science, Computing, and Engineering (ISNSCE).

E' o è stato membro dello Steering Committee di alcune conferenze internazionali (DLT, UCNC, ACRI, CMC, BIC-TA).

Nel corso della sua carriera, il prof. Mauri ha pubblicato oltre 350 lavori di ricerca in riviste internazionali, libri ed atti di convegni, ed è stato responsabile di diversi progetti di ricerca nazionali o internazionali.

Ha svolto attività di valutazione di progetti di ricerca, ex-ante, in itinere ed ex-post, per la Commissione Europea, il MIUR, la regione Sardegna, la Regione Calabria, la Regione Emilia-Romagna, l'Università di Verona, la National Science Foundation (USA), le agenzie nazionali per la ricerca di UK, Canada, Repubblica Ceca, Finlandia, Francia.

E' stato membro del panel di valutazione degli Istituti del CNR nel 2009.

**2. CARICHE RICOPERTE**

Dal 1991 al 1998 è stato presidente del Capitolo Italiano dell'EATCS (European Association of Theoretical Computer Science)

Dal 27.2.1992 al 31.10.1997 è stato Direttore del Dipartimento di Scienze dell'Informazione dell'Università degli Studi di Milano.

Dal 1994 al 1998 è stato membro del Consiglio Scientifico del Laboratorio LIP della Ecole Normale Supérieure di Lione

Dal 1998 al 2002 è stato presidente del Working Group IFIP (International Federation of Information Processing) sugli automi cellulari

Dal 2001 è membro del Consiglio Direttivo della Associazione Italiana per la Telemedicina e l'Informatica Medica

Dal 1.11.2001 al 31.10.2007 è stato coordinatore del Dottorato di Ricerca in Informatica presso l'Università degli Studi di Milano-Bicocca.

Dal 1.10.2003 al 30.9.2009 è stato membro del Consiglio d'amministrazione dell'Università degli Studi di Milano-Bicocca.

Dal 1.1.2004 al 31.12.2015 è stato membro del Consiglio d'amministrazione del Consorzio per la Ricerca sui Materiali Avanzati (CoRiMAv)

Dal 14.01.2010 al 30.09.2011 è stato membro del Consiglio Direttivo del CINI (Consorzio Interuniversitario Nazionale per l'Informatica)

Dal 1.10.2011 è direttore del Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione dell'Università di Milano-Bicocca

Dal 20.11.2013 è membro del Consiglio Consortile del CINECA

### **3. ATTIVITÀ DI RICERCA**

La sua attività di ricerca ha toccato diverse tematiche, soprattutto nell'area dell'informatica teorica, tra cui: teoria degli automi e dei linguaggi formali, algoritmi e complessità computazionale, teoria dell'apprendimento computazionale, reti neurali e deep learning, automi cellulari.

Negli ultimi anni, si è interessato a problematiche di carattere fortemente interdisciplinare, da un lato applicando le proprie competenze nell'area del progetto di algoritmi allo sviluppo di sistemi efficienti per l'analisi di sequenze di interesse biologico (bioinformatica), dall'altro studiando modelli di calcolo "non convenzionale" ispirati a meccanismi biologici (algoritmi genetici, DNA computing, sistemi a membrane) per la soluzione efficiente di problemi computazionalmente difficili.

Per quanto riguarda il DNA computing, è stato coordinatore di una rete di eccellenza sul calcolo molecolare (MolCoNet) finanziata dalla Commissione Europea ed ha studiato in particolare i problemi di progetto di librerie di sequenze di DNA per la codifica efficiente di informazioni e le classi di linguaggi generati da modelli formali del calcolo molecolare come i sistemi di accoppiamento.

Ha inoltre studiato la potenza computazionale di numerose varianti dei sistemi a membrane, sia sotto il profilo dell'universalità che della definizione di una struttura di classi di complessità.

Per quanto riguarda la Bioinformatica e la Systems Biology si è occupato di:

- Sviluppo e uso di algoritmi efficienti per l'analisi di biosequenze, in particolare per l'assemblaggio di frammenti, la scoperta di segnali o motivi comuni in sequenze di DNA o RNA, la predizione di siti di splicing alternativi, la inferenza di reti regolatorie

anche attraverso la l'analisi di dati di trascrittomiche e la clusterizzazione di geni co-regolati, la predizione della struttura delle proteine

- costruzione ed implementazione di efficienti strutture ad indice per l'organizzazione dei dati, come i Compact Directed Acyclic Word Graphs, con nuovi risultati sia dal punto di vista teorico che pratico.
- Sviluppo e uso di strumenti di integrazione di dati biomedici attraverso portali e servizi web.
- Sviluppo e uso di strumenti per la modellazione e simulazione "in silico" di sistemi e processi biologici complessi. In particolare, sono stati modellati alcuni cammini di segnalazione nel lievito. Per accelerare le simulazioni, molto onerose sul piano computazionale, si sono anche usate architetture parallele basate su GPU. Si sono inoltre studiati alcuni aspetti teorici relativi al ruolo del rumore ed all'analisi di sensibilità in reti di reazioni biochimiche.
- Sviluppo e uso di strumenti basati su tecniche di apprendimento automatico e di inferenza probabilistica per lo studio della progressione dei tumori.

Nel corso della sua carriera, il prof. Mauri ha pubblicato oltre 350 lavori di ricerca in riviste internazionali, libri ed atti di convegni, sulle tematiche sopra delineate.

#### **4. PROGETTI DI RICERCA**

E' o é stato coordinatore o responsabile di unità locale per numerosi progetti di ricerca, tra cui:

- Disegno e analisi degli algoritmi (Fondi MPI 40%), resp. Unità locale Università di Milano dal 1982 al 1993
- Algebraic and Syntactic Methods In Computer Science (Fondi CEC – Esprit Basic Research Action) 1 e 2, 1990–1996
- NEUROCOLT – Neural networks and computational learning theory (Fondi CEC – Esprit Basic Research Action) 1995–1998
- Bioinformatica e genomica (PRIN MIUR) 1999–2001
- MolCoNet – Molecular Computing Network (Fondi V Programma Quadro Europeo) 2001–2004
- Oncology over the Internet (Fondi MIUR), 2002–2003
- Algoritmi bio-molecolari per problemi NP completi (FIRB MIUR), 2003–2006
- NEUROWEB – Integration and sharing of information and knowledge in neurology and neurosciences (European Commission FP6, Contract no.: 518513) 2006–2008
- Bronte – Biological processes Redescriptions by ONtology Expressions (European Commission IST Programme: IST-2001-8.1.2) 2006–2008
- Retronet – Analisi computazionale di reti biochimiche metaboliche e/o regolatorie (Fondi Regione Lombardia) 2011–2013
- NEDD – Network Enabled Drug Design (Fondi Regione Lombardia) 2011–2013
- Systems Biology (Fondi MIUR), 2012–

## 5. PRINCIPALI PUBBLICAZIONI 2012-2018

- 1 **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 J on Bioinformatics and Systems Biology, 2012, 1:10
- 2 **D. Pescini, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri, 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), 2012, 9–107
- 3 **I. Zoppis, E. Gianazza, M. Borsani, C. Chinello, V. Mainini, C. Galbusera, C. Ferrarese, G. Galimberti, A. Sorbi, B. Borroni, F. Magni, M. Antoniotti, G. Mauri.** *Mutual Information Optimization for Mass Spectra Data Alignment.* IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics 9 (3), 2012, 934–939
- 4 **G. Caravagna, A. Graudenzi, A. d’Onofrio, M. Antoniotti, G. Mauri.** *Effects of delayed immune–response in tumor immune–system interplay,* Electronic Proc. in Theoretical Computer Science 92, 2012, 106–121
- 5 **L. Alberghina, D. Gaglio, C. Gelfi, R.M. Moresco, G. Mauri, P. Bertolazzi, C. Messa, M.C. Gilardi, F. Chiaradonna, M. Vanoni.** *Cancer cell growth and survival as a system–level property sustained by enhanced glycolysis and mitochondrial metabolic remodeling,* Frontiers in Physiology 2012, 3:362
- 6 **L. Corolli, C. Maj, F. Marini, D. Besozzi, G. Mauri.** *An excursion in reaction systems: from computer science to biology,* Theor. Computer Science 454, 2012, 95–108
- 7 **L. Vanneschi, Y. Pirola, G. Mauri, M. Tomassini, P. Collard, S. Verel.** *A study of the neutrality in boolean functions landscapes in genetic programming,* Theoretical Computer Science 425, 2012, 34–57
- 8 **F. Archetti, I. Giordani, G. Mauri, E. Messina.** *A new clustering approach for learning transcriptional modules,* Int. J. Data Mining and Bioinformatics 6(3), 2012, 304–323
- 9 **L. Manzoni, L. Vanneschi, G. Mauri.** *A Distance Between Populations for One–Point Crossover in Genetic Algorithms,* Theoretical Computer Science 429, 2012, 213–221
- 10 **L. Vanneschi, G. Mauri.** *A Study on Learning Robustness using Asynchronous 1D Cellular Automata Rules,* Natural Computing 11(2) , 2012, 289–302
- 11 **A. Dennunzio, E. Formenti, L. Manzoni, G. Mauri.** *m–Asynchronous Cellular Automata: from fairness to quasi–fairness,* Natural Computing 12(4), 2013: 561-572
- 12 **R. Dondi, G. Mauri, I. Zoppis,** *The l–diversity Problem: Tractability and Approximability,* Theor Computer Science 511, 2013, 159-171
- 13 **G. Caravagna, G. Mauri, A. d’Onofrio.** *The Interplay of Intrinsic and Extrinsic Bounded Noises in Biomolecular Networks,* PLoS ONE 8(2), 2013, e51174
- 14 **D. Di Silvestre, I. Zoppis, G. Mauri, P. Mauri.** *Stratification of biological samples based on proteomics data,* OA Bioinformatics 1(1), 2013:1

- 15 **C. Maj, E. Mosca, I. Merelli, G. Mauri, L. Milanesi.** *Sensitivity analysis for studying the relation between biochemical reactions and metabolic phenotypes*, J of Bioinformatics and Comput Biol 11(1) 2013
- 16 **G. Mauri, A. Leporati, A. E. Porreca, C. Zandron.** *Recent complexity–theoretic results on P systems with active membranes*, J. Logic and Computation **25(4)**, 2015, 1047–1071
- 17 **A. Leporati, A. E. Porreca, C. Zandron, G. Mauri.** *Improved Universality Results for Parallel Enzymatic Numerical P Systems*, Int. J. of Unconventional Computing **9(5-6)**, 2013: 385-404
- 18 **M. Antoniotti, G. D. Bader, G. Caravagna, S. Crippa, A. Graudenzi, G. Mauri.** *GeStoDifferent: A Cytoscape plugin for the generation and the identification of Gene Regulatory Networks describing a stochastic cell differentiation process*, Bioinformatics 29(4), 2013, 513–514
- 19 **D. Di Silvestre, I. Zoppis, F. Brambilla, V. Bellettato, G. Mauri, P. Mauri.** *Availability of MudPIT data for classification of biological samples*, J Clinical Bioinformatics 3(1), 2013:1
- 20 **C. Damiani, R. Colombo, S. Molinari, D. Pescini, M. Vanoni, L. Alberghina, G. Mauri.** *An ensemble approach to the study of the emergence of metabolic and proliferative disorders via Flux Balance Analysis*, Electronic Proc. in Theoretical Computer Science 130, 2013 pp. 92–97
- 21 **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
- 22 **C. Chinello, M. Cazzaniga, G. De Sio, A. Smith, E. Gianazza, A. Grasso, F. Rocco, S. Signorini, M. Grasso, S. Bosari, I. Zoppis, M. Dakna, Y. van der Burgt, G. Mauri, F. Magni.** *Urinary signatures of Renal Cell Carcinoma investigated by peptidomic approaches*, PLoS ONE 9(9): e106684, 2014
- 23 **G. Caravagna, A. D'Onofrio, M. Antoniotti, G. Mauri.** *Stochastic Hybrid Automata with delayed transitions to model biochemical systems with delays*, Information and computation 236, 19–34, 2014
- 24 **A. Alhazov, A. Leporati, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron.** *Space complexity equivalence of P systems with active membranes and Turing machines*, Theor Computer Science 529, 2014: 69–81
- 25 **P. Bonizzoni, R. Dondi, G. Mauri, I. Zoppis.** *Restricted and Swap Common Superstring: a Multivariate Algorithmic Perspective*, Algorithmica **72(4)**, 2014: 914–939
- 26 **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 Res International, 2014
- 27 **C. Cava, G. Bertoli, I. Zoppis, M. Ripamonti, G. Mauri, I. Castiglioni.** *Integration of mRNA expression profile, copy number and microRNA expression levels in Breast Cancer to improve grade definition*, PLoS ONE 9(5): e97681, 2014
- 28 **L. Olde Loohuis, G. Caravagna, A. Graudenzi, D. Ramazzotti, G. Mauri, A. Antoniotti, B. Mishra.** *Inferring tree causal models of cancer progression with probability raising*, PLoS ONE 9(10): e108358, 2014

- 29 **M. S. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri.** *GPU-accelerated simulations of mass-action kinetics models with cupSODA*, J. of Supercomputing 69(1), 2014, 17–24
- 30 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron.** *Constant-Space P Systems with Active Membranes*, Fundamenta Informaticae 134(1–2), 2014: 111–128
- 31 **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 2014, 4, 1034–1087
- 32 **C. Cava, I. Zoppis, M. Gariboldi, I. Castiglioni, G. Mauri, M. Antoniotti.** *Combined analysis of chromosomal instabilities and gene expression for colon cancer progression inference*, J Clinical Bioinformatics 4(1):2, 2014
- 33 **C. Damiani, D. Pescini, R. Colombo, S. Molinari, L. Alberghina, M. Vanoni, G. Mauri.** *An ensemble evolutionary constraint-based approach to understand the emergence of metabolic phenotypes*, Natural Computing 13(3), 2014, 321–331
- 34 **A. G. Citrolo, G. Mauri.** *A local landscape mapping method for protein structure prediction in the HP model*, Natural Computing 13(3), 2014, 309–319
- 35 **A. Valsecchi, L. Vanneschi, G. Mauri.** *A Study of Search Algorithms' Optimization Speed*, J. of Combinatorial Optimization 27(2): 256–270, 2014
- 36 **A. Leporati, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2014).** *A Gap in the Space Hierarchy of P Systems with Active Membranes*, J. Automata, Languages and Combinatorics 19(1–4), 173–184
- 37 **C. Chinello, M. Cazzaniga, G. De Sio, A.J. Smith, A. Grasso, B. Rocco, S. Signorini, M. Grasso, S. Bosari, I. Zoppis, G. Mauri, F. Magni (2015).** *Tumor size, stage and grade alterations of urinary peptidome in RCC*, Journal of Translational Medicine 13(1):332
- 38 **E. Santoro, G. Castelnuovo, I. Zoppis, G. Mauri, F. Sicurello.** *Social media and mobile applications in chronic disease prevention and management*, Frontiers in Psychology 6, 2015
- 39 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2015).** *Membrane Division, Oracles, and the Counting Hierarchy*, Fundamenta Informaticae 138(1–2) 97–111
- 40 **G. Castelnuovo, I. Zoppis, E. Santoro, M. Ceccarini, G. Pietrabissa, GM Manzoni, S. Corti, M. Borrello, EM Giusti, R. Cattivelli, A. Melesi, G. Mauri, E. Molinari, F. Sicurello.** *Managing chronic pathologies with a stepped mHealth-based approach inclinal psychology and medicine*, Frontiers in Psychology 6, 2015
- 41 **S. Rubinacci, A. Graudenzi, G. Caravagna. G. Mauri, J. Osborne, J. Pitt-Francis, M. Antoniotti (2015).** *CoGNac: a Chaste plugin for the multiscale simulation of Gene regulatory Networks driving the spatial dynamics of tissues and Cancer*, Cancer Informatics 2015:14(S4) 53–65
- 42 **D. Ramazzotti, G. Caravagna, L. Olde Loohuis, A. Graudenzi, I. Korsunsky, G. Mauri, M. Antoniotti, B. Mishra (2015).** *CAPRI: Efficient Inference of Cancer Progression Models from Cross-sectional Data*, Bioinformatics 31(18), 2015, 3016-3026
- 43 **M. Di Filippo, R. Colombo, C. Damiani, D. Pescini, D. Gaglio, M. Vanoni, L. Alberghina, G. Mauri (2016).** *Zooming-in on cancer metabolic rewiring with tissue specific constraint-based models*, Computational Biology and Chemistry 62, 60-69

- 44 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2016).** *Trading Geometric Realism for Efficiency in Tissue P Systems*, Romanian J. Information, Sci and Tech **19**(1-2), 17-30
- 45 **L. De Sano, G. Caravagna, D. Ramazzotti, A. Graudenzi, G. Mauri, B. Mishra, M. Antoniotti (2016).** *TRONCO: an R package for the inference of cancer progression models from heterogeneous genomic data*, Bioinformatics **32**(12):1911-1913
- 46 **A. Graudenzi, G. Caravagna, I.M. Bocicor, C. Cava, M. Antoniotti, G. Mauri (2016).** *Ordering cancer mutational profiles of cross-sectional copy number alterations*, Int. J. Data Mining and Bioinformatics **15**(1), 59-83
- 47 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2016).** *Monodirectional P systems*, Natural Computing **15**, 551-564
- 48 **M. Galli, I. Zoppis, A. Smith, F. Magni, G. Mauri (2016).** *Machine learning approaches in MALDI-MSI: clinical applications*, Expert Review of Proteomics, **13**(7):685-96
- 49 **C. Cava, A. Colaprico, G. Bertoli, G. Bontempi, G. Mauri, I. Castiglioni (2016).** *How interacting pathways are regulated by miRNAs in breast cancer subtypes*, BMC Bioinformatics **2016**, 17 (Suppl 12):348
- 50 **S. de Franciscis, G. Caravagna, G. Mauri, A. d'Onofrio (2016).** *Gene switching rate determines response to extrinsic perturbations in the self-activation transcriptional network motif*, Scientific Reports **6**, Article number: 26980
- 51 **M. Antoniotti, G. Caravagna, L. De Sano, A. Graudenzi, G. Mauri, B. Mishra, D. Ramazzotti (2016).** *Design of the TRONCO BioConductor Package for TRanslational ONCOlogy*, R Journal **8**(2), 39-59
- 52 **A. Paroni, A. Graudenzi, G. Caravagna, C. Damiani, G. Mauri, M. Antoniotti (2016).** *CABeRNET: a Cytoscape app for augmented Boolean models of gene regulatory NETWORKS*, BMC Bioinformatics (2016) **17**:64
- 53 **G. Caravagna, A. Graudenzi, D. Ramazzotti, R. Sanz-Pamplona, L. De Sano, G. Mauri, V. Moreno, M. Antoniotti, B. Mishra (2016).** *Algorithmic methods to infer the evolutionary trajectories in cancer progression*, PNAS **113**(28): E4025-E4034
- 54 **M. Galli, I. Zoppis, G. De Sio, C. Chinello, F. Pagni, F. Magni, G. Mauri (2016).** *A Support Vector Machine classification of thyroid bioptic specimens using MALDI-MSI data*, Advances in Bioinformatics **2016**, Article ID 3791214
- 55 **C. Damiani, M. Di Filippo, D. Pescini, D. Maspero, R. Colombo, G. Mauri (2017).** *popFBA: tackling intratumour heterogeneity with Flux Balance Analysis*, Bioinformatics, **33**, 2017, i311–i318
- 56 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2017).** *Tissue P Systems with Small Cell Volume*, Fundamenta Informaticae **154**(1-4), 261–275
- 57 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2017).** *The counting power of P systems with antimatter*, Theoretical Computer Science **701**: 161-173
- 58 **C. Cava, A. Colaprico, G. Bertoli, A. Graudenzi, T.C. Silva, C. Olsen, H. Noushmehr, G. Bontempi, G. Mauri, I. Castiglioni (2017).** *SpidermiR: An R/Bioconductor package for*

- integrative network analysis with miRNA data*, International Journal of Molecular Science 18(2), 274
- 59 **M. Galli, F. Pagni, G. De Sio, A. Smith, C. Chinello, M. Stella, V. L'Imperio, M. Manzoni, M. Garancini, D. Massimini, N. Mosele G. Mauri, I. Zoppis, F. Magni (2017).** *Proteomic profiles of thyroid tumors by Mass Spectrometry-Imaging on Tissue Microarrays*, BBA - Proteins & Proteomics 1865(7), 817-827
  - 60 **A. Graudenzi, C. Cava, G. Bertoli, B. Fromm, K. Flatmark, G. Mauri, I. Castiglioni (2017).** *Pathway-based classification of breast cancer subtypes*, Frontiers In Bioscience, Landmark, 22 (10), 1697-1712 ISSN: 1093-9946
  - 61 **A. Tangherloni, M S Nobile, D. Besozzi, G. Mauri, P. Cazzaniga (2017).** *LASSIE: simulating large-scale models of biochemical systems on GPUs*, BMC Bioinformatics (2017) 18:246
  - 62 **A. Tangherloni, MS. Nobile, P. Cazzaniga, D. Besozzi, G. Mauri (2017).** *Gillespie's Stochastic Simulation Algorithm on MIC Coprocessors*, Journal of Supercomputing 73(2): 676-686
  - 63 **M.S. Nobile, L.A. Harris, J.C. Pino, D. Besozzi, P. Cazzaniga, G. Mauri, C.F. Lopez (2017).** *GPU-powered model analysis with PySB and cupSODA*, Bioinformatics 33(21), 3492-3494
  - 64 **D. Vella, I. Zoppis, G. Mauri, P. Mauri, D. Di Silvestre (2017).** *From protein-protein interactions to protein co-expression networks: a new perspective to evaluate large-scale proteomic data*, EURASIP J on Bioinformatics and Systems Biology 2017:6
  - 65 **MS. Nobile, AE. Porreca, S. Spolaor, L. Manzoni, P. Cazzaniga, G. Mauri, D. Besozzi (2017).** *Efficient simulation of reaction systems on Graphics Processing Units*, Fundamenta Informaticae 154(1-4) 307–321
  - 66 **A. Dennunzio, E. Formenti, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca (2017).** *Computational Complexity of Finite Asynchronous Cellular Automata*, Theor Computer Science 664, 131–143
  - 67 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2017).** *Characterising the complexity of tissue P systems with fission rules*, J. of Computer and System Sciences 90, 115-128
  - 68 **L. Rundo, C. Militello, G. Russo, A. Garufi, S. Vitabile, G. Mauri, MC. Gilardi (2017).** *Automated Prostate Gland Segmentation Based on an Unsupervised Fuzzy C-Means Clustering Technique Using Multispectral T1w and T2w MR Imaging*, Information 2017, 8(2), 49
  - 69 **C. Militello, L. Rundo, V. Conti, L. Minafra, FP Cammarata, G. Mauri, MC. Gilardi, N. Porcino (2017).** *Area-Based Cell Colony Surviving Fraction Evaluation: A Novel Fully Automatic Approach Using General-Purpose Acquisition Hardware*, Computers in Biology and Medicine 89(1), 454-465
  - 70 **A. Leporati, L. Manzoni, G. Mauri, A. E. Porreca, C. Zandron (2017).** *A toolbox for simpler active membrane algorithms*, Theoretical Computer Science 673, 42–57
  - 71 **C. Damiani, R. Colombo, D. Gaglio, F. Mastroianni, D. Pescini, H.V. Westerhoff, G. Mauri, M. Vanoni, L. Alberghina (2017).** *A metabolic core model elucidates how enhanced utilization of glucose and glutamine, with enhanced glutamine-dependent lactate production, promotes cancer cell growth: the WarburQ effect*, PLoS Comput Biol 13(9): e1005758



- 72 **V. Conti, L. Rundo, C. Militello, G. Mauri, S. Vitabile (2017).** *Resource-Efficient Hardware Implementation of a Neural-based Node for Automatic Fingerprint Classification*, J of Wireless Mobile Networks, Ubiquitous Computing, and Dependable Applications (JoWUA) **8(4)**,19-36
- 73 **L. Rundo, A. Stefano, C. Militello, G. Russo, MG. Sabini, C. D'Arrigo, F. Marletta, M. Ippolito, G. Mauri, S. Vitabile, MC. Gilardi (2017).** *A Fully Automatic Approach for Multimodal PET and MR Image Segmentation in Gamma Knife Treatment Planning*, Computer Methods and Programs in Biomedicine **144**, 77-96
- 74 **L. Rundo, C. Militello, A. Tangherloni, G. Russo, S. Vitabile, MC. Gilardi, G. Mauri (2018).** *NeXt for Neuro-radiosurgery: A Fully Automatic Approach for Necrosis Extraction in Brain Tumor MRI Using an Unsupervised Machine Learning Technique*, Int J Imaging Systems and Technology (11.11.17) **28**, 21-37
- 75 **M.S. Nobile, G. Pasi, P. Cazzaniga, D. Besozzi, R. Colombo, G. Mauri (2018).** *Fuzzy Self-Tuning PSO: A Settings-free Algorithm for Global Optimization*, Swarm and Evolutionary Computation (07.09.17) **39**, 70-85
- 76 **D. Vella, F. Vitali, D. Di Silvestre, G. Mauri, R. Bellazzi (2018).** *MTGO: PPI network analysis via topological and functional module identification*, Scientific Reports, **8(1)**, 5499
- 77 **C. Cava, G. Bertoli, G. Mauri, I. Castiglioni (2018).** *In-Silico Integration Approach to Identify a Key miRNA Regulating a Gene Network in Aggressive Prostate Cancer*, Int. J. Mol. Sci. 2018, **19(3)**, 910