

**Curriculum comprensivo della propria attività scientifica e didattica,
completo di elenco delle pubblicazioni scientifiche.
Redatto ai sensi degli articoli 46 e 47 del D.P.R. 445/00 (dichiarazioni
sostitutive di certificazioni e dell'atto di notorietà)**

di GIUSEPPE LANCIA

1 NOTIZIE GENERALI

Giuseppe Lancia è nato a Udine li 27/01/1963 ed è residente a Ruda (Ud), via Marconi 41. Coniugato, un figlio. È professore associato, nel SSD MAT/09 (Ricerca Operativa), presso la Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali dell'Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Matematica e Informatica.

La progressione di carriera all'interno dell'Università nel settore disciplinare MAT/09, è stata la seguente:

- 1997 - Ricercatore, Facoltà di Ingegneria, Università di Padova
- 2000 - Ricercatore Confermato, Facoltà di Ingegneria, Università di Padova
- 2002 - Idoneo Prof. Associato, Concorso Facoltà di Economia, Università di Venezia
- 2002 - Prof. Associato, Facoltà di Scienze, Università di Udine
- 2005 - Prof. Associato Confermato, Facoltà di Scienze, Università di Udine
- 2010 - Idoneo Prof. Ordinario, Concorso Facoltà di Ingegneria, Università di Roma 3
- 2013 - Prof. Straordinario, Dip. di Matematica e Informatica, Università di Udine

1.1 Curriculum Studi

Giuseppe Lancia ha conseguito i seguenti titoli di studio:

- 1997, **PhD**, in “Algorithms, Combinatorics and Optimization”, presso la Carnegie Mellon University, Pittsburgh, PA, USA. Argomento: Problemi di ottimizzazione in Biologia Molecolare Computazionale (advisors: prof. Egon Balas, prof. R. Ravi).
- 1993, **Master of Science**, in “Algorithms, Combinatorics and Optimization”, presso la Carnegie Mellon University, Pittsburgh, PA, USA. Argomento: Problemi di Schedulazione (advisor: prof. Egon Balas).
- 1990, **Laurea** in “Scienze dell'Informazione”, voto 110/110 e lode, presso l'Università degli studi di Udine. Argomento: Algoritmi di ottimizzazione e di flusso per problemi di schedulazione a risorse limitate (advisor: prof. Paolo Serafini).

Ha frequentato le seguenti scuole di perfezionamento:

- 2000, **C.I.M.E.** (Centro Internazionale Matematico Estivo, Martina Franca, Italia). Metodi matematici per il disegno e l'analisi della struttura delle proteine.
- 1997, **ESI XV** (15o Euro Summer Institute, Valle d'Aosta, Italia). Schedulazione della Produzione. Approcci Deterministici, Stocastici e Fuzzy.
- 1994, **IMA Summer School** (Institute for Mathematics and its Applications, University of Minnesota, Minneapolis, MN, USA). Biologia Molecolare e Computazionale.

2 ATTIVITÀ DIDATTICA

2.1 Carnegie-Mellon University:

Nel periodo passato alla Carnegie-Mellon University, tra il 1992 e il 1996, Giuseppe Lancia ha svolto attività didattica, per studenti di primo livello (undergraduate) e di secondo livello (Master in Industrial Administration e PhD), in qualità di grader (**G**), teaching assistant (**TA**) o professore a contratto (**P**), nei seguenti corsi:

1. *Advanced Sequencing and Scheduling* (MSIA - **P**).
2. *Graph Theory* (PhD - **G/TA**), titolare prof. G. Cornuejols.
3. *Networks and Matchings* (PhD - **G/TA**), titolare prof. R. Ravi.
4. *Network Algorithms* (MSIA - **G/TA**), titolare prof. E. Balas.
5. *Sequencing and Scheduling* (MSIA - **G/TA**), titolare prof. E. Balas.
6. *Dynamic Programming* (PhD - **G**), titolare prof. P. Serafini (in sabbatico).
7. *Combinatorial Analysis* (Underg - **G**), titolare prof. A. Frieze.

2.2 Università di Padova: (1997-2002)

◊ L'attività didattica di Giuseppe Lancia presso l'Università di Padova, si è svolta principalmente con riferimento agli insegnamenti dei settori disciplinare MAT/09-Ricerca Operativa. Ha tenuto con continuità seminari di teoria ed esercitazione, fatto parte delle commissioni d'esame ed effettuato assistenza a studenti e laureandi per il corso di Ricerca Operativa relativo a:

- Corsi di Laurea in Ingegneria Elettronica, Meccanica, Civile e delle Telecomunicazioni (titolare prof. Romanin Jacur). Argomenti: Teoria dei Grafi, Reti di Flusso e Programmazione Lineare Intera, (A.A. 96/97, 97/98, 98/99, 01/02).
- Corso di Laurea in Ingegneria Informatica (titolare prof. Fischetti). Argomenti: Modelli, Teoria dei Grafi e Reti di Flusso, (A.A. 97/98, 98/99, 99/00, 01/02).

- Corso di Ingegneria Gestionale, sede di Vicenza, (titolare prof. Romanin Jacur). Argomenti: Programmazione Lineare e Intera, Simplex, Teoria dei Grafi, (A.A. 97/98, 98/99, 99/00).
- ◊ **Professore** (titolare di supplenza), *Fondamenti di Informatica*, facoltà di Ingegneria, Università di Padova, A.A. 2001/2002 e 2002/2003
- ◊ Autore di una dispensa sulla Programmazione Lineare Intera, per il corso di Ricerca Operativa per Ingegneria Civile, Elettronica, Meccanica e delle Telecomunicazioni.
- ◊ Autore di una dispensa sulla Complessità Computazionale, per il corso di Ricerca Operativa per Ingegneria Civile, Elettronica, Meccanica e delle Telecomunicazioni.
- ◊ Correlatore di varie tesi di laurea in Algoritmi di Ottimizzazione/Ricerca Operativa (con particolare interesse alle applicazioni alla Biologia Molecolare).
- ◊ Partecipazione a numerose sessioni di Laurea in Ingegneria Informatica, Elettronica e delle Telecomunicazioni, in qualità di membro della commissione. Partecipazione alla commissione per l'Esame di Stato per l'abilitazione all'esercizio della Professione di Ingegnere.

2.3 Università di Udine: (2002-)

- ◊ **Professore** (carico didattico), *Matematica Discreta* (biotecnologie), fac. di Scienze, A.A. 2003→2010.
- ◊ **Professore** (carico didattico), *Matematica Discreta* (informatica e TWM), fac. di Scienze, A.A. 2011→.
- ◊ **Professore**, (supplenza retribuita e carico didattico) *Modelli e Algoritmi per la Gestione delle Risorse*, corso di laurea in Informatica (dal 2006/07 corso valido anche come *Ottimizzazione 3* per studenti di Matematica), A.A. 2002→.
- ◊ **Professore**, (supplenza retribuita) *Algoritmi Avanzati*, corso di laurea in Informatica, A.A. 2006/07.
- ◊ **Professore** (carico didattico), *Bioinformatica*, c.so in Biotecnologie, fac. di Scienze, A.A. 2004→.
- ◊ **Professore** (incarico retribuito), *Informatica Integrata nelle Scienze*, corso di Scuola di Specializzazione per l'Insegnamento nella Scuola Secondaria, A.A. 2003/2004, 2005/06, 2007/2008.
- ◊ **Professore** (incarico gratuito), *Algoritmi di Approssimazione*, scuola di Dottorato in Informatica, (2010/2011).
- ◊ Autore della dispensa *Matematica Discreta* della dispensa *Algoritmi di Approssimazione* per i corsi M.A.G.R. e Algoritmi avanzati.
- ◊ Relatore e correlatore di varie tesi di laurea.

◊ Membro di varie commissioni di laurea ed esami di ammissione.

2.4 Corsi di dottorato e scuole di specializzazione

◊ **Docente**, corso di *Biologia Computazionale*, scuola di dottorato in Informatica, Università di Trento, Maggio 2002

◊ Lettura “Modelli di Ottimizzazione in Biologia Molecolare Computazionale”, Scuola decennale C.I.R.O., Università di Siena, Giugno 2002

◊ **Docente**, corso di *Ottimizzazione in Biologia Computazionale*, scuola di dottorato in Matematica Computazionale, Università di Padova, Settembre 2003, Settembre 2004.

◊ **Docente**, corso di *Algoritmi di Approssimazione*, scuola di dottorato in Matematica Computazionale, Università di Padova, A.A. 2007/08, 2008/09.

◊ **Docente**, corso di *Applicazioni di Ottimizzazione Discreta*, facoltà di Ingegneria, Politecnico di Milano (22 ore, 2.5 crediti, per laurea, laurea specialistica e dottorato. Ingegneria e Matematica), Aprile-Maggio 2005

◊ **Docente**, corso *Optimization Models for Biology Problems*, (8h), University of Colorado at Denver, Luglio 2005.

◊ **Docente**, corso *Optimization methods for Computational Biology*, (12h) Second International School on Biology, Computation and Information (BCI 2005), Dobbiaco (BZ), Settembre 2005.

2.5 Altro

Dal 2002, Giuseppe Lancia è *adjunct professor* presso le facoltà di Mathematics and Computer Science dell’University of Colorado at Denver (USA).

Dal 2005 al 2009, Giuseppe Lancia è stato membro del collegio di indirizzo del dottorato in Matematica Computazionale, Università di Padova.

Dal 2009, Giuseppe Lancia è membro del collegio di indirizzo del dottorato in Informatica, Università di Udine.

3 Attività scientifica

◊ L’attività scientifica di Giuseppe Lancia si è svolta principalmente presso il Dipartimento di Elettronica e Informatica della Facoltà di Ingegneria dell’Università di Padova, presso il Dipartimento di Matematica e Informatica della Facoltà di Scienze dell’Università di Udine, e, in gran parte, presso vari laboratori e istituti di ricerca internazionali.

Giuseppe Lancia è stato infatti **visiting scientist** su invito, presso le seguenti scuole e laboratori di prestigio internazionale:

1. Luglio–Agosto 1998. Presso la Graduate School of Industrial Administration, **Carnegie Mellon University**, su invito del prof. R. Ravi, dove ha sviluppato il programma GESTALT per l'allineamento di sequenze genomiche.
2. Novembre 1999–Novembre 2000. Presso i **Sandia National Laboratories**, U.S. Government, Albuquerque, USA, su invito del dr. S. Istrail, dove si è occupato di ricerca nel campo della programmazione lineare intera (sviluppo del software PICO, Parallel Integer Combinatorial Optimization) e delle sue applicazioni alla Biologia Molecolare Computazionale.
3. Dicembre 2000–Giugno 2001. Presso il dipartimento di *Informatics Research* della **Celera Genomics**, Rockville, MD. su invito del dr. Gene Myers, dove ha collaborato al lavoro di sequenziamento e organizzazione della prima decodificazione del genoma umano. Su tale sua esperienza (unico italiano nel team di bioinformatici di Celera al lavoro sul sequenziamento del genoma umano) sono apparsi articoli su alcuni quotidiani italiani, tra cui il *Corriere della Sera*, *Il Giornale*, *La Stampa*, *La Repubblica*, *Il Gazzettino*.
4. Luglio 2003–Agosto 2003. Presso il dipartimento di Computer Science della **University of Newcastle**, Australia, su invito del prof. P. Moscato, dove si è occupato di problemi di ottimizzazione e data mining relativi a polimorfismi nucleotidici.
5. Gennaio 2004–Marzo 2004. Presso i laboratori del **Mathematical Biosciences Institute** (MBI), Columbus, OH, su invito dei dr. Avner Friedman e Vineet Bafna.
6. Ottobre 2004–Novembre 2004. Presso i laboratori della **RUTCOR** (Rutgers Center for Operations Research), Rutgers University, New Brunswick, NJ, su invito del prof. Peter Hammer.
7. Giugno 2005–Luglio 2005. Presso la **Tepper School of Business** della Carnegie Mellon University, Pittsburgh, PA, su invito del prof. R. Ravi, dove ha lavorato a modelli approssimati ed esatti, basati su programmazione lineare intera, per l'associazione di malattie a genotipi umani.
8. Febbraio 2006–Marzo 2006. Presso i laboratori dell'**IRISA/INRIA** di Rennes (Francia) su invito del prof. Rumen Andonov, con cui ha collaborato allo sviluppo di modelli di programmazione lineare intera per il confronto di strutture proteiche.
9. Febbraio 2008–Marzo 2008. Presso i **Sandia National Laboratories**, U.S. Government, Albuquerque, USA, su invito del dr. R. Carr, dove si è occupato di un'applicazione di tecniche di programmazione lineare intera alternative alla programmazione semidefinita per il problema del maxcut.

L'attività di ricerca di Giuseppe Lancia si è incentrata principalmente su aspetti teorici e applicativi relativi a Ottimizzazione Combinatoria e Programmazione Matematica. Gli aspetti teorici hanno riguardato formulazioni compatte di modelli di programmazione intera, schemi di approssimazione polinomiale, algoritmi approssimati. Gli aspetti applicativi hanno

riguardato network design, schedulazione e, soprattutto, applicazioni della Programmazione Matematica al campo della biologia computazionale.

L'attività di Giuseppe Lancia ha contribuito alla divulgazione delle sofisticate tecniche matematiche proprie della Ricerca Operativa (quale la Programmazione Lineare Intera), per la soluzione di problemi NP-hard in Biologia Computazionale, affiancandole a tecniche più note e approcci già consolidati nel settore, quali programmazione dinamica e algoritmi approssimati. In effetti, la sua stessa formazione universitaria lo porta a considerare i problemi da diversi punti di vista: il corso di dottorato in Algorithms, Combinatorics and Optimization presso la Carnegie-Mellon (unico al mondo all'epoca, ora ne esistono di simili in varie università USA) è infatti la sintesi di 3 dottorati riuniti in uno: gli studenti ammessi (solo 5 su oltre 200 domande, nel caso specifico) erano tenuti a superare i corsi di dottorato, e sostenere i rispettivi *qualifiers*, presso i dipartimenti di Computer Science (Algorithms), Mathematics (Combinatorics) e Operations Research (Optimization).

◊ Dal 1997 ad oggi, Giuseppe Lancia ha svolto ricerche, come membro di unità, nell'ambito di vari Progetti Nazionali cofinanziati, PRIN e FIRB, tra cui

1. Cofin. MIUR, PRIN, *Modelli di data mining e di ottimizzazione per le applicazioni biologiche e mediche*, Area 01 - Scienze matematiche e informatiche (coord. naz. Vercellis, coord. loc. Lancia), 2007
2. Cofin. MIUR, FIRB, *Bioinformatica per la Genomica e la Proteomica*, (coord. naz. Saccone, coord. loc. R. Giancarlo), 2003 (rinnovato fino al 2006)
3. Cofin. MIUR, PRIN, *Scoperta di Motivi in BioSequenze: Combinatoria ed Algoritmi*, Area 09 - Ingegneria industriale e dell'informazione (coord. naz. Apostolico, coord. loc. Apostolico), 2003
4. Cofin. MIUR, PRIN, *Ottimizzazione e simulazione nei sistemi manifatturieri complessi e nei sistemi aeroportuali*, Area 01 - Scienze matematiche e informatiche, (coord. naz. Agnetis, coord. loc. Romanin Jacur), 2001
5. Cofin. MIUR, PRIN, *Modelli, Algoritmi e Programmi per l'Analisi di Biosequenze*, Area 05 - Scienze biologiche (coord. naz. Saccone, coord. loc. Apostolico), 1999
6. Cofin. MURST, 40% *M.O.S.T.*, Area 09 - Ingegneria industriale e dell'informazione, (coord. naz. Di Pillo, coord. loc. Serafini), 1997.

◊ L'attività organizzativa di Giuseppe Lancia comprende l'organizzazione di scuole, workshop e seminari (ad esempio, nel periodo 97-99, seminari bi-settimanali per un gruppo di bioinformatica presso l'Università di Padova), la partecipazione a comitati di programma di prestigiose conferenze internazionali (tra cui RECOMB, la prima e principale conferenza al mondo di computational biology per informatici teorici) nonché varie mansioni editoriali.

Nel 1998, Giuseppe Lancia è stato organizzatore, coordinatore, e **co-chair**, unitamente ai proff. Serafini (Università di Udine) e R. Ravi (Carnegie Mellon University, USA) della prima

Scuola Internazionale in Biologia Computazionale in Italia, presso il C.I.S.M. di Udine, con partecipazione di docenti di assoluto prestigio (tra cui Richard Karp, Pavel Pevzner, Gene Myers, Dan Gusfield, Martin Farach, ed altri)

Giuseppe Lancia è stato membro dei seguenti **program committee** internazionali:

- *1st International IEEE Symposium on 3D data Processing Visualization and Transmission*, Padova, 2002
- *2nd WABI* (E.A.T.C.S. Workshop on Algorithms in Bioinformatics), Roma, 2002.
- *7th RECOMB* (A.C.M. Conference on Comp. Biol.), Washington D.C., 2003.
- *8th RECOMB* (A.C.M. Conference on Comp. Biol.), UCSD, S. Diego, 2004.
- *9th RECOMB* (A.C.M. Conference on Comp. Biol.), MIT, Boston, 2005.
- *5th WABI* (E.A.T.C.S. Workshop on Algorithms in Bioinformatics), Ibiza, 2005.
- *3rd RECOMBCG* (Annual RECOMB Satellite meeting on Comparative Genomics), Dublin, 2005.
- *4th BCB* (Annual Bertinoro Computational Biology Meeting), Bertinoro, 2005.
- *10th RECOMB* (A.C.M. Conference on Comp. Biol.), Venice, 2006.
- *1st FIMA International Conference*, Champoluc, 2006
- *6th ENC* (Annual Encuentro Internacional de Ciencias de la Computacion), Sant Louis Potosi, Mexico, 2006
- *5th ECCB* (European Conference on Computational Biology), Eilat, Israel, 2006
- *7th BIOKDD* (International Workshop on Data Mining in Bioinformatics), S.Jose, USA, 2007
- *8th BIOKDD* (International Workshop on Data Mining in Bioinformatics), Las Vegas, USA, 2008
- *5th BMEI* (International Conference on BioMedical Engineering and Informatics), Chongqing, China, 2012

Nel 2003 e 2004, Giuseppe Lancia è stato **associate editor** di

INFORMS Journal on Computing

curando uno special issue dedicato alla Ricerca Operativa per la Biologia Computazionale e Bioinformatica.

Nel 2006 e 2007, Giuseppe Lancia è stato **associate editor** di

BMC Bioinformatics

curando uno special issue dedicato a selected papers dalla conferenza RECOMB 2006.

È membro dell'**editorial board** di *Algorithms* (ISSN 1999-4893).

◇ Ha collaborato e collabora, in qualità di **referee**, con numerose riviste internazionali:

- 4OR
- Algorithmica
- Annals of Operations Research
- Bioinformatics
- CABIOS
- Discrete Applied Mathematics
- European Journal of Operational Research
- IEEE Transactions on Bioinformatics and Computational Biology
- INFORMS Journal on Computing
- Journal of the ACM
- Journal of Bioinformatics and Computational Biology
- Journal of Computational Biology
- Journal of Discrete Algorithms
- Networks
- Operations Research
- SIAM Journal on Computing
- SIAM Journal of Discrete Mathematics
- Theoretical Computer Science

È stato revisore di progetti di cofinanziamento nazionale (stile PRIN) stranieri, tra cui la *Netherlands Organization for Scientific Research* (2009) e la *Portuguese Foundation for Science and Technology* (2010).

Ha inoltre svolto attività di referaggio per conferenze internazionali quali *European Symposium on Algorithms* (ESA), *ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms* (SODA), *Combinatorial Pattern Matching* (CPM), *REsearch in COMputational Biology* (RECOMB), *Workshop on Algorithms in Bioinformatics* (WABI), *Workshop on Algorithms and Data Structures* (WADS), *Workshop on Efficient and Experimental Algorithms* (WEA), *Pacific Symposium on Biocomputing* (PSB).

◇ Ha partecipato a numerosi Congressi Nazionali ed Internazionali, presentando relazioni scientifiche, ed ha presentato dei seminari su invito presso alcune prestigiose Università e laboratori mondiali. Tra gli interventi più rilevanti abbiamo:

- (**Plenary lecture**) Congresso annuale della Associazione Ricerca Operativa Croata, (KOI, Trogir, 2002),
- (**Plenary**) Primo congresso della Federazione Italiana di Matematica Applicata (F.I.M.A., Champoluc, 2006)

- **(Plenary lecture)** *Giornata dell'Istituto Nazionale di Alta Matematica, INDAM*, (Milano, 2006).
- **(Semi-plenary lecture)** Congresso annuale dell'AIRO, 2005
- speaker su invito alla conferenza MIP 2006 (Miami).
- **(Plenary lecture)** 2nd Workshop em Bio-Optimizacao, (Lisbona, 2012),

Seguono alcune delle presentazioni tenute personalmente:

1. *Combinatorial Optimization and Computational Biology*, 2nd W. Em Bio-Optimizacao (plenary lecture), Lisboa, Settembre 2012
2. *Mathematical Programming approaches for the comparison of 3D protein structures*, 2nd W. Em Bio-Optimizacao, Lisboa, Settembre 2012
3. *Integer Programming Formulations for Sorting Permutations and Genome Rearrangement Problems*, AIRO2012, Salerno, Settembre 2012
4. *Tiling binary matrices in Haplotyping: Complexity, Algorithms and Models*, The Prague Stringology Conference (PSC10), Praga, CZ, Settembre 2010
5. *A tour of combinatorial optimization through a single problem: Max Parsimony Haplotyping*, Seminario Permanente di Ottimizzazione, Firenze, Febbraio 2009
6. *Local Search Inequalities*, AIRO2008, Ischia, Settembre 2008
7. *Strengthening the SDP approach for MaxCut via Branch-and-Cut*, SANDIA Natl. Labs, Albuquerque, USA, Febbraio 2008
8. *CollHaps: a heuristic approach to haplotype inference by parsimony*, EURO XXII, Praga, CZ, Luglio 2007
9. *Flipping letters to minimize the support of a string*, The Prague Stringology Conference (PSC06), Praga, CZ, Settembre 2006
10. *Combinatorial, Mathematical and Algorithmic Challenges of Computational Biology*, Giornata INDAM, Milano, Giugno 2006
11. *Mathematical Programming Approaches in Computational Biology*, MIP 2006: Workshop on Mixed Integer Programming, Miami, USA, Giugno 2006
12. *The combinatorics of haplotype reconstruction*, I.R.I.S.A., Rennes, Francia, Febbraio 2006
13. *The phasing of heterozygous traits: algorithms and complexity*, (plenary lecture), 1st FIMA conference, Champoluc, Gennaio 2006
14. *The String Barcoding Problem is NP-Hard*, RECOMB-CG, Dublin, Ireland, Settembre 2005
15. *Combinatorial Problems in the analysis of Human Polymorphisms*, (semi-plenary lecture), AIRO05, Camerino, Settembre 2005
16. *Operations Research in the Life Sciences* University of Denver, CO, USA, Luglio 2005
17. *Integer Programming Approaches to Protein Structure Comparison*, GENOT3D, Nizza, Francia, Maggio 2005
18. *Combinatorial problems in genotyping*, IASI C.N.R., Roma, Febbraio 2005

19. *Un viaggio nella biologia computazionale*, Politecnico di Milano, Gennaio 2005
20. *Optimization Problems in Polymorphism Analysis*, INFORMS meeting, University of Denver, Denver, CO, USA, Ottobre 2004
21. *A journey through computational biology (with an eye for optimization problems)*, RUTCOR, Rutgers University, New Brunswick, NJ, USA, Ottobre 2004
22. *Mathematical programming techniques in computational biology*, CBC, Scuola estiva Dobbiaco (Bz), Settembre 2004
23. *Reducing the k-mer diversity of a string*, AIRO2004, Lecce, 2004.
24. *Combinatorial Optimization Problems for Human Polymorphisms*, Mathematical Bioscience Institute, Columbus, OH, USA, Febbraio 2004
25. *An Optimization approach to SNP Analysis*, Florida State University, Gainesville, FL, USA, Febbraio 2004
26. *An Introduction to Computational Biology*, Ohio State University, Columbus, OH, USA, Febbraio 2004
27. *Combinatorial Optimization Problems in SNP analysis*, University of Newcastle, Newcastle, Australia, Agosto 2003
28. *Combinatorial Optimization Problems in SNP analysis*, I.N.R.I.A., Lion, Francia, Febbraio 2003
29. *Matematica e Genoma*, Liceo Scientifico Paleocapa, Rovigo, Aprile 2003
30. *Combinatorial Optimization Problems in the Study of Human Diversities*, (Plenary lecture), KOI 2002, Trogir, Croazia, Ottobre 2002
31. *Practical Algorithms and Fixed-Parameter Tractability for the Single Individual Haplotyping Problem*, WABI 2002, Roma, Settembre 2002
32. *Optimal and near optimal solutions for 3D structure comparisons*, IEEE 3DPVT 2002, Padova, Giugno 2002
33. *Optimization Models in Computational Molecular Biology*, Scuola C.I.R.O., Università di Siena, Giugno 2002
34. *Structural Alignment of Large-size Proteins by Lagrangian Relaxation*, ACM RECOMB02, Washington D.C., USA, Aprile 2002
35. *Identifying SPNs alleles in DNA sequences*, Università di Trento, Febbraio 2002
36. *Computational Molecular Biology: an Overview of Some Representative Problems*, Istituto per la Ricerca Scientifica e Tecnologica, Trento, Novembre 2001
37. *A Successful Application of Compact Optimization: The Protein Folding Comparison Problem*, AIRO2001, Villasimius, Settembre 2001
38. *SNPs Problems, Complexity and Algorithms*, ESA01, Aarhus, Danimarca, Agosto 2001
39. *Easy and Hard Cases of SNP Haplotyping Problems*, EURO2001, Rotterdam, Olanda, Luglio 2001
40. *101 Optimal PDB Structure Alignments: A Branch-and-Cut Algorithm for the Maximum Contact Map Overlap Problem*, ACM RECOMB01, Montreal, Canada, Aprile 2001

41. *Experimental and Statistical Analysis of Sorting by Reversals*, Gene Order Dynamics, Comparative Maps and Multigene Families (DCAF), Montreal, Canada, Settembre 2000
42. *Exact Methods for Protein Structure Alignment*, C.I.M.E. summer school, Martina Franca, Luglio 2000
43. *Branch and Bound in Computational Biology. Applications to genetic markers, genome rearrangements and structure alignment*, Celera Genomics, Rockville, MD, Giugno 2000
44. *Contact Map Overlap and Related Independent Set Problems*, CS Colloquia Series, University of New Mexico, Albuquerque, Maggio 2000
45. *GESTALT: GENomic STEiner ALIGNment*, CPM 99, Warwick, England, Luglio 1999
46. *A Branch-and-Price Algorithm for Minimum Routing Cost Trees*, 3rd Combinatorial Optimization Workshop, Aussois, France, Marzo 1999
47. *An exact algorithm for Minimum Routing Trees. An application to computational biology.*, MOST, Giornate AIRO, Treviso, Settembre 1998
48. *Using Trees to Align Genomic Sequences*, Graduate School of Industrial Administration, Carnegie Mellon University, Pittsburgh, USA, Agosto 1998
49. *A Branch-and-Price Algorithm for Minimum Routing Trees*, SIAM conference on Discrete Mathematics, Toronto, Canada, Luglio 1998
50. *Column Generation in Computational Biology. Algorithms for Genome Rearrangements and Multiple Sequence Alignment*, Sandia National Labs, Albuquerque, USA, Gennaio 1998
51. *A PTAS for Minimum Routing Cost Spanning Trees*, ACM-SIAM SODA98, S. Francisco, USA, Gennaio 1998
52. *The 2-machine Loading/Scheduling Problem*, ESI XV, St. Vincent, Settembre 1997
53. *Job Shop Scheduling with Deadlines*, AIRO97, St. Vincent, Settembre 1997
54. *Job Shop Scheduling with Deadlines*, ISMP97, Lousanne, Switzerland, Agosto 1997
55. *Banishing Bias from Consensus Sequences*, CPM 97, Aarhus, Denmark, Luglio 1997
56. *Scheduling with Deadlines and Forbidden Times*, INFORMS 96, Washington DC, Aprile 1996
57. *Combinatorial Optimization Problems in Molecular Biology*, Politecnico of Torino, Gennaio 1996
58. *A Column-Generation Based Branch And Bound Algorithm for Sorting by Reversals*, DIMACS Workshop in Computational Biology, New Brunswick, NJ, Settembre 1995
59. *Combinatorial Optimization Problems in Molecular Biology*, Università di Udine, Giugno 1995
60. *Molecular Biology and Related Combinatorial Problems*, Università di Bologna, e Università di Padova, Settembre 1994
61. *Scheduling with Deadlines and Forbidden Times*, Università of Pisa, Dicembre 1993
62. *Resource-Constrained Project Scheduling Problems*, Workshop on Advances in Methodology and Software in Decision Support Systems, IIASA, Laxenburg, Austria, Agosto 1990

- ◊ Nel 1997, Giuseppe Lancia è stato selezionato tra 30 giovani scienziati europei ammessi al XV Euro Summer Institute, St. Vincent, su problemi di schedulazione.
- ◊ Nel 1999 ha partecipato, su invito, al 3rd Combinatorial Optimization Workshop, Aussois, Francia.
- ◊ È attualmente, o è stato in passato, membro del SIAM (Society for Industrial Applied Mathematics), CIRO (Centro Interuniversitario per la Ricerca Operativa), INFORMS (Institute for Operations Research and the Management Sciences), AIRO (Associazione Italiana di Ricerca Operativa), ISCB (International Society for Computational Biology), BITS (Bioinformatics Italian Society).
- ◊ Ha ricevuto i seguenti **Premi e Riconoscimenti**:
 - A.C.O. grant, 1995/97, Carnegie-Mellon University.
 - William Larimer Mellon Fellowship grant, Carnegie-Mellon University, 1991-1994.
 - Vincitore Borsa di Studio per attività di Perfezionamento o Specializzazione presso Istituzioni Estere, un anno, Area delle Scienze Matematiche, Ministero Dell'Università e della Ricerca Scientifica e Tecnologica, Università degli studi di Udine, D.R. 1140, 1991.
 - Borsa di Studio per Laureandi in Discipline Afferenti al Comitato Nazionale per le Scienze Matematiche (a cui ha rinunciato), C.N.R., Bando 209.01.54, 1990.

4 Elenco Completo Pubblicazioni

Le pubblicazioni di Giuseppe Lancia sono apparse/accettate sulle seguenti riviste: **INFORMS Journal on Computing, Networks, SIAM Journal on Computing, Operations Research Letters, European Journal of Operational Research, Annals of OR, 4OR, Journal of Combinatorial Optimization, Discrete Applied Mathematics, Theoretical Computer Science, International Journal of Foundations of Computer Science, Journal of Computer Science and Technology, Computers and Mathematics with Applications, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, Journal of Computational Biology, American Journal on Human Genetics, Briefings in Bioinformatics**. Inoltre alcune pubblicazioni sono apparse nei proceedings di conferenze molto selettive quali **ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms (SODA), ACM REsearch in COMputational Biology (RECOMB), European Symposium on Algorithms (ESA) e Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI)**, la cui soglia di accettazione è di un lavoro su 4. Infine ha contribuito con capitoli in volumi quali **Springer Encyclopedia of Algorithms, Springer International series in Operations Research and Management Science, DIMACS Series in Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science e Kluwer Series in Computational Biology**.

- **Problemi di Schedulazione.**

Nell'ambito del noto problema del Job Shop, si è studiata la generalizzazione al caso di deadlines e forbidden times per il minimo makespan ([30, 81]), e un modello di programmazione intera con generazione colonne per il minimo tempo medio di completamento ([78]). Di tale modello è stata anche studiata la formulazione compatta ([46]).

In [83] si è proposto un metodo efficiente di enumerazione per la soluzione del problema di schedulazione periodica. Infine, in [27, 96] si descrive un branch-and-bound per il problema di min makespan su due macchine parallele indipendenti.

- **Network Design.**

Dato un grafo pesato, il routing cost di un albero di supporto è la somma delle lunghezze dei cammini fra ogni coppia di nodi. In [28, 58] viene descritto un Polynomial Time Approximation Scheme per tale problema e in [79] si illustra una applicazione all'allineamento di sequenze genomiche. La soluzione esatta del problema, per via poliedrale, viene studiata in [25, 80].

- **Programmazione Matematica.**

In [24, 91] viene proposto un metodo per la formulazione compatta di alcuni modelli con un numero esponenziale di vincoli/variabili. Un'applicazione in cui il metodo ha successo è descritta in [17].

In [63] introduciamo una nuova classe di disuguaglianze generali per modelli ILP, che possono essere usate per velocizzare l'esplorazione di un albero di ricerca branch-and-bound.

- **Applicazioni della Ricerca Operativa in Biologia Molecolare Computazionale.**

Sono stati utilizzati metodi tipici dell'ottimizzazione combinatoria per risolvere problemi di analisi/interpretazione/correzione di dati genomici provenienti da esperimenti di biologia molecolare. In particolare, metodi branch-and-price e statistici per il calcolo di distanze evolutive fra genomi ([38, 39, 90, 26, 56, 93, 95, 82]), metodi euristici e basati su LP Randomized Rounding per l'allineamento di biosequenze ([57, 59]), branch-and-bound per problema del genotyping ([29, 31, 32, 94]), branch-and-cut per l'allineamento di strutture proteiche tridimensionali ([54, 92, 77, 74]), nonché un approccio basato su rilassamento Lagrangiano per il medesimo problema ([49, 21]). Surveys di questi ed altri metodi sono apparsi in [37, 35], mentre [20] fornisce una panoramica di approcci basati sulla programmazione lineare intera. Sono stati sviluppati algoritmi polinomiali per casi speciali del problema di Haplotyping di individui ([16, 53, 23, 75]) e popolazioni ([22, 18, 15, 6]). In [19] (lead article in INFORMS Journal on Computing, vol. 16, 2004) abbiamo fornito alla comunità della programmazione matematica una guida alla biologia computazionale nonché una serie di problemi aperti di ottimizzazione. In [48, 14] abbiamo dimostrato che un noto problema (string barcoding), che si congetturava essere NP-hard, lo è effettivamente.

- **Applicazioni della Ricerca Operativa in Chimica Molecolare.**

In [55] è stata studiata la complessità computazionale di alcuni problemi di costruzione di grafi con determinate proprietà topologiche. Ad esempio grafi in cui la somma delle lunghezze dei cammini minimi (Wiener Index) ha un determinato valore. Quando i nodi rappresentano atomi e gli archi legami chimici si hanno applicazioni in chimica combinatorica. Una congettura da noi formulata in [55] è stata oggetto di numerosi articoli da parte di vari autori, ma a tuttoggi non è stata confutata nè dimostrata.

- **Problemi combinatorici di varia natura.**

In [10, 47] abbiamo studiato un problema combinatorico su stringhe. Ci si chiede qual'è il numero minimo di sottostringhe diverse che una stringa può contenere se un certo numero di caratteri originali possono essere cambiati. Abbiamo analizzato la complessità parametrica del problema, caratterizzando i casi polinomiali e quelli NP-hard.

Citazioni

(Dati aggiornati ad agosto 2008:) L'articolo più citato (fonte [Google Scholar](#)) è [28] con 111 citazioni. Seguono [22] con 87 citazioni, [31] con 73 citazioni e [54] con 67 citazioni. Il mio *h*-index è 16 (almeno 16 lavori hanno almeno 16 citazioni ciascuno - fonte [Google Scholar](#)).

Riferimenti bibliografici

4.1 Pubblicazioni su riviste internazionali

- [1] G. Lancia and P. Serafini, “Compact and pseudo-compact optimization for large-scale LP problems”, **Mathematical Programming**, (submitted), 2013.
- [2] G. Lancia, R. Ravi, R. Rizzi and R. Schwartz, “Complexity, algorithms and models for the optimal tiling of binary matrices”, **Discrete Applied Mathematics**, (submitted), 2013.
- [3] Bansal N., Fischetti M., Lancia G., Letchford A., Lodi A., Monaci M., Pferschy U. Pisinger D., Salazar-Gonzales J.J., Sviridenko M., Toth P. (2013). “Alberto Caprara (1968-2012): Scientific Contributions”, **Optima**, vol. 91, 1–11, 2013.
- [4] G. Lancia and P. Serafini, “An effective compact formulation of the max cut problem on sparse graphs”, **Electronic Notes in Discrete Mathematics**, 37, 111-116, 2011.
- [5] G. Lancia, F. Rinaldi and P. Serafini, “A time-indexed LP-based approach for min-sum job-shop problems”, **Annals of Operations Research**, 186, 175–198, 2011.
- [6] L. Tininini, P. Bertolazzi, A. Godi, and G. Lancia, “CollHaps: a heuristic approach to haplotype inference by parsimony”, **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**, 7(3), 511-523, 2010.

- [7] G. Lancia, P. Serafini, “A set covering approach with column generation for parsimony haplotyping”, **INFORMS Journal on Computing**, 21(1), 151–166, 2009.
- [8] G. Lancia, “Mathematical Programming in Computational Biology: An Annotated Bibliography”, **Algorithms**, 1(2), 100–129, 2008.
- [9] G. Lancia, R. Ravi and R. Rizzi, “Haplotyping for disease association: a combinatorial approach” **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**, 5(2), 245–251, 2008.
- [10] G. Lancia, F. Rinaldi and R. Rizzi, “Flipping letters to minimize the support of a string”, **International Journal of Foundations of Computer Science**, 19(1), 5–17, 2008.
- [11] P. Bertolazzi, P. Festa, G. Felici and G. Lancia, “Logic Classification and Feature Selection for Biomedical Data”, **Computers and Mathematics with Applications**, 55(5), 889–899, 2008.
- [12] G. Lancia, “The phasing of heterozygous traits: algorithms and complexity”, **Computers and Mathematics with Applications**, 55(5), 960–969, 2008.
- [13] A. Apostolico, R. Giancarlo, C. Guerra, and G. Lancia. “Articles selected from posters presented at the Tenth Annual International Conference on Research in Computational Biology” **BMC Bioinformatics**, 8(Suppl 5):1–3, 2007.
- [14] G. Lancia and R. Rizzi, “The Approximability of the String Barcoding Problem”, **Algorithms for Molecular Biology**, 1(12), 2006.
- [15] G. Lancia and R. Rizzi, “A polynomial case of the parsimony haplotyping problem”, **Operations Research Letters**, 34(3), 289–295, 2006.
- [16] V. Bafna, S. Istrail, G. Lancia, R. Rizzi, “Polynomial and APX-hard Cases of the Individual Haplotyping Problem”, **Theoretical Computer Science**, 335(1):109–125, 2005.
- [17] R. D. Carr and G. G. Lancia, “Compact optimization can outperform separation: A case study in structural proteomics”, **4OR**, 2(3):221–233, 2004.
- [18] G. Lancia, C. Pinotti, R. Rizzi, “Haplotyping Populations by Pure Parsimony: Complexity, Exact and Approximation Algorithms”, **INFORMS Journal on Computing**, 16(4):17–29, 2004.
- [19] H. Greenberg, W. Hart, G. Lancia, “Opportunities for Combinatorial Optimization in Computational Biology”, **INFORMS Journal on Computing**, 16(3):1–22, 2004.
- [20] G. Lancia, “Integer Programming Models for Computational Biology Problems”, **Journal of Computer Science and Technology**, 19(1):60–77, 2004.

- [21] A. Caprara, B. Carr, S. Istrail, G. Lancia and B. Walenz, “1001 optimal PDB structure alignments: Integer Programming methods for finding the maximum contact map overlap”, **Journal of Computational Biology**, 11(1):27–52, 2004.
- [22] V. Bafna, D. Gusfield, G. Lancia, and S. Yooseph, “Haplotyping as Perfect Phylogeny: A Direct Approach”, **Journal of Computational Biology**, 10(3-4):323–340, 2003.
- [23] R. Lippert, R. Schwartz, G. Lancia and S. Istrail, “Algorithmic Strategies for the SNPs Haplotype Assembly Problem”, **Briefings in Bioinformatics**, 3(1):23–31, 2002.
- [24] R. D. Carr and G. Lancia, “Compact vs Exponential-Size LP Relaxations”, **Operations Research Letters**, 30(1):57–65, 2002.
- [25] M. Fischetti, G. Lancia and P. Serafini, “Exact Algorithms for Minimum Routing Cost Trees”, **Networks**, 39(3):161–173, 2002.
- [26] A. Caprara, G. Lancia, S.K. Ng, “Sorting Permutations by Reversals through Branch-and-Price”, **INFORMS Journal on Computing**, (13)3:224–244, 2001.
- [27] G. Lancia, “Scheduling Jobs with Release Dates and Tails on Two Unrelated Parallel Machines to Minimize the Makespan”, **European Journal of Operational Research**, (120)2:277–288, 2000.
- [28] B.Y. Wu, G. Lancia, V. Bafna, K. M. Chao, R. Ravi and C. Y. Tang, “A Polynomial-time Approximation Scheme for Minimum Routing Cost Spanning Trees”, **SIAM Journal on Computing**, 29(3):761–778, 1999.
- [29] G. Lancia and M. Perlin, “Genotyping of Pooled Microsatellite Markers by Combinatorial Optimization Techniques”, **Discrete Applied Mathematics**, (88)1-3:291–314, 1998.
- [30] E. Balas, G. Lancia, P. Serafini and A. Vazacopoulos, “Job Shop Scheduling with Deadlines”, **Journal of Combinatorial Optimization**, 1(4):329–353, 1998.
- [31] M. Perlin, G. Lancia and S.K. Ng, “Toward Fully Automated Genotyping: Genotyping Microsatellite Markers by Deconvolution”, **American Journal of Human Genetics**, 57(5):1199–1210, 1995.
- [32] S. K. Ng, G. Lancia, and M. W. Perlin, “Fully automated genotyping of microsatellite markers by deconvolution (GMBD)”, **American Journal of Human Genetics**, 57(4 Supplement): A198, 1995.

4.2 Capitoli in volumi con valutazione a diffusione internazionale

- [33] F. Vezzi, G. Lancia and A. Policriti, “Algorithms and Data Structures for Next Generation Sequences”, in “Biological Knowledge Discovery Handbook: Preprocessing, Mining and Postprocessing of Biological Data”, (M. Elloumi and Y. Zomaya eds.), Wiley-Blackwell, 225–250, 2014.
- [34] P. Bertolazzi, G. Felici and G. Lancia, “Application of Feature Selection and Classification to Computational Molecular Biology”, in “Biological Data Mining”, (Chen and Lonardi eds.) Chapman & Hall/CRC Press, 257–293, 2009.
- [35] G. Lancia, “Perfect phylogeny haplotyping”, in “Encyclopedia of Algorithms”, (Ming-Yang Kao ed.), Springer, 646–650, 2008.
- [36] G. Lancia, “Applications to Computational Molecular Biology”, in “Handbook on Modeling for Discrete Optimization”, (G. Appa, P. Williams, P. Leonidas and H. Paul eds), **International Series in Operations Research and Management Science**, Springer, Vol. 88, 270–304, 2006.
- [37] G. Lancia and S. Istrail, “Protein Structure Comparison: Algorithms and Applications”, in “Mathematical Methods for Protein Structure Analysis and Design”, (C. Guerra and S. Istrail eds), **Lecture Notes in Bioinformatics**, Springer, 2666:1–33, 2003
- [38] A. Caprara and G. Lancia, “Experimental and Statistical Analysis of Sorting by Reversals”, in Comparative Genomics: Empirical and Analytical Approaches to Gene Order Dynamics, Map Alignment and Evolution of Gene Families, (D. Sankoff and J. H. Nadeau eds), **Kluwer Series in Computational Biology**, 1:171-183, 2000.
- [39] A. Caprara, G. Lancia and S. K. Ng, “A Column–Generation Based Branch-and-Bound Algorithm for Sorting By Reversals” in Mathematical Support for Molecular Biology, (M. Farach, S. Roberts, M. Vingron and M. Waterman eds), **DIMACS series in Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science**, The American Mathematical Society, 47:213-226, 1999.

4.3 Atti di scuole internazionali e Lecture Notes

- [40] G. Lancia, “Mathematical programming approaches for computational biology problems”, (A. Agnetis and G. di Pillo, eds.) Atti della scuola CIRO 2002, 1–46, 2002.

4.4 Convegni internazionali con valutazione (tra cui alcuni altamente selettivi, evidenziati con (*))

- [41] M. Dalpasso and G. Lancia, “Computing the equity of a poker hand by Integer Linear Programming”, Proceedings of the 12th Int. Symp. on Operational Research (**SOR13**). p. 39–44, SDI-SOR.
- [42] R. Carr and G. Lancia, “Using Tiny IP Formulations to Solve Max-Cut Instances”, 2013 INFORMS Computing Society Conference, Santa Fe, 2011.
- [43] G. Lancia and P. Serafini, “Compact formulations for large-scale LP problems”, 21st ISMP, Berlin, 2011.
- [44] G. Lancia and P. Serafini, “An effective compact formulation of the max cut problem on sparse graphs”, LAGOS, **Electronic Notes in Discrete Mathematics**, 2011.
- [45] G. Lancia, R. Rizzi and R. Schwartz, “Tiling binary matrices in Haplotyping: Complexity, Algorithms and Models”, in “The Prague Stringology Conference (PSC10)”, (J. Holub ed), **Stringology**, 17, 22–30, 2010.
- [46] G. Lancia, F. Rinaldi and P. Serafini, “A compact optimization approach for job-shop problems”, in “Multidisciplinary International Scheduling conference: Theory and Application (**MISTA07**)”, 293–300, 2007
- [47] G. Lancia, F. Rinaldi and R. Rizzi, “Flipping letters to minimize the support of a string”, in “The Prague Stringology Conference (PSC06)”, (J. Holub ed), **Stringology**, 13, 9–17, 2006
- [48] M. Dalpasso, G. Lancia and R. Rizzi, “The String Barcoding Problem is NP-Hard”, in “RECOMB Satellite on Comparative Genomics”, (A. Mc Lyshag and D. Huson eds), **Lecture Notes in Bioinformatics**, Springer, 85–93, 2005
- [49] (*) A. Caprara and G. Lancia, “Structural Alignment of Large-Size Proteins via Lagrangian Relaxation”, *6th RECOMB, ACM Conference on Computational Molecular Biology* (**RECOMB02**), ACM press, 100–108, 2002 (35 lavori accettati / 118 sottomessi).
- [50] (*) R. Rizzi, V. Bafna, S. Istrail, and G. Lancia, “Practical Algorithms and Fixed-parameter Tractability of the Single Individual SNP Haplotyping Problem”, *2nd Workshop on Algorithms in Bioinformatics* (**WABI02**), Lecture Notes in Computer Science, Springer, 2452:29-43, 2002 (33 lavori accettati / 89 sottomessi).
- [51] G. Lancia, “Combinatorial optimization problems in the study of human diversities”, *9th International Conference on Operational Research* (**KOI02**), ISBN 953-6931-08-7, 35-36, Grafika ed., 2002.

- [52] A. Caprara and G. Lancia, “Optimal and Near-optimal Solutions for 3D Structure Comparisons”, *1st IEEE Conference on 3D data processing, transmission and visualization (3DPVT02)*, IEEE press, 70–77, 2002.
- [53] (*) G. Lancia, V. Bafna, S. Istrail, R. Lippert and R. Schwartz, “SNPs Problems, Algorithms and Complexity”, European Symposium on Algorithms (**ESA01**), Lecture Notes in Computer Science, 2161:182-193, Springer, 2001 (41 lavori accettati / 102 sottomessi).
- [54] (*) G. Lancia, R. Carr, B. Walenz and S. Istrail, “101 Optimal PDB Structure Alignments: A Branch-and-Cut Algorithm for the Maximum Contact Map Overlap Problem”, *5th RECOMB, ACM Conference on Computational Molecular Biology (RECOMB01)*, ACM press, 193–202, 2001 (35 lavori accettati / 128 sottomessi).
- [55] (*) D. Goldman, S. Istrail, G. Lancia, A. Piccolboni, and B. Walentz, “Algorithmic Strategies in Combinatorial Chemistry”, *XI ACM-SIAM Symposium On Discrete Algorithms (SODA00)*, 275-284, 2000 (123 lavori accettati / 335 sottomessi).
- [56] (*) A. Caprara, G. Lancia and See Kiong Ng, “Fast Practical Solution of Sorting by Reversals”, *XI ACM-SIAM Symposium On Discrete Algorithms (SODA00)*, 12–21, 2000 (123 lavori accettati / 335 sottomessi).
- [57] G. Lancia and R. Ravi, “GESTALT: GENomic STEiner ALigmenTs”, *Combinatorial Pattern Matching (CPM99)*, Lecture Notes in Computer Science, 1645:101–114, Springer, 1999.
- [58] (*) B.Y. Wu, G. Lancia, V. Bafna, K. M. Chao, R. Ravi and C. Y. Tang, “A PTAS for Minimum Routing Cost Spanning Trees”, *IX ACM-SIAM Symposium On Discrete Algorithms (SODA98)*, 21–32, 1998 (78 lavori accettati / 238 sottomessi).
- [59] A. Ben Dor, G. Lancia, J. Perone and R. Ravi, “Banishing Bias from Consensus Sequences”, *Combinatorial Pattern Matching (CPM97)*, Lecture Notes in Computer Science, 1264:247–261, Springer ed., 1997.

4.5 Altri lavori scientifici

- [60] G. Lancia, and F. Rinaldi, “Integer Programming Formulations for Sorting Permutations and Genome Rearrangement Problems”, AIRO2012, Salerno, 2012.
- [61] G. Lancia and P. Serafini, “Solving the the max cut problem via odd-cycle removal”, AIRO Winter, 2011.
- [62] G. Lancia, F. Nadalin and F. Rinaldi, “A Tabu Search Heuristic for the Traveling Salesman Problem with Time Windows”, AIRO2010, Reggio di Calabria, 2010.
- [63] G. Lancia, F. Rinaldi and P. Serafini, “Local Search Inequalities”, AIRO2008, Ischia, 2008.

- [64] P. Bertolazzi, G. Felici and G. Lancia, “Barcode analysis with optimized logic formulas”, AIRO2007, Genova, 2007.
- [65] G. Lancia, F. Rinaldi and P. Serafini, “A compact optimization approach for job-shop problems”, AIRO2007, Genova, 2007.
- [66] P. Bertolazzi, A. Godi, G. Lancia, and L. Tininini, “CollHaps: a heuristic approach to haplotype inference by parsimony”, EURO XXII, Praga, CZ, 2007.
- [67] G. Lancia, P. Serafini, “A branch-and-price-and-cut approach to the parsimony haplotyping problem”, AIRO2006, Cesena, 2006.
- [68] G. Lancia, “The phasing of heterozygous traits: algorithms and complexity”, in *Models and methods for human genomics*, 1st FIMA Intl conference, Champoluc, 2006.
- [69] P. Bertolazzi, C. Gentili and G. Lancia, “Feature Selection and Logic Classification to identify Thrombin-binding Compounds”, in *Models and methods for human genomics*, 1st FIMA Intl conference, Champoluc, 2006.
- [70] L. Tininini, P. Bertolazzi, A. Godi, G. Lancia, “CollHaps: Haplotype Inference by Collapse Rules”, Poster Session, RECOMB, Venezia, 2006.
- [71] G. Lancia, R. Rizzi, “Combinatorial Problems Arising in the Analysis of Human Polymorphisms”, AIRO2005, Camerino, 2005.
- [72] G. Lancia, “Optimization Problems in Polymorphism Analysis”, INFORMS Annual Meeting, Denver, USA, 2004.
- [73] G. Lancia, F. Rinaldi, R. Rizzi, “Reducing the k-mer diversity of a string”, AIRO2004, Lecce, 2004.
- [74] R. D. Carr and G. Lancia, “A successful application of Compact Optimization: the Protein Folding Comparison Problem”, AIRO2001, Cagliari, 2001.
- [75] G. Lancia, “Easy and Hard Cases of SNP Haplotyping Problems”, The European Operational Research conference, EURO2001, Rotterdam, 2001.
- [76] R. Carr, G. Lancia, S. Istrail, A. Johnston, B. Walenz, “Innovative Branching Strategies with Applications to Computational Biology”, INROMS Annual Meeting, Hawaii, USA, 2001.
- [77] R. D. Carr, G. Lancia and S. Istrail, “The Maximum Independent Set Problem with Applications to Protein Structure Alignment”, International Symposium on Mathematical Programming, Atlanta, USA, 2000.
- [78] G. Lancia, F. Rinaldi and P. Serafini, “A Column Generation Approach to Solve Job Shop Problems”, XV Triennial IFORS Conference, Pechino, Cina, 1999.

- [79] B. Y. Wu, G. Lancia, V. Bafna, K. M. Chao, R. Ravi and C. Y. Tang, “Minimum Routing Cost Spanning Trees and Multiple Sequence Alignments”, IX SIAM Conference on Discrete Mathematics, Toronto, Canada, 1998.
- [80] G. Lancia and P. Serafini, “A branch-and-price algorithm for minimum routing cost trees”, IX SIAM Conference on Discrete Mathematics, Toronto, Canada, 1998.
- [81] E. Balas, G. Lancia, P. Serafini and A. Vazacopoulos, “Job Shop Scheduling with Deadlines”, AIRO97, St. Vincent e ISMP97, Losanna, 1997.
- [82] A. Caprara, G. Lancia and S. K. Ng, “Sorting Permutations By Reversals Through Branch-and-Price”, ISMP97, Losanna, Svizzera, 1997.
- [83] G. Lancia, F. Rinaldi, P. Serafini, “Improving Algorithms for Periodic Scheduling”, in Workshop on Models and Algorithms for Planning and Scheduling Problems, Cambridge, 1997.
- [84] G. Lancia, “Combinatorial Problems in Computational Molecular Biology”, PhD thesis, Graduate School of Industrial Administration, Carnegie Mellon University, 1997.
- [85] E. Balas, G. Lancia, P. Serafini and A. Vazacopoulos, “Scheduling with Deadlines and Forbidden Times”, INFORMS96, Washington DC, 1996.
- [86] G. Lancia, “Biologia Computazionale: Problemi Combinatoriali in Biologia Molecolare”, AIRO news, n.2, 1996.
- [87] G. Lancia, “Combinatorial and Network-Flow Algorithms for Project Scheduling Problems”, Tesi di Laurea, Università di Udine, 1990.

4.6 Rapporti tecnici

- [88] G. Lancia and P. Serafini, “A set-covering approach for the maximum parsimony haplotyping problem”, Technical Report No. 11-2007, Dip. Matematica e Informatica, Univ. di Udine, 2007.
- [89] R. Carr and G. Lancia, “A successful application of compact optimization. The protein contact map overlap problem”, Technical Report No. 20-2004, Mathematical Biosciences Institute, The Ohio State University, 2004.
- [90] A. Caprara and G. Lancia, “Experimental and Statistical Analysis of Sorting by Reversals”, Research Report OR/00/4 DEIS, Università di Bologna, 2000.
- [91] R. Carr and G. Lancia, “Compact vs Exponential-size LP Relaxations”, Technical Report SAND2000-2170, Sandia National Labs, Albuquerque, 2000.
- [92] R. Carr, G. Lancia and S. Istrail, “Branch-and Cut Algorithms for Independent Set Problems: Integrality Gap and an Application to Protein Structure Alignment”, Technical Report SAND2000-2171, Sandia National Labs, Albuquerque, 2000.

- [93] A. Caprara, G. Lancia, S.K. Ng, “Sorting Permutations by Reversals through Branch-and-Price”, Research Report OR/99/1 DEIS, Università di Bologna, 1999.
- [94] G. Lancia and M. Perlin, “Genotyping of Pooled Microsatellite Markers by Combinatorial Optimization Techniques”, WP 1995-35 G.S.I.A., Carnegie Mellon University, 1995.
- [95] A. Caprara, G. Lancia and S.K. Ng, “A Column-Generation based Branch-and-Bound Algorithm for Sorting by Reversals”, Research Report OR/95/7 DEIS, Università di Bologna, 1995.
- [96] G. Lancia, “The 2-Machine Loading-Scheduling Problem”, WP1995-29 G.S.I.A., Carnegie-Mellon University, 1995.

4.7 Dispense Didattiche

- [97] G. Lancia, “Introduzione alla Matematica Discreta”, Dispensa per il corso di Matematica Discreta (informatica), Udine, 2011.
- [98] G. Lancia, “Approcci esatti, euristici ed approssimati per problemi difficili di ottimizzazione combinatoria”, Dispensa per il corso di Ottimizzazione III, Udine, 2010.
- [99] G. Lancia, “Matematica Discreta”, Dispensa per il corso di Matematica Discreta (biotecnologie), Udine, 2003.
- [100] G. Lancia, “Teoria della Complessità”, Dispensa per il corso di Ricerca Operativa, Padova, 2002.
- [101] G. Lancia, “Programmazione Lineare Intera”, Dispensa per il corso di Ricerca Operativa, Padova, 1997.

Udine, li

F.to (Giuseppe Lancia)