



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 4740

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di Informatica

Responsabile scientifico: Prof. Marco Frasca

Alessandro Petrini
CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Petrini
Nome	Alessandro
Data Di Nascita	25/07/1981

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Dottorando	Università degli Studi di Milano - Dip. Informatica

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Informatica (LM-18)	Università degli Studi di Milano - Dip. Informatica	2017
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca			
Master			
Diploma Di Specializzazione Medica			
Diploma Di Specializzazione Europea			
Altro			

ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

Data iscrizione	Ordine	Città
-----------------	--------	-------

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	C1



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

Anno	Titolo
------	--------

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Laurea di primo livello in Matematica per le Applicazioni (100/110) presso Università degli studi di Milano - Dip. Matematica, tesi "Algoritmi paralleli per il calcolo del PageRank". Laurea Magistrale in Informatica (110/110 summa cum laudae) presso Università degli studi di Milano - Dip. Informatica, tesi "Un algoritmo parallelo su GPU per stima del moto inter-frame nel codec WEBM-VP8".

Dottorando in Informatica presso Università degli studi di Milano - Dip. Informatica - Laboratorio di bioinformatica e biologia computazionale "AnacletoLab" (resp. Prof. Giorgio Valentini). Tesi "High Performance Computing Machine Learning Methods for Precision Medicine" (difesa: inizio 2021).

Principali attività di ricerca: High Performance and Accelerated Computing (architetture many-core e multi-core, GPU computing), Machine Learning, Bioinformatica, Deep Neural Networks, Image Processing. Precedenti esperienze di ricerca in Video Processing and Compression, Algoritmi di ottimizzazione su grafi, Neuroimaging, Virtual Network Functions.

Sviluppo di diversi pacchetti software Open Source per Machine Learning / Deep Neural Network applicato a problemi di Bioinformatica espressamente pensati in ottica High Performance Computing.

Attività di revisore articoli scientifici per riviste di rilevanza internazionale.

5+ anni di esperienza in insegnamenti universitari (corsi di programmazione C++, Python, seminari su ottimizzazione e programmazione efficiente in C++ orientata al Game Development)

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2020-2021	Prace 21st call for projects: Proposal 2020225452 "ParBigMen: ParSMURF application to Big genomic and epigenomic data for the detection of pathogenic variants in Mendelian diseases". Co-responsabile. Ente finanziatore: Comunità Europea - Partnership For Advanced Computing in Europe (PRACE)
2020	Prace Preparatory access 2010PA5332: "ParStoBig2: ParSMURF Scaling to Big Data". Responsabile. Ente finanziatore: Comunità Europea - Partnership For Advanced Computing in Europe (PRACE)
2019	Prace Preparatory access 2010PA046: "ParStoBig2: ParSMURF Scaling to Big Data". Collaboratore. Ente finanziatore: Comunità Europea - Partnership For Advanced Computing in Europe (PRACE)
2018	"HPC-SoMuC: Development of Innovative HPC Methods for the Detection of Somatic Mutations in Cancer." Collaboratore. Ente finanziatore: LISA 2017-2018 Grant Programs - Cineca and Regione Lombardia.
2017	"HyperGeV: Detection of Deleterious Genetic Variations through Hyper-ensemble Methods." Collaboratore. Ente finanziatore: LISA 2016-2017 Grant Programs - Cineca and Regione Lombardia.
2014-2016	"T-NOVA: Network Functions As-a-Service Over Virtualised Infrastructures" Collaboratore: Research Group of Università degli Studi di Milano and Italtel, Integrated Project co-funded by the European Commission / 7th Framework Programme, Grant Agreement no.619520

TITOLARITÀ DI BREVETTI

Brevetto

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Università degli Studi di Milano - Direzione Risorse Umane
Ufficio Contratti di formazione e Ricerca
Via Sant'Antonio 12 - 20122 Milano, Italia
assegni.ricerca@unimi.it



Data	Titolo	Sede
Marzo 2020	The 35th ACM Symposium on Applied Computing (SAC 2020) - Video Processing for Human Behavioral Analysis Track Member of Program Committee https://sites.google.com/view/vp-hba-sac-2020/	Brno, Repubblica Ceca

PUBBLICAZIONI: Selezione delle più rilevanti

Articoli su riviste
D. Conte, G. Grossi, R. Lanzarotti, J. Lin, and A. Petrini, "Analysis of a parallel MCMC algorithm for graph coloring with nearly uniform balancing," <i>Pattern Recognition Letter</i> , 2020. Accepted for publication
J. Gliozzo, P. Perlasca, M. Mesiti, E. Casiraghi, V. Vallacchi, E. Vergani, M. Frasca, G. Grossi, A. Petrini, M. Re, A. Paccanaro, and G. Valentini, "Network modeling of patients' biomolecular profiles for clinical phenotype/outcome prediction," <i>Scientific Report</i> , vol. 10, no. 1, p.3612, 2020
B. R. Barricelli, E. Casiraghi, J. Gliozzo, A. Petrini, and S. Valtolina, "Human digital twin for fitness management," <i>IEEE Access</i> , vol. 8, no.1, pp. 26637-26664, Jan 2020.
M. Canini, P. Cavoretto, P. Scifo, M. Pozzoni, A. Petrini, A. Iadanza, S. Pontesilli, R. Scotti, M. Candiani, A. Falini, C. Baldoli, and P. A. DellaRosa, "Subcortico-cortical functional connectivity in the fetal brain: A cognitive development blueprint," <i>Cerebral Cortex Communications</i> , vol.1, 04 2020.
A. Petrini, M. Mesiti, M. Schubach, M. Frasca, D. Danis, M. Re, G. Grossi, L. Cappelletti, T. Castrignanò, P. N. Robinson, and G. Valentini, "parSMURF, a high-performance computing tool for the genome-wide detection of pathogenic variants," <i>GigaScience</i> , vol. 9, 05 2020. g1aa052.
N. Zhou, Y. Jiang, ..., A. Petrini, ..., and I. Friedberg, "The cafa challenge reports improved protein function prediction and new functional annotations for hundreds of genes through experimental screens," <i>Genome Biology</i> , vol. 20, no. 1, p. 244, 2019
L. Cappelletti, J. Gliozzo, A. Petrini, and G. Valentini, "Training neural networks with balanced mini-batch to improve the prediction of pathogenic genomic variants in mendelian diseases," <i>Sensors and Transducers</i> , vol. 234, no. 6, pp. 16-21, 2019
P. Perlasca, M. Frasca, C. T. Ba, M. Notaro, A. Petrini, E. Casiraghi, G. Grossi, J. Gliozzo, G. Valentini, and M. Mesiti, "Unipred-web: a webtool for the integration and visualization of biomolecular networks for protein function prediction," <i>BMC Bioinformatics</i> , vol. 20, no. 1, p. 422, 2019
G. Grossi, P. Paglierani, F. Pedersini, and A. Petrini, "Enhanced multicore-manycore interaction in high-performance video encoding," <i>Journal of Real-Time Image Processing</i> , Nov 2018
M. Frasca, G. Grossi, J. Gliozzo, M. Mesiti, M. Notaro, P. Perlasca, A. Petrini, and G. Valentini, "A gpu-based algorithm for fast node label learning in large and unbalanced biomolecular networks," <i>BMC Bioinformatics</i> , vol. 19, p. 353, Oct 2018

Atti di convegni

L. Cappelletti, A. Petrini, J. Gliozzo, E. Casiraghi, M. Schubach, M. Kircher, and G. Valentini, "Bayesian optimization improves tissue-specific prediction of active regulatory regions with deep neural networks," in <i>Bioinformatics and Biomedical Engineering</i> (I. Rojas, O. Valenzuela, F. Rojas, L. J. Herrera, and F. Ortuno, eds.), (Cham), pp. 600-612, Springer International Publishing, Apr 2020. IWBBIO 2020 International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, Granada, Spain
D. Conte, G. Grossi, R. Lanzarotti, J. Lin, and A. Petrini, "A parallel mcmc algorithm for the balanced graph coloring problem," in <i>IAPR International workshop on Graph-Based Representation in Pattern Recognition</i> , Tours, France, Jul 2019.



M. Frasca, M. Sepehri, A. Petrini, G. Grossi, and G. Valentini, "Committee-based active learning to select negative examples for predicting protein functions," in Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (M. Raposo, P. Ribeiro, S. Serio, A. Staiano, and A. Ciaramella, eds.), (Cham), pp. 80-87, Springer International Publishing, 2020

A. Petrini, M. Schubach, M. Re, M. Frasca, M. Mesiti, G. Grossi, T. Castrignanò, P. Robinson, and G. Valentini, "Parameters tuning boosts hypersurf predictions of rare deleterious non-coding genetic variants," in NETTAB 2017, Methods, tools and platforms for Personalized Medicine in the Big Data Era, Palermo, Italy, Oct 2017

A. Petrini, M. Notaro, J. Gliozzo, G. Valentini, G. Grossi, and M. Frasca, "Speeding up node label learning in unbalanced biomolecular networks through a parallel and sparse gpu-based hopfield model," in BITS2017, Bioinformatics Italian Society Meeting, Cagliari, Italy, 2017

P. Comi, P. S. Crosta, M. Beccari, P. Paglierani, G. Grossi, F. Pedersini, and A. Petrini, "Hardware-accelerated high-resolution video coding in virtual network functions," in 2016 European Conference on Networks and Communications (EuCNC), pp. 32-36, June 2016

P. Paglierani, G. Grossi, F. Pedersini, and A. Petrini, "Gpu-based vp8 encoding: Performance in native and virtualized environments," in 2016 International Conference on Telecommunications and Multimedia (TEMU), pp. 1-5, July 2016

ALTRE INFORMAZIONI

Lista dei software Open Source sviluppati e rilasciati

• parSMURF-NG

A parallel and highly scalable machine learning tool for the identification of pathogenic and deleterious SNV - NEW version!

<https://github.com/Topopiccione/parSMURF-NG>

• MCMC colorer

A novel GPU accelerated MCMC algorithm for graph coloring

https://github.com/Topopiccione/MCMC_Colorer

• parSMURF

A parallel and highly scalable machine learning tool for the identification of pathogenic and deleterious SNV

<https://github.com/AnacletoLAB/parSMURF>

• CosNET- GPU (parCOSNet)

A GPU-accelerated graph node labeler based on Hopfield Network for solving the Automated Protein Function problem

<https://github.com/AnacletoLAB/ParCOSNet>

• GPU-accelerated VP8 encoder - for T-NOVA

GPU acceleration integrated into the official Google libvpx library

<https://github.com/Topopiccione/libvpx>

• Italtel vTU (Virtual transcoding unit) - for T-NOVA

<https://github.com/Topopiccione/vTU>

• TeNOR - Service Mapper module - for T-NOVA

<https://github.com/T-NOVA/TeNOR>

Partecipazione a scuole di specializzazione (attestati in allegato)

• Marzo 2017 - Parallel Programming and Optimization for Intel Architecture - Colfax International, CA, USA

• Luglio 2018 - DeepLearn 2018 International Summer School on Deep Learning - IRDTA, Genova

• Novembre 2018 - Debugging and Optimization of Scientific Applications - CINECA, Bologna

• Luglio 2019 - SGP Graduate School on Geometry Processing - Università degli Studi di Milano, Milano



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

Luogo e data: Milano, 06/11/2020

FIRMA Albano Petri