

ALLEGATO B

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

selezione pubblica per n. 2 posto/i di Ricercatore a tempo determinato ai sensi dell'art.24, comma 3, lettera a) della Legge 240/2010 nell'ambito del Piano Nazionale di Ripresa e Resilienza (PNRR), 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. 81 del 11/10/2022) Codice concorso 5113

[Marco Podda] CURRICULUM VITAE

(N.B. IL CURRICULUM NON DEVE ECCEDERE LE 30 PAGINE E DEVE CONTENERE GLI ELEMENTI CHE IL CANDIDATO RITIENE UTILI AI FINI DELLA VALUTAZIONE.

LE VOCI INSERITE NEL FACSIMILE SONO A TITOLO PURAMENTE ESEMPLIFICATIVO E POSSONO ESSERE SOSTITUITE, MODIFICATE O INTEGRATE)

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

COGNOME	PODDA
NOME	MARCO
DATA DI NASCITA	08/11/1985

TITOLI

TITOLO DI STUDIO

Laurea di primo livello

- Data: 27/02/2008
- Voto: 99/110
- Ateneo: Università degli Studi di CAGLIARI - CAGLIARI (CA)
- Titolo: Classe delle lauree in scienze e tecnologie informatiche
- Corso: Informatica (Classe 26)

Laurea specialistica

- Data: 03/03/2017
- Voto: 104/110
- Ateneo: Università di PISA - PISA (PI)
- Titolo: Classe delle lauree specialistiche in informatica
- Corso: INFORMATICA

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

- Data: 24/05/2021
- Giudizio: Ottimo con lode
- Ateneo: Università di PISA - PISA (PI)
- Corso: INFORMATICA

CONTRATTI DI RICERCA, ASSEGNI DI RICERCA O EQUIVALENTI

“Analisi di dati biomedici di evoluzione clonale mediante approcci di apprendimento automatico” (6 mesi). Borsa di studio finanziata dall’Università di Pisa. Studi sull’applicazione di metodi Deep Learning per la ricostruzione dell’evoluzione clonale di cellule cancerogene (2017)

“Deep Learning e autoencoder per l’identificazione di candidati vaccini” (2 Anni). Assegno di ricerca PostDoc finanziato da GlaxoSmithKline (GSK), Siena. Studi sull’applicazione di metodi Deep Learning a sequenze biologiche (DNA/proteine) per migliorare il processo di creazione di nuovi vaccini e per il mantenimento del ciclo vitale di vaccini esistenti (2021-2023)

ATTIVITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

“A rigorous evaluation of embeddings-based vs. feature-based machine learning models for protein antigenicity prediction”. The 10th Italian Workshop on Machine Learning and Data Mining (AlxIA). (2021)

“GraphGen-Redux: a Fast and Lightweight Recurrent Model for labeled Graph Generation”. International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN). (2021)

“Biochemical Pathway Robustness Prediction with Graph Neural Networks”. 28th European Symposium on Artificial Neural Networks, Computational Intelligence and Machine Learning (ESANN). (2020)

“A Deep Generative Model for Fragment-Based Molecule Generation”. 23rd International Conference on Artificial Intelligence and Statistics (AISTATS). (2020)

“A Fair Comparison of Graph Neural Networks for Graph Classification”. 8th International Conference on Learning Representations (ICLR). (2020)

“Graph generation by sequential edge prediction”. 27th European Symposium on Artificial Neural Networks, Computational Intelligence and Machine Learning (ESANN) (2019)

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

Best Paper Award per l’articolo P. Bove, A. Micheli, P. Milazzo, M. Podda. “Prediction of dynamical properties of biochemical pathways with graph neural networks”. In: 11th International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS); Part of the 13th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies (BIOSTEC).

PRODUZIONE SCIENTIFICA

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Articoli su rivista

D. Bacciu, F. Errica, A. Micheli, M. Podda. “A gentle introduction to deep learning for graphs”. Neural Networks, 129, pp. 203-221. <https://doi.org/10.1016/j.neunet.2020.06.006> (2020)

D. Bacciu, A. Micheli, M. Podda. “Edge-based sequential graph generation with recurrent neural networks”. Neurocomputing, 416, pp. 177-189. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2019.11.112> (2019)

M. Podda, D. Bacciu, A. Micheli, R. Bellu, G. Placidi, L. Gagliardi. “A machine learning approach to estimating preterm infants survival: development of the Preterm Infants Survival Assessment (PISA) predictor”. Scientific Reports, (May), pp. 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-31920-6> (2018)

Contributi in volume

A. Micheli, M. Podda. "Deep Learning in Cheminformatics". In: Deep Learning in Biology and Medicine. World Scientific Publishing. ISBN: 978-1-80061-093-4

Contributi in atti di convegno

M. Podda, P. Bove, A. Micheli, P. Milazzo. "Classification of Biochemical Pathway Robustness with Neural Networks for Graphs". In: Biomedical Engineering Systems and Technologies. Communications in Computer and Information Science, vol 1400. Springer, Cham. (2021)

M. Podda, D. Bacciu. "GraphGen-Redux: a Fast and Lightweight Recurrent Model for labeled Graph Generation". Proceedings of the International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN). (2021)

P. Milazzo, R. Gori, A. Micheli, L. Nasti, M. Podda. "In silico modeling of biochemical pathways". VOL. 5 NO. S1. In: Proceedings of the third Centro 3R annual meeting / Biomedical Science and Engineering 4 (s1). (2021)

M. Podda, D. Bacciu, A. Micheli, P. Milazzo. "Biochemical Pathway Robustness Prediction with Graph Neural Networks". In: Proceedings of the 28th European Symposium on Artificial Neural Networks, Computational Intelligence and Machine Learning (ESANN). (2020)

P. Bove, A. Micheli, P. Milazzo, M. Podda. "Prediction of dynamical properties of biochemical pathways with graph neural networks". In: Proceedings of the 11th International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOINFORMATICS); Part of 13th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies (BIOTEC) (2020)

M. Podda, D. Bacciu, A. Micheli. "A Deep Generative Model for Fragment-Based Molecule Generation". In: Proceedings of the 23rd International Conference on Artificial Intelligence and Statistics (AISTATS), pp. 2240-2250. (2020)

F. Errica, M. Podda, D. Bacciu, A. Micheli. "A Fair Comparison of Graph Neural Networks for Graph Classification". In: 8th International Conference on Learning Representations (ICLR). (2020)

D. Bacciu, A. Micheli, M. Podda. "Graph generation by sequential edge prediction". In: Proceedings of the 28th European Symposium on Artificial Neural Networks, Computational Intelligence and Machine Learning (ESANN), pp. 95-100. (2019)

Data

25/10/2022

Luogo

Pisa