

INFORMAZIONI PERSONALI **Marco Beccuti**

 Dip. di Informatica, Università di Torino,

 beccuti@di.unito.it 

 <http://www.di.unito.it/beccuti>

Sesso Maschio | Data di nascita | Nazionalità Italiana

ESPERIENZA PROFESSIONALE

Novembre 2017 – oggi **Ricercatore t.d. art. 24 c. 3 lett. B (INF/01 - Informatica)**

- Co-Coordiatore del gruppo di ricerca “**Quantitative Biology**” sulla bioinformatica e biologia dei sistemi - Dip. di Informatica, Università di Torino,
- Coordinatore tecnico del nodo Elixir presso l'Università di Torino,
- Membro del collegio docenti del dottorato di Informatica presso la scuola di Dottorato in Scienze della Natura e Tecnologie Innovative dell'Università degli Studi di Torino,
- Membro del Consorzio Nazionale Interuniversitario per le Telecomunicazioni (CNIT),
- Membro della Società Italiana di Bioinformatica (BITS).
- Co-fondatore di un'associazione culturale bioinformatica per la medicina molecolare. L'associazione ha lo scopo di promuovere la formazione bioinformatica in ambito biomedico

Ottobre 2012 – Ottobre 2017 **Ricercatore t.d. art. 24 c. 3 lett. A (INF/01 - Informatica)**

- Co-Coordiatore del gruppo di ricerca “**Quantitative Biology**” sulla bioinformatica e biologia dei sistemi - Dip. di Informatica, Università di Torino,
- Membro del collegio docenti del dottorato di Informatica presso la scuola di Dottorato in Scienze della Natura e Tecnologie Innovative dell'Università degli Studi di Torino,
- Membro del Consorzio Nazionale Interuniversitario per le Telecomunicazioni (CNIT).

Marzo 2009 – Ottobre 2012 **Assegnista di ricerca (INF/01 - Informatica)**

- Assegno di ricerca (della durata di due anni) cofinanziato dalla Regione Piemonte tramite il programma “contenimento del brain drain” sul progetto “Modelli ad alto Livello per la specifica di Processi Decisionali Markoviani per ricavare strategie ottimali di manutenzione preventiva o di recupero da malfunzionamenti nei sistemi Critici” presso Dip. di Informatica, Università degli Studi di Torino.
- Assegno di ricerca (della durata di due anni) cofinanziato dalla Regione Piemonte tramite il programma “contenimento del brain drain” per continuare il progetto “Modelli ad alto Livello per la specifica di Processi Decisionali Markoviani per ricavare strategie ottimali di manutenzione preventiva o di recupero da malfunzionamenti nei sistemi Critici” presso Dip. di Informatica, Università degli Studi di Torino.

EDUCAZIONE

Gennaio 2008 **Dottorato di ricerca in informatica**

presso l'Università degli Studi di Torino in “cotutela” con LAMSADE laboratory, Univ. Paris Dauphine, Paris, Francia. Titolo della tesi di dottorato: *Modeling and analysis of probabilistic systems. Formalisms and efficient algorithms*

Aprile 2008 **Laurea in informatica**

presso l'Università degli Studi del Piemonte Orientale "A. Avogadro" con votazione 110/110 con lode. Titolo della tesi: *Trattamento delle simmetrie parziali nelle reti di Petri Stocastiche Ben Formate*

COMPETENZE

Lingua madre Italiana

Altre lingue	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Inglese	C1	C1	C1	C1	C1

Livelli: A1 e A2: Utente base – B1 e B2: Utente autonomo – C1 e C2: Utente avanzato
[Quadro Comune Europeo di Riferimento delle Lingue](#)

Interessi di ricerca – sviluppo di algoritmi per l'analisi di dati genomici e di espressione genica;

- sviluppo di tecniche e tools per analisi qualitativa e quantitativa di sistemi biologici;
- analisi delle prestazioni di sistemi informatici;
- analisi dell'affidabilità di sistemi complessi;
- problemi di ottimizzazione.

Progettazione e sviluppo software – Responsabile per il mantenimento e la distribuzione del framework **GreatSPN** (<http://www.di.unito.it/greatspn>) per la modellazione e l'analisi di sistemi complessi. Utilizzato da più di 500 centri di ricerca nel mondo,

- Sviluppatore del tool **rCASC** per analisi riproducibile dei dati di sequenziamento di singole cellule,
- Sviluppatore del tool **HashClone** per la quantificazione della malattia minima residua nel linfoma a cellule B utilizzando dati di sequenziamento profondo,
- Sviluppatore del tool **SeqBox** per l'analisi di RNAseq e ChIPseq. Utilizzato da vari centri di ricerca nazionali ed internazionali.
- Sviluppatore del tool **HashFilter** per de-convolution di reads. È stato utilizzato per ottenere l'assemblaggio del genoma dell'orzo nel progetto Advancing the Barley Genome (CRIS NUMBER: 0218967).
- Sviluppatore del tool **RGMEDD** per la verifica formale di sistemi basati su strutture di dati simbolici. RGMEDD è risultato uno dei tool più performanti al Model Checking Contest (anni 2016, 2017 e 2018) - <https://mcc.lip6.fr/>.
- Sviluppatore del tool **Chimera**: un Bioconductor package per l'analisi delle fusioni genomiche.
- Sviluppatore del tool per simulare e valutare politiche di scambi di reni da donatori vivi.
- Sviluppatore del tool **Hashchecker** per la clusterizzazione efficiente di reads basata sulla tabella di hash. È stato usato per studiare la differenza tra la profilazione trascrizionale di pazienti con tumore del colon-retto.

DIVULGAZIONE SCIENTIFICA

Pubblicazioni e citazioni Ho pubblicato oltre 80 articoli scientifici in riviste e atti di conferenze internazionali, tutte con revisioni fra pari. Google h-index 16, Scopus h-index 13.

Presentazioni Ho tenuto 2 keynote talks in conferenze internazionali e oltre 10 seminari invitati in eventi internazionali (conferenze, workshop, meeting, etc.).

Organizzazione scientifica di conferenze

- Co-chair della Special Session on Modeling and Simulation Methods for Computational Biology and System Medicine nella 16th International Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB2019), Bergamo, Italy, 4-6 September 2019.
- Co-chair del workshop Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems Biology in the 24th International European Conference on Parallel and Distributed Computing (EuroPar2 018), Turin, Italy, 27-31 agosto, 2018.
- General workshop Co-chair nel meeting annuale del Bioinformatics Italian Society (BITS2018), Turin, Italy, giugno 27-29, 2018.
- Workshop Co-chair del Exploiting Docker for reproducibility in bioinformatics analysis workshop nel meeting annuale del the Bioinformatics Italian Society (BITS2018), Turin, Italy, giugno 27-29, 2018.
- Co-organizer del workshop nazionale First Piedmont Bioinformatic Day, Turin, Italy, 22 September 2016.
- Co-chair della Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology nella 22nd International Conference on Parallel Distributed network based Processing (PDP14), Torino, Italy, 12-14 febbraio 2014.
- Co-chair della Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology nella 26th International Conference on Parallel Distributed network-based Processing (PDP18), Cambridge, UK, 6-8 marzo 2018.
- Co-chair della Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology nella 27th International Conference on Parallel Distributed network-based Processing (PDP19), Pavia, Italy, 13-15 February 2019.
- Co-chair della Special Session on Advances in High-Performance Bioinformatics, Systems and Synthetic Biology in the 28th International Conference on Parallel Distributed network-based Processing (PDP20), Vasteras, Sweden, 11-13 March 2020.
- Co-chair della Special Session on Modelling and Simulation of Large Complex Systems nella 16th IEEE International Conference on Scalable Computing and Communications, Toulouse, France, 18-21 luglio 2016.

Comitati di programma Ho partecipato al comitato di programma di oltre 30 edizioni conferenze e workshop.

Istruttore in corsi internazionali e Workshops

- Istruttore Instructor at IEEE Winter School on Imaging Genetics, November 26-29, 2019 Verona.
- Istruttore del corso *RNA-seq analysis* in the RNA-seq Workshop, Dept. Clinical and Biological Sciences, Molecular Biotechnology Center, Torino, Italy, aprile 2013.
- Istruttore del corso *advanced RNA-seq analysis* in the RNA-seq Workshop, Dept. Clinical and Biological Sciences, Molecular Biotechnology Center, Torino, Italy, aprile 2014.
- Istruttore del corso *advanced NGS data analysis* in Jagiellonian University Medical College, Faculty of Medicine, Krakow, Poland, novembre 2014.
- Istruttore del corso *advanced NGS data analysis* in University of Turin, Dept. Clinical and Biological Sciences, Turin, Italy. Date: (1)aprile 2015; (2)aprile 2016; (3)aprile 2017; (4)marzo 2018; (5)marzo 2019.
- Istruttore del corso *Whole Transcriptome Data Analysis* in European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Heidelberg, Germany. Date: (1)28 giugno-1 luglio 2016; (2)3-7 ottobre 2016; (3)5-9 giugno 2017; (4)3-6 ottobre 2017; (5)4-8 giugno 2018; (6)7-11 ottobre 2018. item Organizzatore ed Istruttore del corso *Whole Transcriptome Data Analysis* in European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Heidelberg, Germany. Date: (1)3-7 giugno 2019; (2)30 settembre - 4 ottobre 2019.
- Istruttore del corso *RNA sequencing* in Fondazione Istituto Italiano di Tecnologia (IIT), Genova, Italy, , 5-9 febbraio 2018.
- Istruttore del corso *Transcriptome Data Analysis* for the Doctoral School in Life and Health Sciences at University of Verona, Verona, Italy, 4-6 settembre 2017.

RISULTATI PROFESSIONALI
Abilitazioni

- Abilitazione nazionale come professore associato in Informatica (area 01/B1 informatica - ASN 2017)
- Abilitazione nazionale come professore associato in Ingegneria Informatica (area 09/H1 - ASN 2017)

Didattica Presso l'Università di Torino sono stato supervisore di 3 tesi di dottorato, Sono membro del collegio dei docenti della scuole di dottorato in Informatica. Ho insegnato nei corsi di laurea triennale e magistrale in Informatica, Biologia, Stochastic Data Science dell'Università di Torino.

- Riconoscimenti e premi**
- L'articolo "Quantification of dependencies between electrical and information infrastructures" e' stato riconosciuto da ScienceDirect come uno dei più scaricati 25 articoli pubblicati dal International Journal of Critical Infrastructure Protection (Ed. Elsevier) nell'anno 2012;
 - L'articolo "A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome" e' un Highly Cited Paper avendo ricevuto abbastanza citazioni per collocarlo tra i top 1% degli articoli nel campo della Molecular Biology & Genetics (Extracted by Web of Science).

PROGETTI

- Principal investigator** Responsabile del progetto "Creation of a computational framework to model and study West Nile Disease" finanziato dalla fondazione CRT, 2019
- Principal investigator** Responsabile del progetto "Experimentation and study of models for the evaluation of the performance and the energy efficiency for the Competence Center for Scientific Computing at the University of Turin" finanziato dalla fondazione CRT, 2016
- Thematic Research Group Leader** gestisco il gruppo di lavoro per le tematiche di Big Data Modelling in Genetics nel Working Group WG3: HPC-enabled Modelling for Life Sciences nell progetto europeo "High Performance Modelling and Simulation for Big Data application (cHIPSet - COST Action n.IC1406".

- Ricercatore** Sono stato coinvolto come ricercatore in 7 progetti nazionali (FIRB, PRIN) ed europei (FP6, FP7, ARTEMIS-2012ASP8, COST Action)

PUBBLICAZIONI

Elenco completo delle pubblicazioni: <http://www.di.unito.it/~beccuti/>

Selezione delle 15 pubblicazioni più significative

- N. Kulkarni, L. Alessandri, R. Panero, M. Arigoni, M. Olivero, F. Cordero, M. Beccuti and R. A. Calogero. **Reproducible Bioinformatics Project: A community for reproducible bioinformatics analysis pipelines.** BMC Bioinformatics, Volume 19, Issue 10, pages 211-219, October 2018.
- M. Beccuti, F. Cordero, M. Arigoni, R. Panero, E. G. Amparore, S. Donatelli and R. A. Calogero **SeqBox: RNAseq/ChIPseq reproducible analysis on a consumer game computer.** Bioinformatics, Volume 34, Issue 5, 1 March 2018, Pages 871-872. Oxford University Press.
- L. Coscujuela Tarrero, G. Ferrero, V. Miano, C. De Intinis, L. Ricci, M. Arigoni, F. Riccardo, L. Annaratone, I. Castellano, R.A. Calogero, M. Beccuti, F. Cordero and M. De Bortoli. **Luminal breast cancer specific circular RNAs uncovered by a novel tool for data analysis.** Oncotarget, Volume 9, Issue 18, 2018, Pages 14580-14596, Impact Journals.
- M. Beccuti, E. Genuardi, G. Romano, L. Monitillo, D. Barbero, M. Boccadoro, M. Ladetto, R. A. Calogero, S. Ferrero and F. Cordero. **HashClone: a new tool to quantify the minimal residual disease in B-cell lymphoma from deep sequencing data.** BMC Bioinformatics, Volume 18, Issue 1, 23 November 2017.
- G. Ferrero, V. Miano, M. Beccuti, G. Balbo, M. De Bortoli, and F. Cordero. **Dissecting the genomic activity of a transcriptional regulator by the integrative analysis of omics data.** Scientific Reports, Volume 7, Article number: 8564 (2017), Nature Publishing Group.
- F. Martina, M. Beccuti, G. Balbo, F. Cordero. **A New Features Selection Method to Improve Classification Performances in Imbalanced Data Sets.** PLOS ONE 12(8):e0177475. Public Library of Science, Aug. 2017.
- M. Carrara, J. Lum, F. Cordero, M. Beccuti, S. Donatelli, R.A. Calogero, F. Zolezzi. **Alternative splicing detection workflow needs a careful combination of sample prep and bioinformatics analysis.** BMC Bioinformatics, Volume 16, Issue 9:S2, June 2015.
- E. Medico, M. Russo, G. Picco, C. Cancelliere, E. Valtorta, G. Corti, M. Buscarino, C. Isella, S. Lamba, B. Martinoglio, S. Veronese, S. Siena, A. Sarote-Bianchi, M. Beccuti, M. Motolese, M. Linnebacher, F. Cordero, F. Di Nicolantonio, A. Bardelli. **The molecular landscape of colorectal cancer cell lines unveils clinically actionable targets.** Nature Communications, Volume 6, Article number 7002, April 2015.
- A. Angius, G. Balbo; M. Beccuti; E. Bibbona; A. Horvath; R. Sirovich. **Approximate analysis of biological systems by hybrid switching jump diffusion.** Theoretical Computer Science, Elsevier Press., volume 587, July 04, 2015, Pages 49-72.
- C. Fornari, G. Balbo, S.M. Halawani, O. Ba-Rukab, A.R. Ahmad, R. A. Calogero, F. Cordero and M. Beccuti. **A versatile mathematical work-flow to explore how Cancer Stem Cell fate influences tumor progression.** BMC Systems Biology, Volume 9, Issue 3:S1, June 2015.
- M. Beccuti, C. Fornari, G. Franceschinis, S. M. Halawani, O. Barukab, A. Ahmad, G. Balbo. **From Symmetric Nets to Differential Equations exploiting Model Symmetries.** The Computer Journal, Oxford University Press., Volume 58, Issue 1, Jan. 2015, Pages 23-39.
- S. Lonardi, D Duma, M. Alpert, F. Cordero, M. Beccuti, P. R. Bhat, Y. Wu, G. Ciardo, B. Alsaihati, Y. Ma, S. Wanamaker, J. Resnik, M. Luo, T. J. Close. **Combinatorial Pooling Enables Selective Sequencing of the Barley Gene Space.** PLOS Computational Biology, Volume 9(4), 2013.
- F. Cordero, M. Beccuti, C. Fornari, S. Lanzardo, L. Conti, F. Cavallo, G. Balbo and R. Calogero. **Multi-level model for the investigation of oncoantigen-driven vaccination effect.** BMC Bioinformatics, Volume 14, Suppl. 6, 2013.
- K.F. Mayer, R. Waugh, P. Langridge, T.J. Close, . . . , M. Beccuti et al. **A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome.** Nature, Volume 491, Pages 711-716. November 2012.
- M. Beccuti, S. Chiaradonna, F. Di Giandomenico, S. Donatelli, G. Dondossola, G. Franceschinis. **Quantification of Dependencies between Electrical and Information Infrastructures.** International Journal of Critical Infrastructure Protection, Volume 5, Issue 1, March 2012, Pages 14-27. Ed. Elsevier.

Dati personali Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 giugno 2003, n. 196 "Codice in materia di protezione dei dati personali".