

## CURRICULUM VITAE

# Mario Urtis

## Bioingegnere - Bioinformatico

email: [mario.urtis01@gmail.com](mailto:mario.urtis01@gmail.com)

### Informazioni Personali

---

Sono un ingegnere biomedico con una spiccata propensione alla ricerca. In questi anni ho sviluppato una particolare passione per la bioinformatica e per l'intelligenza artificiale applicata al campo dell'Health Care. Lavorando come ricercatore ho acquisito un'importante esperienza nel campo della genetica NGS per patologie Tumorali, Cardiomiopatie e malattie rare aneurismatiche, sviluppando sistemi di analisi e di supporto all'analisi dei test genetici.

Durante la mia carriera mi sono interfacciato continuamente con diverse figure professionali del mondo della medicina e della biologia, integrando in questo modo la mia innata propensione al problem solving ad ottime capacità di apprendimento e adattamento ad ambiti multidisciplinari.

Per incentivare la mia crescita nel mondo della ricerca ho intrapreso il percorso di Dottorato in Bioingegneria e Bioinformatica con l'obiettivo di contribuire in maniera tangibile alla crescita scientifica della comunità.

### Esperienze lavorative

---

#### Gennaio 2018 – Settembre 2018

Bioinformatico presso il Centro Malattie Genetiche Cardiovascolari della Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo di Pavia:

Titolare di borsa di studio dal titolo "Sviluppo di nuove pipelines per l'analisi bioinformatica di test NGS per la valutazione del carcinoma mammario ed ovarico a carattere eredo-familiare"

#### Ottobre 2016 - Dicembre 2017

Bioinformatico presso MAGICA ONLUS in collaborazione con il Centro Malattie Genetiche Cardiovascolari della Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo di Pavia.

Incarico di sviluppo di soluzioni bioinformatiche per il supporto di progetti di ricerca in particolare: Implementazione di nuovi framework di analisi di dati di sequenziamento NGS per applicazioni di ricerca.

Sviluppo di pipeline di analisi di dati di sequenziamento NGS.

Sviluppo di un'applicazione web nel contesto del progetto di ricerca riguardante MOGE(S).

Sviluppo di un software di motion analysis per cardiomiociti.

#### Maggio 2016 - Settembre 2016

Bioinformatico presso il laboratorio BMS (Bioinformatics, Mathematical modelling and Synthetic Biology) dell'Università degli studi di Pavia:

Incarico di implementazione di un framework di machine learning per l'analisi e la classificazione dei dati genomici generati con tecnologia NGS per applicazioni di cancer sequencing.

## Istruzione e formazione

---

### Attualmente:

Dottorando in Bioingegneria e Bioinformatica presso l'Università degli studi di Pavia.

### 2013-2016 - Laurea magistrale

in Bioingegneria, curriculum "Bioingegneria delle Cellule e dei Tessuti", presso la facoltà di ingegneria dell'Università degli studi di Pavia:

Titolo della tesi: "*Un nuovo algoritmo di machine learning per la scoperta di mutazioni tumorali in genomi sequenziati.*". Relatore: *Prof. Riccardo Bellazzi*. Voto: 106/110.

### 2008-2012 - Laurea triennale

in Ingegneria Biomedica, indirizzo "Informazione", presso la facoltà di ingegneria dell'Università degli studi di Cagliari:

Titolo della tesi: "*Studio di algoritmi di clustering on-line per spike sorting neurale.*" Relatore: *Prof. Danilo Pani*. Voto: 101/110.

## Competenze linguistiche

---

Italiano: Madre lingua

Inglese: B1+

## Competenze tecniche e informatiche

---

Esperienza nello sviluppo di pipeline bioinformatiche per l'analisi di dati di sequenziamento NGS per pannelli di geni e esomi.

Esperienza nello sviluppo di applicazioni di machine learning in campo biomedico tramite Weka, Orange Canvas and Python (Pandas and Scikit-learn)

Esperienza nella gestione e nell'analisi dei Big Data in campo biomedico tramite MongoDB, MySQL e Node.js.

Esperienza nello sviluppo di applicazioni web.

Conoscenza dei seguenti linguaggi di programmazione:

- PYTHON: ottima conoscenza per applicazioni bioinformatiche, applicazioni statistiche, Machine Learning.
- BASH: discreta conoscenza per implementazione di pipeline di analisi bioinformatiche e gestione file.
- JAVASCRIPT, CSS, HTML5: buona conoscenza per sviluppo di applicativi web e interfacce front-end.
- JAVA, PERL, SQL, Node.js, C: conoscenza acquisita da corsi universitari.

Ottima conoscenza dei sistemi operativi Windows e dei sistemi GNU/Linux.

## Altre informazioni

---

Mi definiscono una persona affidabile, sensibile, empatica, un ottimo comunicatore, ma le caratteristiche che mi contraddistinguono maggiormente sono la curiosità scientifica e l'amore per la scoperta. Sono una persona capace di individuare obiettivi precisi e raggiungibili nel mio lavoro e determinata nel perseguirli. Ho ottime capacità di teamwork e di organizzazione del lavoro sia a

livello personale che di gruppo. Ho sviluppato una grande adattabilità delle mie capacità di problem solving grazie ai contesti in cui è avvenuta la mia formazione.

Ho maturato uno spiccato interesse verso l'arte in tutte le sue forme. Nello specifico mi diletto nel ritratto a matita su carta e ho un particolare interesse verso la lettura e la scrittura.

## **Attestati Premi Pubblicazioni**

---

### Abstract

Giordano C, Urtis M, Di Giovannantonio M, Smirnova A, Concardi M, Favalli V, Arbustini E. *Beat-Tracker: an image-based algorithm for induced cardiomyocytes contractile activity evaluation*. MYOCARDIAL FUNCTION & CELLULAR BIOLOGY OF THE HEART MEETING, Varenna, 25-28 MAY 2017.

### Pubblicazioni

M. Di Giovannantonio, M. Urtis, E. Arbustini, V. Favalli. IEVA: Identification and Extraction of Variant Attributes. BMC Bioinformatics. (2018) – In preparation

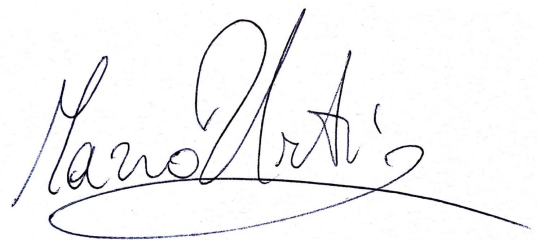
### Grant e Premi:

Vincitore della borsa di studio (bando per selezione pubblica) dal titolo: "Sviluppo di nuove pipelines per l'analisi bioinformatica di test NGS per la valutazione del carcinoma mammario ed ovarico a carattere eredo-familiare" presso Fondazione I.R.C.C.S. Policlinico SAN MATTEO di Pavia.

Bando Dir.Scient.n.1/R.C./2017, Procedimento n.20170009291.

Vincitore del Premio di Laurea "Vincenzo Tagliasco" (premi GNB - Gruppo Nazionale di Bioingegneria 2016), per la tesi dal titolo "*UN NUOVO ALGORITMO DI MACHINE LEARNING PER LA SCOPERTA DI MUTAZIONI TUMORALI NEI GENOMI SEQUENZIATI*".

Mario Urtis



*Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del D. Lgs. 196/2003.  
Dichiaro che quanto riportato nel presente Curriculum Vite corrisponde a verità ai sensi del D.P.R. 445/2000.*