

INFORMAZIONI PERSONALI

Bachir Balech


Sesso: | Data di nascita: | Nazionalità:

TITOLO DI STUDIO

Ph.D in Genetica ed Evoluzione Molecolare
Laurea in Scienze Agrarie

ESPERIENZA
PROFESSIONALE

30 Settembre 2019 –
presente

Ricercatore livello III a tempo indeterminato

Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari (IBIOM - CNR) del Consiglio Nazionale delle Ricerche. Via Amendola 122/D, 70126, Bari, Italia

Attività o settore: Ricerca in bioinformatica e biodiversità molecolare

1 Ottobre 2017 – 29
Settembre 2019

Assegno di ricerca - progetto lifewatch previsto nella roadmap ESFRI CUP B52F15000670005

Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari (IBIOM) del Consiglio Nazionale delle Ricerche. Via Amendola 122/D, 70126, Bari, Italia

- Sviluppo di strumenti bioinformatici innovativi per lo studio della biodiversità molecolare: pipeline, banche dati e ontologie per analisi di DNA barcoding, di metagenomica e di diversità filogenetica.

Attività o settore: Ricerca in bioinformatica e biodiversità molecolare

31 Maggio 2016 – 30
Settembre 2017

Contratto di prestazione d'opera in regime di Collaborazione Coordinata e Continuativa - progetto "DICLIMAX" cod. MTJU9H8

Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari (IBIOM) del Consiglio Nazionale delle Ricerche. Via Amendola 122/D, 70126, Bari, Italia

- Sviluppo e ottimizzazione di software e strumenti di analisi di dati del tipo Next Generation Sequencing al fine di individuare l'algoritmo ottimale per le analisi di variant calling.

Attività o settore: Ricerca in bioinformatica e genomica

02 Maggio 2015 – 30
Aprile 2016

Assegno di ricerca - progetto bandiera EPIGENOMICA

Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari (IBIOM) del Consiglio Nazionale delle Ricerche. Via Amendola 122/D, 70126, Bari, Italia

- Sviluppo di metodologie bioinformatiche per lo studio della allele-specificità dell'espressione genica utilizzando script sviluppati ad-hoc in grado di predire eventi di polimorfismi del DNA e editing del RNA

Attività o settore: Ricerca in bioinformatica e genomica

23 Aprile 2012 – 22
Aprile 2015

Assegno di ricerca - progetto BioVeL "Biodiversity Virtual e-Laboratory", grant agreement 283359 FP7-infrastructures-2011-12

Istituto di Biomembrane, Bioenergetica e Biotecnologie Molecolari (IBIOM) del Consiglio Nazionale delle Ricerche. Via Amendola 122/D, 70126, Bari, Italia

- Messa a punto di un sistema di interrogazione ed estrazione di dati di sequenza da banche dati biologiche primarie e specializzate, l'implementazione di un nuovo metodo di multialineamento del DNA, di un protocollo bioinformatico standard per l'assegnazione tassonomica di dati proveniente da tecnologie di sequenziamento NGS basato sull'inferenza filogenetica e di un metodo di analisi dei profili tassonomici della biodiversità basato sulla diversità filogenetica

Attività o settore: Ricerca in bioinformatica e biodiversità molecolare

13 marzo 2006 – 10 dicembre 2006

Contratto lavorativo a tempo indeterminato

Unifert SAL; P.O.Box 11-6937 Riad El Solh Beirut 1107 2230, Libano

- Selezione di nuove varietà coltivate ed all'uso adatto dei fertilizzanti e dei pesticidi nelle pratiche agricole

Settore: Esperto in pratiche agricole

23 settembre 2004 – 31 marzo 2005

Contratto lavorativo - progetto Export Plus

Bureau Veritas Liban, Dedeyan Center – Dora, Beirut, Libano, P. O. Box 901177

- Controllo di qualità dei prodotti agricoli destinati all'esportazione

Settore: Ispettore

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

02 gennaio 2009 – 31 dicembre 2011

Dottorato di Ricerca in Genetica ed Evoluzione Molecolare

Università degli Studi di Bari Aldo Moro, Dipartimento di Genetica e Microbiologia, Via Orabona 4, 70126, Bari, Italia

- Titolo della tesi: "Metazoan Biodiversity Monitoring in Chestnut Soil: Coupling DNA Barcode approach with 454 Pyrosequencing Technology"

01 settembre 2008 – 28 febbraio 2011

Master professionale dal titolo: formazione avanzata di ricercatori esperti di bioinformatica per lo studio della biodiversità molecolare

Università degli Studi Guglielmo Marconi e IBM Italia S.p.a. Via Pietro Leonida Laforgia, 14, 70125 Bari, Italia

- Principali attività: sviluppo di metodi e workflow bioinformatici per gli studi di genomica e DNA barcoding e progettazione della strutturazione delle banche dati biologiche

2006 – 2008

Master of Science in integrated pest management of Mediterranean fruit tree crops

Istituto Agronomico Mediterraneo di Bari (IAMB). Via Ceglie, 9, 70010, Valenzano (BA), Italia

- Titolo della tesi: "An Integrated Molecular and Morphological Study to Design a DNA Barcode Discrimination Protocol for Fusarium species Involved in Dry Root Disease of Citrus"

1999 – 2004

Laurea in Scienze Agrarie, Specializzazione Protezione delle Colture

Università Libanese, Università di stato, Facoltà di Scienze Agrarie. Dekwaneh, Libano

- Titolo della tesi: "A Survey of Almond Viruses in Lebanon with Observations of other Major Problems"

1999

Diploma di scuola superiore - Indirizzo Matematica

Collège Orientale. Zahle, Libano

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Arabo

Altre lingue

	COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA
	Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale	
Italiano	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato
Inglese	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato
Francese	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato	avanzato

Competenze digitali

- Ottima conoscenza dei linguaggi di programmazione: Python, BioPython, MySQL, Cython, R, Numpy, Scipy;
- Utilizzo avanzato della Bash shell in ambiente UNIX;
- Utilizzo avanzato dei sistemi di retrieval e di interrogazione "Application Programming Interface" (API) delle banche dati biologiche primarie e specializzati;
- Ottima conoscenza dei metodi di analisi filogenetiche: analisi bayesiana, maximum likelihood, neighbor-joining;

- Ottima conoscenza di Galaxy e Taverna Workflow Management Systems;
- Ottima conoscenza di software bioinformatici: pacchetto EMBOSS, pacchetto BLAST, pacchetto HMMer, pacchetto AmpliconNoise, pacchetto Usearch, Bioedit, MEGA, RAXML, BATS, MAUVE, MUSCLE, U-Gene, Clustalo, PhyML, DEseq, EdgeR, BWA, Bowtie, Tophat, Samtools, FreeBayes, GATK;
- Buona conoscenza di analisi statistiche di dati generati da Real-time PCR;
- Buona conoscenza degli ambienti di sviluppo integrato: Eclipse, Geany.
- Buona conoscenza dei programmi di elaborazione grafica (Inkscape, Photoshop, Dia, Gimp, Lucichart, drawio);

Patente di guida B

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni

- **Bachir Balech***, et al. (2022). MetaCOXI: an integrated collection of metazoan mitochondrial cytochrome oxidase subunit-I DNA sequences. Database 2022, baab084.
- Giulia Agostinetto, Alberto Brusati, Anna Sandionigi, Adam Chahed, Elena Parladori, **Bachir Balech**, et al. (2022). ExTaxSI: an exploration tool of biodiversity molecular data, GigaScience 11, giab092.
- Tamara Lazic, Cataldo Pierri, Giuseppe Corriero, **Bachir Balech** et al. (2021). Evaluating the Efficiency of DNA Metabarcoding to Analyze the Diet of Hippocampus guttulatus (Teleostea: Syngnathidae). Life, 11(10), 998.
- Waterhouse RM, Adam-Blondon AF, Agosti D, Baldrian P, **Balech B**, et al. (2021) Recommendations for connecting molecular sequence and biodiversity research infrastructures through ELIXIR. F1000Research 10 (ELIXIR): 1238.
- **Bachir Balech***, et al. (2020). Variant Calling Algorithms Benchmark Using High Performance Computing, In: Atti dell'Incontro con Gli Utenti Data Center ReCaS Bari. ISBN 978-88-492-3917-1.
- **Balech B***, et al. (2018). Tackling critical parameters in metazoan meta-barcoding experiments: a preliminary study based on cox1 DNA barcode. PeerJ 6. Artn E4845.
- Delic D, **Balech B*** et al. (2018). Molecular identification of Tomato spotted wilt virus on pepper and tobacco in Republic of Srpska (Bosnia and Herzegovina). European Journal of Plant Pathology 150:785-789.
- **Bachir Balech***, et al. (2018). DNA Multiple Sequence Alignment Guided by Protein Domains: The MSA-PAD 2.0 Method. In: Pantaleo V., Chiumenti M. (eds) Viral Metagenomics. Methods in Molecular Biology, 1746: 173-180. Humana Press, New York, NY.
- Santamaria M, Fosso B, Licciulli F, **Balech B** et al. (2018). ITSoneDB: a comprehensive collection of eukaryotic ribosomal RNA Internal Transcribed Spacer 1 (ITS1) sequences. Nucleic Acids Research 46:D127-D132.
- Alex R Hardisty, Finn Bacall, Niall Beard, Maria-Paula Balcázar-Vargas, **Bachir Balech**, et al. (2016). BioVeL: A virtual laboratory for data analysis and modelling in biodiversity science and ecology. BMC Ecology, 16(1):49.
- Duška DeliĆ, **Bachir Balech*** et al. (2016). Vmp1 and stamp genes variability of 'Candidatus phytoplasma solani' in Bosnian and Herzegovinian grapevine. European Journal of Plant Pathology, 145, 221-225. Online ISSN 1573-8469.
- Daniele Rosellini, Nicoletta Ferradini, Stefano Allegrucci, Stefano Capomaccio, Elisa Debora Zago, Paola Leonetti, **Bachir Balech** et al. (2016). Sexual polyploidization in Medicago sativa L.: impact on the phenotype, gene transcription and genome methylation. G3: Genes|Genomes|Genetics, 6(4):925-938.
- Loglisci C, **Balech B** and Malerba D. (2015) Discovering Variability Patterns for Change Detection in Complex Phenotype Data. Lecture Notes in Artificial Intelligence. In: F. Esposito et al. (Eds.): ISMIS 2015, LNAI 9384, pp. 9–18.
- Colella R, **Balech B** et al. (2015) Renewing Bioinformatics Workflow Systems by Using a Web 2.0 Approach. EMBnet.journal, 21. ISSN 2226-6089.
- **Balech B** et al. (2015) MSA-PAD: DNA Multiple Sequence Alignment Framework Based on PFAM Accessed Domain Information. Bioinformatics 31, 2571-2573.
- Sandionigi A, Vicario S, Prosdociimi EM, Galimberti A, Ferri E, Bruno A, **Balech B**, et al. (2015). Towards A Better Understanding of Apis Mellifera and Varroa Destructor Microbiomes: Introducing 'Phyloh' as a Novel Phylogenetic Diversity Analysis Tool. Molecular Ecology Resources 15, 697-710.
- Vos Ra, Biserkov JV, **Balech B** et al. (2014). Enriched Biodiversity Data as a Resource and Service. Biodiversity Data Journal (2):E1125. DOI: 10.3897/Bdj.2.E1125. eCollection 2014.
- Giacinto D, Saverio V, Notarangelo P and **Bachir B.** (2012). The Biovel Project: Robust Phylogenetic Workflows Running on the Grid, In: Egi Community Forum 2012/Emi Second Technical Conference, Proceedings of Science (Egicf12-Emitc2)029.

- Congressi** 47 partecipazioni a congress e workshops nazionali ed internazionali
- Riconoscimenti e premi** 29 maggio 2009: **Best Master of Science thesis** dal titolo "An Integrated Molecular and Morphological Study to Design a DNA Barcode Discrimination Protocol for Fusarium species Involved in Dry Root Disease of Citrus". Centre International De Hautes Etudes Agronomiques Méditerranéennes CIHEAM-11, rue Newton, 75116 PARIS.
- 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".

Luogo e data

Firma

Bari, 07 luglio 2022