



IGNACIO PONZONI

Doctor en Ciencias de la Computación

iponzoni@gmail.com

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información

Categorización actual: Nivel II (Asociado)

Fecha de publicación: 05/06/2024
Última actualización: 21/12/2023

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación / Argentina

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Universidad Nacional del Sur / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación

Dirección: San Andrés 800, Campus Palihue / 8000

País: Argentina / Bahía Blanca / Provincia de Buenos Aires

Teléfono: (291) 4595135 / 2626

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

Doctorado en Ciencias de la Computación (1996 - 2001)

Universidad Nacional del Sur, Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Título de la disertación/tesis/defensa: Aplicación de teoría de grafos al desarrollo de algoritmos para clasificación de variables

Tutor/es: Nélida Beatriz Brignole

Descripción del título obtenido: Doctor en Ciencias de la Computación

Obtención del título: 2001

GRADO

Licenciatura en Ciencias de la Computación (1991 - 1996)

Universidad Nacional del Sur, Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Título de la disertación/tesis/defensa: Tesis de Licenciatura en Ciencias de la Computación

Tutor/es: Nélida Beatriz Brignole

Descripción del título obtenido: Licenciado en Ciencias de la Computación

Obtención del título: 1996

Formación complementaria

CONCLUIDA

OTRAS INSTANCIAS

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Instituto de Química Médica (IQM-CSIC), Madrid, España.

Duración: 11 de julio al 30 de diciembre de 2022. (2022)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Centro de Investigación Biológicas (CIB-CSIC), Madrid, España. Duración: 8 de mayo al 23 de julio de 2018. (2018)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Escuela Politécnica Superior de la Universidad Pablo de Olavide (EPS-UPO), Sevilla, España. **Duración:** 27 de febrero al 12 de mayo de 2017. (2017)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Centro de Investigación Biológicas (CIB-CSIC), Madrid, España. **Duración:** 18 de mayo al 29 de junio de 2016. (2016)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Departamento de Bioinformática y Genómica, Centro de Investigación Príncipe Felipe (CIPF), Valencia, España. **Duración:** 6 de junio al 15 de julio de 2011. (2011)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: Departamento de Bioinformática y Genómica, Centro de Investigación Príncipe Felipe (CIPF), Valencia, España. **Duración:** 3 de marzo al 5 de julio de 2009. (2009)

España

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: School of Computing and Mathematics, University of Ulster, Reino Unido. **Duración:** 28 de agosto al 26 de septiembre de 2006. (2006)

Reino Unido

Estadía como Investigador Visitante. Lugar: School of Computing and Mathematics, University of Ulster, Reino Unido. **Duración:** 28 de febrero al 6 de julio de 2005. (2005)

Reino Unido

Idiomas

Inglés

Entiende bien / Habla bien / Lee muy bien / Escribe muy bien

Key English Test, aprobado, otorgado por la University of Cambridge, Local Examinations Syndicate, (4/12/1997).

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática y Quimioinformática

Actuación profesional

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ARGENTINA

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TÉCNICAS (CONICET) / Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (11/2020 - a la fecha) Trabajo relevante

Investigador Principal 45 horas semanales / Dedicación total

Es importante mencionar que las horas de dedicación de mis cargos actuales en la Universidad Nacional del Sur y en el CONICET se solapan, por lo que mi carga horaria de trabajo por semana es de 45 horas en total (incluyendo ambos cargos).

Funcionario/Empleado (01/2015 - 10/2020) Trabajo relevante

Investigador Independiente 45 horas semanales / Dedicación total

Tener presente que en Argentina las declaraciones de la carga horaria entre los cargos de

Investigador de CONICET y los cargos docentes con dedicación exclusiva en la Universidad permiten el solapamiento de horas. Por lo que el total de horas trabajadas por semana es de 45 horas entre los dos cargos.

Funcionario/Empleado (01/2009 - 12/2014)

Investigador Adjunto 45 horas semanales

Tener presente que en Argentina las declaraciones de la carga horaria entre los cargos de Investigador de CONICET y los cargos docentes con dedicación exclusiva en la Universidad permiten el solapamiento de horas. Por lo que el total de horas trabajadas por semana es de 45 horas entre los dos cargos.

Funcionario/Empleado (11/2002 - 12/2008)

Investigador Asistente 45 horas semanales / Dedicación total

Tener presente que en Argentina las declaraciones de la carga horaria entre los cargos de Investigador de CONICET y los cargos docentes con dedicación exclusiva en la Universidad permiten el solapamiento de horas. Por lo que el total de horas trabajadas por semana es de 45 horas entre los dos cargos.

Becario (04/2002 - 10/2002)

Becario Postdoctoral 45 horas semanales / Dedicación total

Becario (07/1996 - 06/2001)

Becario Doctoral 45 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Desarrollo de Tecnologías Quimioinformáticas basadas en Aprendizaje Profundo y Analítica Visual para la Predicción de Propiedades de Moléculas (09/2021 - a la fecha)

El diseño de modelos QSAR (modelos de relación cuantitativa estructura-actividad) constituye una de las metodologías más empleadas en el desarrollo de modelos computacionales para el cribado virtual de compuestos químicos en proyectos de descubrimiento de nuevos fármacos. Las ventajas de contar con estos modelos para predecir in silico los valores de propiedades fisicoquímicas relevantes para el diseño de nuevos medicamentos son numerosas: reducción del tiempo empleado durante la fase de descubrimiento (drug discovery), reducción de los recursos económicos y materiales requeridos debido a una disminución en la cantidad de ensayos tradicionales, y reducción de la experimentación sobre animales, entre otras. Al respecto, la legislación europea referida al desarrollo de nuevos fármacos no sólo autoriza las técnicas computacionales como alternativas válidas a nivel legal, sino que incentiva y estimula su uso por las indudables ventajas que representan. Durante los últimos años, el tamaño de las bases de datos de compuestos químicos ha tenido un fuerte crecimiento [Baumann y Schneider 2017]. Sin embargo, esta mayor abundancia en la disponibilidad de datos no ha podido evitar que la tasa de fallas en las fases pre-clínicas y el índice de deserción clínica (attrition rate), que miden la proporción de compuestos candidatos a constituir nuevos medicamentos que son descartados durante las distintas fases de un proyecto de diseño de fármacos, siguieran creciendo durante la última década. En este escenario, lograr una explotación eficiente e inteligente de estas grandes bases de datos (Big Data) mediante técnicas provenientes de las ciencias de los datos puede constituir una de las claves para mejorar la tasa de aceptación de los compuestos candidatos que finalmente llegan al mercado y, por esta razón se ha convertido en uno de los principales desafíos en la investigación farmacéutica y en el desarrollo de fármacos (I+D). En tal sentido, el objetivo general de la línea de investigación propuesta en este proyecto consiste en diseñar e implementar algoritmos y soluciones informáticas para inferir y analizar modelos QSAR para el diseño racional de drogas, enfocados en la recuperación de información en grandes volúmenes de datos utilizando técnicas de aprendizaje profundo y analítica visual.

20 horas semanales

Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Grupo BioChemTICs

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:3

Financiación:

AGENCIA NACIONAL DE PROMOCIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA, Argentina, Apoyo

financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Mónica Fátima Díaz , Axel Juan Soto , María Jimena Martínez , Fiorella Cravero , Santiago Schustik , Vir Sabando

Desarrollo de soluciones informáticas para el diseño de novo de moléculas en proyectos de descubrimiento de fármacos mediante el uso de técnicas de aprendizaje profundo y analítica visual (06/2023 - a la fecha)

Durante las últimas décadas está creciendo de manera sostenida la incorporación de metodologías de diseño molecular en los proyectos de descubrimiento de fármacos. Estas están logrando un impacto positivo no solo en el ahorro que permiten en los costos y tiempos de desarrollo, sino también ayudando a reducir la cantidad de experimentación que se realiza sobre animales. Una parte importante de estos nuevos enfoques computacionales explotan avances recientemente producidos en los campos del aprendizaje automático y la ciencia de datos, donde se observa una fuerte tendencia al desarrollo de nuevas representaciones de datos y algoritmos cada vez más complejos y específicos a cada etapa del proceso de descubrimiento de fármacos. En particular, cuando hablamos de diseño de novo, dicha tendencia se evidencia en la gran variedad de nuevas estrategias basadas en técnicas de aprendizaje profundo y, más específicamente, en el auge de los denominados modelos generativos. Al respecto, el diseño de novo de fármacos refiere a la generación de estructuras químicas novedosas que se ajustan a un conjunto de restricciones pre-establecidas utilizando métodos informáticos, donde el término de novo refiere a que las nuevas entidades moleculares son generadas sin un prediseño subyacente. Estas técnicas son complementarias a los métodos de modelado discriminativo usados para el cribado virtual de compuestos, los cuales permiten la selección de compuestos desde quimiotecas basándose en datos disponibles de relaciones estructura-actividad de las moléculas. La combinación de ambos tipos de técnicas, generativas y discriminativas, puede contribuir a potenciar el descubrimiento de nuevos fármacos y constituye la idea central a ser explorada en las investigaciones aquí propuestas. El objetivo general del presente proyecto es desarrollar una metodología integral (framework de novo) que permita generar compuestos químicos que posean las propiedades físicas, químicas y/o de bioactividad deseadas, usando métodos de aprendizaje profundo. En particular, una de las estrategias que evaluaremos en este proyecto, aunque no necesariamente la única, consiste en combinar mediante un esquema de aprendizaje por refuerzos el uso de modelos generativos con modelos discriminativos, estos últimos basados en relaciones cuantitativas estructura-actividad (Quantitative Structure-Activity Relationship, QSAR), que permitan orientar la generación de novo hacia regiones del espacio químico donde las moléculas se encuentren dentro de los rangos de valores de propiedad y actividad biológica buscados en un proyecto específico de desarrollo de fármacos. Además, como parte del framework que se planea obtener, se espera incorporar una capa de analítica visual que favorezca el análisis e interpretación del proceso de diseño de novo.

20 horas semanales

Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Grupo BioChemTICs

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET),

Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni , Axel Juan Soto , María Jimena Martínez , Vir Sabando

Diseño de algoritmos para modelado predictivo en bioinformática basados en técnicas de minería de datos y aprendizaje automático (11/2020 - 09/2022)

Las metas de este proyecto están orientadas a desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de minería de datos y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. En particular, se planifica desarrollar metodologías para abordar integralmente dos problemáticas de gran relevancia: 1. La inferencia de redes de asociación biológica, tanto a nivel de genes como de vías biológicas (pathways), a partir de datos de expresión de genes, y 2. La predicción de propiedades fisicoquímicas y mecánicas de moléculas, de utilidad en el diseño in silico de medicamentos y de materiales poliméricos industriales.

20 horas semanales

Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Grupo BioChemTICs

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:3

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET),

Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Jessica Andrea Carballido , Rocío Luján Cecchini , Mónica Fátima Díaz , Fiorella Cravero , Santiago Schustik , María Jimena Martínez

Diseño de algoritmos para modelado predictivo en bioinformática basados en técnicas de minería de datos y aprendizaje automático (07/2019 - 10/2020)

Las metas de este proyecto están orientadas a desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de minería de datos y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. En particular, se planifica desarrollar metodologías para abordar integralmente dos problemáticas de gran relevancia: 1. La inferencia de redes de asociación biológica, tanto a nivel de genes como de vías biológicas (pathways), a partir de datos de expresión de genes, y 2. La predicción de propiedades fisicoquímicas y mecánicas de moléculas, de utilidad en el diseño in silico de medicamentos y de materiales poliméricos industriales.

20 horas semanales

Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Grupo BioChemTICs

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:3

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET),

Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Mónica Fátima Díaz , Jessica Andrea Carballido , Rocío Luján Cecchini , Fiorella Cravero , Santiago Schustik , María Jimena Martínez

Procesamiento Paralelo Distribuido Aplicado a Ingeniería de Procesos. (03/2004 - 03/2007)

La principal motivación de este proyecto es introducir el empleo del procesamiento paralelo como herramienta para reducir tiempos de cómputo en aplicaciones tradicionalmente costosas de análisis de diseño, simulación e instrumentación de procesos industriales. En particular, se proyecta trabajar sobre un ambiente de procesamiento distribuido, donde diferentes estaciones de trabajo colaboran para resolver un problema en común. Este enfoque constituye la tendencia actual en materia de procesamiento paralelo pues involucra menores costos de inversión, permite distribuir mejor las tareas hacia las estaciones de trabajo más apropiadas, aprovecha los recursos existentes y brinda mejores posibilidades de expansión. Para alcanzar estas metas, en primer lugar se diseñarán técnicas para balanceo de carga y detección de condiciones de terminación especialmente ideadas para procesamiento distribuido, las cuales serán empleadas en los algoritmos paralelos-distribuidos que se desarrollarán en las siguientes etapas de este proyecto. Posteriormente, se diseñarán nuevos métodos basados en teoría de grafos para resolución en paralelo de sistemas de ecuaciones algebraicas no lineales, los cuales serán aplicados al estudio de modelos de plantas industriales. Luego, se desarrollarán nuevos algoritmos de búsqueda en profundidad paralelo-distribuidos, especialmente adaptados para su aplicación en problemas de clasificación de variables de procesos industriales. Por último, las herramientas computacionales desarrolladas serán incorporadas a un sistema de soporte de decisión para diseño de instrumentación de plantas de procesos, el cual está siendo actualmente desarrollado en nuestro grupo de investigación.

20 horas semanales

Planta Piloto de Ingeniería Química , Grupo de Ingeniería de Procesos

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Financiación:

AGENCIA NACIONAL DE PROMOCIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA, Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable)

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ARGENTINA

Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (04/2016 - a la fecha) Trabajo relevante

Profesor Asociado 40 horas semanales / Dedicación total

Funcionario/Empleado (10/2008 - 03/2016)

Profesor Adjunto 40 horas semanales / Dedicación total

Funcionario/Empleado (09/2003 - 09/2008)

Profesor Adjunto con dedicación semiexclusiva 20 horas semanales

Funcionario/Empleado (12/2002 - 03/2006)

Profesor Adjunto con dedicación semiexclusiva 20 horas semanales

Funcionario/Empleado (04/2002 - 03/2003)

Asistente de Docencia con dedicación semiexclusiva 20 horas semanales

Funcionario/Empleado (03/2002 - 12/2002)

Profesor Adjunto con dedicación semiexclusiva 20 horas semanales

Funcionario/Empleado (04/1999 - 04/2002)

Asistente de Docencia con dedicación semiexclusiva 20 horas semanales

Funcionario/Empleado (11/1996 - 03/1999)

Asistente de Docencia con dedicación simple 12 horas semanales

Funcionario/Empleado (03/1994 - 10/1996)

Ayudante de Docencia con dedicación simple 12 horas semanales

ACTIVIDADES

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Diseño de Modelos Predictivos en Bioinformática basados en técnicas de Minería de Datos y Aprendizaje Automático (04/2016 - 09/2019)

Las metas de este proyecto están orientadas a desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de minería de datos y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. En particular, se planifica desarrollar metodologías para abordar de manera integral dos problemáticas de gran relevancia: la inferencia de redes de asociación, tanto a nivel de genes como de vías biológicas, a partir de datos de expresión de genes, y la predicción de propiedades ADMET para el diseño in silico de medicamentos. En el primer problema se persigue como objetivo descubrir cómo la interacción coordinada entre diversos genes conlleva a la realización de las distintas funciones celulares que ocurren a nivel molecular. En tal sentido, en este proyecto se propone el abordaje de esta problemática en dos niveles: desarrollar métodos de inferencia de redes regulatorias de genes que permitan identificar la dinámica de asociación entre genes, pero también diseñar técnicas para analizar cómo afectan estas interacciones al nivel de las vías biológicas. Para esto último, se buscará identificar los patrones de activación (similares y antagónicos) que se producen entre las vías biológicas a partir de datos de expresión, organizando esta información también en términos de redes de asociación. De este modo, se espera poder brindar un análisis más completo de cómo los mecanismos de regulación inciden en las células. La segunda aplicación está orientada a diseñar algoritmos de predicción mediante aprendizaje automático. En particular, apunta a desarrollar métodos QSPR (Quantitative Structure-Property Relationship) para predicción de propiedades físicoquímicas que mejoren significativamente el desempeño de las técnicas existentes. En la actualidad este problema presenta varias aristas, lo cual complejiza su resolución. En tal sentido, este proyecto apunta a mejorar el proceso de entrenamiento predictivo, mediante la construcción de modelos con mejores propiedades de generalización. En particular, nuestra propuesta consiste en diseñar técnicas que incorporen conocimiento experto a fin de lograr modelos precisos pero también explicables en términos físicoquímicos, y desarrollar conjuntamente técnicas para la estimación de dominio de aplicabilidad que permitan identificar el subespacio químico dentro del cual resultará confiable un modelo QSPR. De este modo, se espera obtener técnicas de alta calidad para el diseño in silico de medicamentos. ACLARACIÓN SOBRE EL PERIODO DE EJECUCIÓN DEL PROYECTO: Otorgado

en noviembre de 2013, con fecha de inicio aún no establecida por estar sujeta a las fechas en que el CONICET proceda a la primera transferencia de los fondos.

20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación, LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:4

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET),

Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Gustavo Esteban Vazquez , Jessica Andrea Carballido , Rocío Luján Cecchini , Cristian Adnrés Gallo , María Jimena Martínez , Julieta Sol Dussaut , Fiorella Cravero

Diseño de Modelos Predictivos en Bioinformática basados en técnicas de Minería de Datos y

Aprendizaje Automático (10/2014 - 03/2016)

Las metas de este proyecto están orientadas a desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de minería de datos y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. En particular, se planifica desarrollar metodologías para abordar de manera integral dos problemáticas de gran relevancia: la inferencia de redes de asociación, tanto a nivel de genes como de vías biológicas, a partir de datos de expresión de genes, y la predicción de propiedades ADMET para el diseño in silico de medicamentos. En el primer problema se persigue como objetivo descubrir como la interacción coordinada entre diversos genes conlleva a la realización de las distintas funciones celulares que ocurren a nivel molecular. En tal sentido, en este proyecto se propone el abordaje de esta problemática en dos niveles: desarrollar métodos de inferencia de redes regulatorias de genes que permitan identificar la dinámica de asociación entre genes, pero también diseñar técnicas para analizar como afectan estas interacciones al nivel de las vías biológicas. Para esto último, se buscará identificar los patrones de activación (similares y antagónicos) que se producen entre las vías biológicas a partir de datos de expresión, organizando esta información también en términos de redes de asociación. De este modo, se espera poder brindar un análisis más completo de cómo los mecanismos de regulación inciden en las células. La segunda aplicación está orientada a diseñar algoritmos de predicción mediante aprendizaje automático. En particular, apunta a desarrollar métodos QSPR (Quantitative Structure-Property Relationship) para predicción de propiedades fisicoquímicas que mejoren significativamente el desempeño de las técnicas existentes. En la actualidad este problema presenta varias aristas, lo cual complejiza su resolución. En tal sentido, este proyecto apunta a mejorar el proceso de entrenamiento predictivo, mediante la construcción de modelos con mejores propiedades de generalización. En particular, nuestra propuesta consiste en diseñar técnicas que incorporen conocimiento experto a fin de lograr modelos precisos pero también explicables en términos fisicoquímicos, y desarrollar conjuntamente técnicas para la estimación de dominio de aplicabilidad que permitan identificar el subespacio químico dentro del cual resultará confiable un modelo QSPR. De este modo, se espera obtener técnicas de alta calidad para el diseño in silico de medicamentos.

ACLARACIÓN SOBRE EL PERIODO DE EJECUCION DEL PROYECTO: Otorgado en noviembre de 2013, con fecha de inicio aún no establecida por estar sujeta a las fechas en que el CONICET proceda a la primera transferencia de los fondos.

20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación, LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:4

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET),

Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Gustavo Esteban Vazquez , Jessica Andrea Carballido , Rocío Lujan Cecchini , María Jimena Martínez , Cristian Andres Gallo , Julieta Sol Dussaut , Fiorella Cravero

Desarrollo de Técnicas de Aprendizaje Automático orientadas al Diseño de Modelos Predictivos en Biología de Sistemas e Informática Molecular (01/2012 - 12/2015)

Este proyecto tiene por principal objetivo desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de

técnicas de computación evolutiva y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. Al respecto, la motivación general del proyecto no apunta únicamente al diseño de métodos de inferencia, sino también al desarrollo de una arquitectura de software integral que facilite y guíe las distintas etapas vinculadas al modelado y simulación in silico de procesos biológicos y fisicoquímicos, mediante un tratamiento sistémico asistido por computadora.

20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:3

Financiación:

Universidad Nacional del Sur, Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Gustavo Esteban Vazquez , Jessica Andrea Carballido , Rocío Lujan Cecchini , Cristian Andrés Gallo , Julieta Sol Dussaut , María Jimena Martínez

Desarrollo de Técnicas de Computación Evolutiva Multiobjetivo y Aprendizaje Automático orientadas al Diseño de Modelos Predictivos en Bioinformática. Aplicaciones: Inferencia de Redes Regulatorias de Genes y Predicción de Propiedades ADMET (05/2010 - 10/2014)

Las metas de este proyecto están orientadas a desarrollar modelos predictivos para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. En particular, se planifica desarrollar metodologías para abordar de manera integral dos aplicaciones de gran relevancia: la inferencia de redes regulatorias de genes (GRNs), y la predicción de propiedades ADMET para el diseño in-silico de medicamentos. El primer problema consiste en reconstruir la estructura de GRNs mediante algoritmos de inferencia. La meta es lograr deducir asociaciones regulatorias entre genes a partir de datos de expresión genética obtenidos con microarrays. Esta tarea presenta varios aspectos desafiantes. Una de ellas está dada por las dificultades existentes para descubrir relaciones de regulación con efecto diferido en el tiempo. Este es un problema abierto para la comunidad de Bioinformática, el cual empezó a ser abordado recientemente. Por otra parte, una vez reconstruida la dinámica de una GRN, es necesario proveer mecanismos de validación que evalúen la consistencia del sistema temporal obtenido por la inferencia. Estos aspectos centrales, inferencia de relaciones de regulación diferidas en el tiempo y verificación del comportamiento dinámico discreto de las redes, son los que se busca atacar con la concreción de este proyecto. Para la inferencia se propone usar técnicas de aprendizaje automático y computación evolutiva, mientras que para el segundo, se propone el uso de técnicas de verificación formal de sistemas. La segunda aplicación también consiste en diseñar algoritmos de predicción mediante técnicas de inteligencia computacional. En particular, apunta a desarrollar nuevos métodos QSAR para predicción de propiedades fisicoquímicas que mejoren el desempeño de las técnicas existentes. En la actualidad este problema presenta varias aristas, lo cual complejiza su resolución. En tal sentido, este proyecto apunta a mejorar el proceso de entrenamiento predictivo, mediante la construcción de modelos con mejores propiedades de generalización. En particular, nuestra propuesta consiste en diseñar técnicas de selección de atributos, para minimizar el uso de descriptores y así aumentar la generalidad del método, y técnicas de agrupamiento de compuestos, para desarrollar sistemáticamente modelos de predicción específicos para familias de datos. Los casos de estudio se orientarán a la predicción de propiedades ADMET, las cuales cumplen un rol central en el diseño in-silico de medicamentos.

20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:5

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET), Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , VAZQUEZ G.E. , Jessica Andrea Carballido , Rocío Luján Cecchini , Axel Juan Soto , Julieta Sol Dussaut , Cristian Andrés Gallo , María Jimena Martínez

Técnicas de Aprendizaje Automático y Computación Evolutiva aplicadas al Diseño de Modelos Predictivos en Bioinformática (10/2008 - 12/2011)

Este proyecto tiene por principal objetivo desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de computación evolutiva y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en

el ámbito de Bioinformática. Al respecto, la motivación general del proyecto no apunta únicamente al diseño de métodos de inferencia, sino también al desarrollo de una arquitectura de software integral que facilite y guíe las distintas etapas vinculadas al modelado y simulación in silico de procesos biológicos y fisicoquímicos, mediante un tratamiento sistémico asistido por computadora. 20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:3

Financiación:

Universidad Nacional del Sur, Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Gustavo Esteban VAZQUEZ , Jessica Andrea Carballido , Cristian Andrés Gallo , Axel Juan Soto , Rocío Luján Cecchini

Técnicas de Aprendizaje Automático y Computación Evolutiva aplicadas al Diseño de Modelos Predictivos en Bioinformática (01/2008 - 09/2008)

Este proyecto tiene por principal objetivo desarrollar modelos predictivos, basados en el uso de técnicas de computación evolutiva y aprendizaje automático, para adquisición de conocimientos en el ámbito de Bioinformática. Al respecto, la motivación general del proyecto no apunta únicamente al diseño de métodos de inferencia, sino también al desarrollo de una arquitectura de software integral que facilite y guíe las distintas etapas vinculadas al modelado y simulación in silico de procesos biológicos y fisicoquímicos, mediante un tratamiento sistémico asistido por computadora. 20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:2

Financiación:

Universidad Nacional del Sur, Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , VAZQUEZ G.E. , Jessica Andrea Carballido , Axel Juan Soto , Rocío Luján Cecchini

Métodos Computacionales para Predicción de Propiedades, Simulación e Instrumentación de Procesos Industriales (05/2005 - 05/2008)

En este proyecto se propone el desarrollo de software para predicción de propiedades, simulación e instrumentación con el objeto de utilizar métodos numéricos de última generación para resolver problemas complejos de interés en el área de Ingeniería de Procesos Industriales. Uno de los objetivos específicos es aplicar métodos de computación evolutiva que seleccionen las mejores correlaciones para ajuste de propiedades fisicoquímicas. En particular, se implementarán prototipos para dos tipos de formulaciones: algoritmos genéticos clásicos y programación genética. Otro objetivo es efectuar la reingeniería de módulos de simulación altamente especializados, de modo que cumplan con los requisitos del estándar CAPE-Open. Esto permitirá proporcionar valor agregado al software que se desarrolla con fines de transferencia, ya que la adaptación garantiza portabilidad y amplia difusión. Finalmente, se proyecta completar el desarrollo de un sistema de soporte de decisión para diseño de instrumentación, con vistas a lograr configuraciones que tiendan a brindar máximo conocimiento del proceso con el mínimo número de instrumentos estratégicamente colocados. Además, se prevé que varias aplicaciones requerirán altos tiempos de cómputo. Por lo tanto, en esos casos se diseñarán e implementarán las versiones paralelas correspondientes con el objeto de generar herramientas altamente eficientes.

20 horas semanales

Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , LIDeCC

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Doctorado:2

Financiación:

CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTIFICAS Y TECNICAS (CONICET), Argentina, Apoyo financiero

Universidad Nacional del Sur, Argentina, Apoyo financiero

Equipo: Ignacio Ponzoni (Responsable) , Nélida Beatriz Brignole (Responsable) , Jessica Andrea Carballido , Rocío Luján Cecchini , VAZQUEZ G.E. , Axel Juan Soto

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: Sin horas
Carga horaria de investigación: Sin horas
Carga horaria de formación RRHH: Sin horas
Carga horaria de extensión: Sin horas
Carga horaria de gestión: Sin horas

Producción científica/tecnológica

A lo largo de mi carrera me especialice en el desarrollo de soluciones de inteligencia artificial y machine learning aplicadas a distintos dominios de aplicación, focalizándome en los últimos diez años en problemas del ámbito de la bioinformática y quimioinformática.

En el ámbito de bioinformática se abordó el diseño de algoritmos para distintos problemas asociados al análisis de expresión de genes: biclustering de datos de expresión, inferencia de redes regulatorias de genes y detección de diafonías entre vías biológicas (pathway crosstalks). Contribuyendo tanto en el área de representación de los datos como en el diseño de nueva algoritmia.

En el ámbito de la quimioinformática se abordó el diseño de algoritmos para distintos problemas asociados al modelado predictivo de propiedades de moléculas, tanto para el campo de descubrimiento de fármacos como para el área de diseño de nuevos materiales. Contribuyendo tanto en el área de representación de los datos como en el diseño de nueva algoritmia.

Los resultados de mis tareas de investigación derivaron en 74 publicaciones indexadas en Scopus, 51 trabajos publicados en revistas, 21 en conferencias y 2 en capítulos de libros.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

Could QSOR Modelling and Machine Learning Techniques Be Useful to Predict Wine Aroma? (Completo, 2023)

VIRGINIA CARDOSO SCHWINDT , MAURICIO M. COLETTI , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI

Food and Bioprocess Technology, v.: 16 p.:24 - 42, 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United states

ISSN: 19355130

E-ISSN: 19355149

DOI: [10.1007/s11947-022-02836-x](https://doi.org/10.1007/s11947-022-02836-x)

<http://dx.doi.org/10.1007/s11947-022-02836-x>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Design of New Dispersants Using Machine Learning and Visual Analytics (Completo, 2023)

MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , ROI NAVEIRO , AXEL J. SOTO , PABLO TALAVANTE , SHIN-HO KIM LEE , RAMÓN GÓMEZ ARRAYAS , MARIO FRANCO , PABLO MAULEÓN , HÉCTOR LOZANO ORDÓÑEZ , GUILLERMO REVILLA LÓPEZ , MARCO BERNABEI , NURIA E. CAMPILLO , IGNACIO PONZONI

Polymers, v.: 15 p.:1324 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Switzerland

Escrito por invitación

E-ISSN: 20734360

DOI: [10.3390/polym15051324](https://doi.org/10.3390/polym15051324)

<http://dx.doi.org/10.3390/polym15051324>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Filtering non-balanced data using an evolutionary approach (Completo, 2023)

JESSICA A CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , ROCÍO L CECCHINI

Logic Journal of IGPL, v.: 31 2 , p.:271 - 286, 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

Escrito por invitación

ISSN: 13670751

E-ISSN: 13689894

DOI: [10.1093/jigpal/jzac018](https://doi.org/10.1093/jigpal/jzac018)

<http://dx.doi.org/10.1093/jigpal/jzac018>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Papillary Thyroid Carcinoma: A thorough Bioinformatic Analysis of Gene Expression and Clinical Data (Completo, 2023)

IVÁN PETRINI , ROCÍO L. CECCHINI , MARILINA MASCARÓ , IGNACIO PONZONI , JESSICA A. CARBALLIDO

Genes, v.: 14 p.:1250 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Switzerland

Escrito por invitación

E-ISSN: 20734425

DOI: [10.3390/genes14061250](https://doi.org/10.3390/genes14061250)

<http://dx.doi.org/10.3390/genes14061250>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Explainable artificial intelligence: A taxonomy and guidelines for its application to drug discovery (Completo, 2023)

Trabajo relevante

IGNACIO PONZONI , JUAN ANTONIO PÁEZ PROSPER , NURIA E. CAMPILLO

Wiley Interdisciplinary Reviews Computational Molecular Science, v.: 13 6 , 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Hoboken, Nueva Jersey, Estados Unidos

Escrito por invitación

E-ISSN: 17590884

DOI: [10.1002/wcms.1681](https://doi.org/10.1002/wcms.1681)

<http://dx.doi.org/10.1002/wcms.1681>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Can we gain insight about the ductile behavior of materials by using polymer informatics? (Completo, 2023)

FIORELLA CRAVERO , IGNACIO PONZONI , MÓNICA F. DÍAZ

Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, v.: 244 p.:105025 2023

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Netherlands

ISSN: 01697439

DOI: [10.1016/j.chemolab.2023.105025](https://doi.org/10.1016/j.chemolab.2023.105025)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.chemolab.2023.105025>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Using molecular embeddings in QSAR modeling: does it make a difference? (Completo, 2022)

MARÍA VIRGINIA SABANDO , IGNACIO PONZONI , EVANGELOS E MILIOS , AXEL J SOTO

Briefings in Bioinformatics, v.: 23 2022

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 14675463

E-ISSN: 14774054

DOI: [10.1093/bib/bbab365](https://doi.org/10.1093/bib/bbab365)

<http://dx.doi.org/10.1093/bib/bbab365>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Polymer informatics for QSPR prediction of tensile mechanical properties. Case study: Strength at break (Completo, 2022)

FIORELLA CRAVERO , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI

The Journal of Chemical Physics, v.: 156 2022

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 00219606
E-ISSN: 10897690
DOI: [10.1063/5.0087392](https://doi.org/10.1063/5.0087392)
<http://dx.doi.org/10.1063/5.0087392>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Multitask Deep Neural Networks for Ames Mutagenicity Prediction (Completo, 2022) Trabajo relevante

MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , MARÍA VIRGINIA SABANDO , AXEL J. SOTO , CARLOS ROCA ,
CARLOS REQUENA-TRIGUERO , NURIA E. CAMPILLO , JUAN A. PÁEZ , IGNACIO PONZONI
Journal of Chemical Information and Modeling, v.: 62 p.:6342 - 6351, 2022

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 15499596
E-ISSN: 1549960X
DOI: [10.1021/acs.jcim.2c00532](https://doi.org/10.1021/acs.jcim.2c00532)
<http://dx.doi.org/10.1021/acs.jcim.2c00532>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

How can polydispersity information be integrated in the QSPR modeling of mechanical properties? (Completo, 2022)

F. CRAVERO , S. A. SCHUSTIK , M. J. MARTÍNEZ , M. F. DÍAZ , I. PONZONI
Science and Technology of Advanced Materials Methods, v.: 2 p.:1 - 13, 2022

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: London, United Kingdom
Escrito por invitación
E-ISSN: 27660400
DOI: [10.1080/27660400.2021.2012540](https://doi.org/10.1080/27660400.2021.2012540)
<http://dx.doi.org/10.1080/27660400.2021.2012540>

PolyMaS: A new software to generate high molecular weight polymer macromolecules from repeating structural units (Completo, 2021)

SANTIAGO ARIEL SCHUSTIK , FIORELLA CRAVERO , MARIA JIMENA MARTINEZ , IGNACIO
PONZONI , MONICA FATIMA DIAZ
Polimery, v.: 66 p.:293 - 297, 2021

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Poland
E-ISSN: 00322725
DOI: [10.14314/polimery.2021.5.2](https://doi.org/10.14314/polimery.2021.5.2)
<http://dx.doi.org/10.14314/polimery.2021.5.2>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

ChemVA: Interactive Visual Analysis of Chemical Compound Similarity in Virtual Screening (Completo, 2021)

MARIA VIRGINIA SABANDO , PAVOL ULBRICH , MATIAS SELZER , JAN BYSKA , JAN MICAN ,
IGNACIO PONZONI , AXEL J. SOTO , MARIA LUJAN GANUZA , BARBORA KOZLIKOVA
IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics, v.: 27 p.:891 - 901, 2021

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 10772626
E-ISSN: 19410506
DOI: [10.1109/tvcg.2020.3030438](https://doi.org/10.1109/tvcg.2020.3030438)
<http://dx.doi.org/10.1109/tvcg.2020.3030438>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Polymer informatics: Expert-in-the-loop in QSPR modeling of refractive index (Completo, 2021)

SANTIAGO A. SCHUSTIK , FIORELLA CRAVERO , IGNACIO PONZONI , MÓNICA F. DÍAZ
Computational Materials Science, v.: 194 p.:110460 2021

Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 09270256

DOI: [10.1016/j.commatsci.2021.110460](https://doi.org/10.1016/j.commatsci.2021.110460)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.commatsci.2021.110460>
Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Feature Selection for Polymer Informatics: Evaluating Scalability and Robustness of the FS4RV_{DD} Algorithm Using Synthetic Polydisperse Data Sets (Completo, 2020) Trabajo relevante

FIORELLA CRAVERO , SANTIAGO A. SCHUSTIK , M. JIMENA MARTÍNEZ , GUSTAVO E. VÁZQUEZ , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI
Journal of Chemical Information and Modeling, v.: 60 p.:592 - 603, 2020
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 15499596
E-ISSN: 1549960X
DOI: [10.1021/acs.jcim.9b00867](https://doi.org/10.1021/acs.jcim.9b00867)
<http://dx.doi.org/10.1021/acs.jcim.9b00867>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

MoDeSuS: A Machine Learning Tool for Selection of Molecular Descriptors in QSAR Studies Applied to Molecular Informatics (Completo, 2019)

MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , MARINA RAZUC , IGNACIO PONZONI
BioMed Research International, v.: 2019 p.:1 - 12, 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 23146133
E-ISSN: 23146141
DOI: [10.1155/2019/2905203](https://doi.org/10.1155/2019/2905203)
<http://dx.doi.org/10.1155/2019/2905203>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

QSAR Classification Models for Predicting the Activity of Inhibitors of Beta-Secretase (BACE1) Associated with Alzheimer's Disease (Completo, 2019)

IGNACIO PONZONI , VÍCTOR SEBASTIÁN-PÉREZ , MARÍA J. MARTÍNEZ , CARLOS ROCA , CARLOS DE LA CRUZ PÉREZ , FIORELLA CRAVERO , GUSTAVO E. VAZQUEZ , JUAN A. PÁEZ , MÓNICA F. DÍAZ , NURIA E. CAMPILLO
Scientific Reports, v.: 9 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United kingdom
E-ISSN: 20452322
DOI: [10.1038/s41598-019-45522-3](https://doi.org/10.1038/s41598-019-45522-3)
<http://dx.doi.org/10.1038/s41598-019-45522-3>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Neural-based approaches to overcome feature selection and applicability domain in drug-related property prediction (Completo, 2019)

MARÍA VIRGINIA SABANDO , IGNACIO PONZONI , AXEL J. SOTO
Applied Soft Computing, v.: 85 p.:105777 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 15684946
DOI: [10.1016/j.asoc.2019.105777](https://doi.org/10.1016/j.asoc.2019.105777)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.asoc.2019.105777>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Computational modelling of mechanical properties for new polymeric materials with high molecular weight (Completo, 2019)

FIORELLA CRAVERO , M. JIMENA MARTÍNEZ , IGNACIO PONZONI , MÓNICA F. DÍAZ
Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, v.: 193 p.:103851 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 01697439
DOI: [10.1016/j.chemolab.2019.103851](https://doi.org/10.1016/j.chemolab.2019.103851)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.chemolab.2019.103851>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Computer-aided design of polymeric materials: Computational study for characterization of databases for prediction of mechanical properties under polydispersity (Completo, 2019)

FIORELLA CRAVERO , SANTIAGO A. SCHUSTIK , MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , CARLOS D. BARRANCO , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI
Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, v.: 191 p.:65 - 72, 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 01697439
DOI: [10.1016/j.chemolab.2019.06.006](https://doi.org/10.1016/j.chemolab.2019.06.006)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.chemolab.2019.06.006>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Development and use of a Cytoscape app for GRNCOP2 (Completo, 2019)

JUAN J. DÍAZ?MONTAÑA , NORBERTO DÍAZ?DÍAZ , CARLOS D. BARRANCO , IGNACIO PONZONI
Computer Methods and Programs in Biomedicine, v.: 177 p.:211 - 218, 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 01692607
DOI: [10.1016/j.cmpb.2019.05.030](https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2019.05.030)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.cmpb.2019.05.030>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

QSAR Modelling to Identify LRRK2 Inhibitors for Parkinson?s Disease (Completo, 2019)

VÍCTOR SEBASTIÁN-PÉREZ , MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , CARMEN GIL , NURIA EUGENIA CAMPILLO , ANA MARTÍNEZ , IGNACIO PONZONI
Journal of Integrative Bioinformatics, v.: 16 2019
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Berlin, Germany
Escrito por invitación
E-ISSN: 16134516
DOI: [10.1515/jib-2018-0063](https://doi.org/10.1515/jib-2018-0063)
<http://dx.doi.org/10.1515/jib-2018-0063>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

A Review of Software Tools for Pathway Crosstalk Inference (Completo, 2018)

JULIETA S. DUSSAUT , ROCIO L. CECCHINI , CRISTIAN A. GALLO , IGNACIO PONZONI , JESSICA A. CARBALLIDO
Current Bioinformatics, v.: 13 p.:64 - 72, 2018
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United arab emirates
ISSN: 15748936
DOI: [10.2174/1574893611666161123123204](https://doi.org/10.2174/1574893611666161123123204)
<http://dx.doi.org/10.2174/1574893611666161123123204>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Biclustering as Strategy for Improving Feature Selection in Consensus QSAR Modeling (Completo, 2018)

MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , JULIETA SOL DUSSAUT , IGNACIO PONZONI
Electronic Notes in Discrete Mathematics, v.: 69 p.:117 - 124, 2018
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 15710653
DOI: [10.1016/j.endm.2018.07.016](https://doi.org/10.1016/j.endm.2018.07.016)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.endm.2018.07.016>

Scopus'

An Evolutionary Algorithm for Automatic Recommendation of Clustering Methods and its Parameters (Completo, 2018)

JESSICA A. CARBALLIDO , MACARENA A. LATINI , IGNACIO PONZONI , ROCÍO L. CECCHINI
Electronic Notes in Discrete Mathematics, v.: 69 p.:229 - 236, 2018
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands

ISSN: 15710653
DOI: [10.1016/j.endm.2018.07.030](https://doi.org/10.1016/j.endm.2018.07.030)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.endm.2018.07.030>

Scopus[®]

Topic relevance and diversity in information retrieval from large datasets: A multi-objective evolutionary algorithm approach (Completo, 2018)

ROCÍO L. CECCHINI , CARLOS M. LORENZETTI , ANA G. MAGUITMAN , IGNACIO PONZONI
Applied Soft Computing, v.: 69 p.:749 - 770, 2018
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 15684946
DOI: [10.1016/j.asoc.2017.11.016](https://doi.org/10.1016/j.asoc.2017.11.016)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.asoc.2017.11.016>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

GeRNet: a gene regulatory network tool (Completo, 2017)

J.S. DUSSAUT , C.A. GALLO , F. CRAVERO , M.J. MARTÍNEZ , J.A. CARBALLIDO , I. PONZONI
Biosystems, v.: 162 p.:1 - 11, 2017
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 03032647
DOI: [10.1016/j.biosystems.2017.08.006](https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2017.08.006)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.biosystems.2017.08.006>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

Hybridizing Feature Selection and Feature Learning Approaches in QSAR Modeling for Drug Discovery (Completo, 2017)

IGNACIO PONZONI , VÍCTOR SEBASTIÁN-PÉREZ , CARLOS REQUENA-TRIGUERO , CARLOS ROCA , MARÍA J. MARTÍNEZ , FIORELLA CRAVERO , MÓNICA F. DÍAZ , JUAN A. PÁEZ , RAMÓN GÓMEZ ARRAYÁS , JAVIER ADRIO , NURIA E. CAMPILLO
Scientific Reports, v.: 7 2017
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United kingdom
E-ISSN: 20452322
DOI: [10.1038/s41598-017-02114-3](https://doi.org/10.1038/s41598-017-02114-3)
<http://dx.doi.org/10.1038/s41598-017-02114-3>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

Discretization of gene expression data revised (Completo, 2016) Trabajo relevante

CRISTIAN A. GALLO , ROCIO L. CECCHINI , JESSICA A. CARBALLIDO , SANDRA MICHELETTO , IGNACIO PONZONI
Briefings in Bioinformatics, v.: 17 p.:758 - 770, 2016
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United kingdom
ISSN: 14675463
E-ISSN: 14774054
DOI: [10.1093/bib/bbv074](https://doi.org/10.1093/bib/bbv074)
<http://dx.doi.org/10.1093/bib/bbv074>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

A Bioinformatics Approach for Detecting Repetitive Nested Motifs using Pattern Matching (Completo, 2016)

JOSÉ R. ROMERO , JESSICA A. CARBALLIDO , INGRID GARBUS , VIVIANA C. ECHENIQUE , IGNACIO PONZONI
Evolutionary Bioinformatics, v.: 12 2016
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: New zealand
E-ISSN: 11769343
DOI: [10.4137/ebo.s40138](https://doi.org/10.4137/ebo.s40138)
<http://dx.doi.org/10.4137/ebo.s40138>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

Feature Learning applied to the Estimation of Tensile Strength at Break in Polymeric Material Design (Completo, 2016)

Fiorella Cravero , María Jimena Martínez , Gustavo Esteban Vazquez , Mónica Fátima Díaz , Ignacio Ponzoni

Journal of Integrative Bioinformatics, v.: 13 2 , p.:15 - 29, 2016

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Berlin, Germany

Escrito por invitación

E-ISSN: 16134516

DOI: [10.2390/biecoll-jib-2016-286](https://doi.org/10.2390/biecoll-jib-2016-286)

<https://www.degruyter.com/document/doi/10.1515/jib-2016-286/html>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Feature Learning applied to the Estimation of Tensile Strength at Break in Polymeric Material Design (Completo, 2016)

Fiorella Cravero , María Jimena Martínez , Gustavo Esteban Vazquez , Mónica Fátima Díaz , Ignacio Ponzoni

Journal of Integrative Bioinformatics, v.: 13 2 , p.:15 - 29, 2016

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Berlin, Germany

Escrito por invitación

E-ISSN: 16134516

DOI: [10.2390/biecoll-jib-2016-286](https://doi.org/10.2390/biecoll-jib-2016-286)

<https://www.degruyter.com/document/doi/10.1515/jib-2016-286/html>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Feature Learning applied to the Estimation of Tensile Strength at Break in Polymeric Material Design (Completo, 2016)

Fiorella Cravero , María Jimena Martínez , Gustavo Esteban Vazquez , Mónica Fátima Díaz , Ignacio Ponzoni

Journal of Integrative Bioinformatics, v.: 13 2 , p.:15 - 29, 2016

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Berlin, Germany

Escrito por invitación

E-ISSN: 16134516

DOI: [10.2390/biecoll-jib-2016-286](https://doi.org/10.2390/biecoll-jib-2016-286)

<https://www.degruyter.com/document/doi/10.1515/jib-2016-286/html>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Crosstalk pathway inference using topological information and biclustering of gene expression data (Completo, 2016)

JULIETA S. DUSSAUT , CRISTIAN A. GALLO , ROCÍO L. CECCHINI , JESSICA A. CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI

Biosystems, v.: 150 p.:1 - 12, 2016

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Netherlands

ISSN: 03032647

DOI: [10.1016/j.biosystems.2016.08.002](https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2016.08.002)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.biosystems.2016.08.002>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

On Evolutionary Algorithms for Biclustering of Gene Expression Data (Completo, 2015)

A. JESSICA , A. CRISTIAN , S. JULIETA , PONZONI IGNACIO

Current Bioinformatics, v.: 10 p.:259 - 267, 2015

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United arab emirates

ISSN: 15748936

DOI: [10.2174/1574893609666140829204739](https://doi.org/10.2174/1574893609666140829204739)

<http://dx.doi.org/10.2174/1574893609666140829204739>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Visual analytics in cheminformatics: user-supervised descriptor selection for QSAR methods (Completo, 2015)

MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , IGNACIO PONZONI , MÓNICA F DÍAZ , GUSTAVO E VAZQUEZ ,
AXEL J SOTO

Journal of Cheminformatics, v.: 7 2015

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

E-ISSN: 17582946

DOI: [10.1186/s13321-015-0092-4](https://doi.org/10.1186/s13321-015-0092-4)

<http://dx.doi.org/10.1186/s13321-015-0092-4>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Pathway network inference from gene expression data (Completo, 2014)

IGNACIO PONZONI , MARÍA JOSÉ NUEDA , SONIA TARAZONA , STEFAN GÖTZ , DAVID
MONTANER , JULIETA SOL DUSSAUT , JOAQUÍN DOPAZO , ANA CONESA

BMC Systems Biology, v.: 8 2014

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

E-ISSN: 17520509

DOI: [10.1186/1752-0509-8-s2-s7](https://doi.org/10.1186/1752-0509-8-s2-s7)

<http://dx.doi.org/10.1186/1752-0509-8-s2-s7>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

**Prediction of mechanical properties of tensile test for linear polymers. QSPR modeling with
computational intelligence and interactive visual analysis (Completo, 2014)**

Damian Palomba , María Jimena Martínez , Fiorella Cravero , Axel Soto , Gustavo Esteban Vazquez ,
Ignacio Ponzoni , Mónica Fátima Díaz

Anales de la Asociación Química Argentina, v.: 101 1-2 , p.:137 - 147, 2014

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Argentina

ISSN: 03650375

E-ISSN: 18521428

<http://aqa.org.ar/images/anales/pdf101>

Scopus[®]

latindex

**Using classification algorithms for predicting durum wheat yield in the province of Buenos Aires
(Completo, 2013)**

JOSÉ R. ROMERO , PABLO F. RONCALLO , PAVAN C. AKKIRAJU , IGNACIO PONZONI ,
VIVIANA C. ECHENIQUE , JESSICA A. CARBALLIDO

Computers and Electronics in Agriculture, v.: 96 p.:173 - 179, 2013

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Netherlands

ISSN: 01681699

DOI: [10.1016/j.compag.2013.05.006](https://doi.org/10.1016/j.compag.2013.05.006)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.compag.2013.05.006>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

**Multi-objective evolutionary approaches for intelligent design of sensor networks in the
petrochemical industry (Completo, 2012)**

ROCÍO L. CECCHINI , IGNACIO PONZONI , JESSICA A. CARBALLIDO

Expert Systems with Applications, v.: 39 p.:2643 - 2649, 2012

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 09574174

DOI: [10.1016/j.eswa.2011.08.119](https://doi.org/10.1016/j.eswa.2011.08.119)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.eswa.2011.08.119>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

**QSPR Models for Predicting Log Pliver Values for Volatile Organic Compounds Combining Statistical
Methods and Domain Knowledge (Completo, 2012)**

DAMIÁN PALOMBA , MARÍA MARTÍNEZ , IGNACIO PONZONI , MÓNICA DÍAZ , GUSTAVO
VAZQUEZ , AXEL SOTO

Molecules, v.: 17 p.:14937 - 14953, 2012

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 14203049

DOI: [10.3390/molecules171214937](https://doi.org/10.3390/molecules171214937)

<http://dx.doi.org/10.3390/molecules171214937>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Target?Driven Subspace Mapping Methods and Their Applicability Domain Estimation (Completo, 2011)

AXEL J. SOTO , GUSTAVO E. VAZQUEZ , MARC STRICKERT , IGNACIO PONZONI

Molecular Informatics, v.: 30 p.:779 - 789, 2011

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 18681751

DOI: [10.1002/minf.201100053](https://doi.org/10.1002/minf.201100053)

<http://dx.doi.org/10.1002/minf.201100053>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Discovering time-lagged rules from microarray data using gene profile classifiers (Completo, 2011)

Trabajo relevante

CRISTIAN A GALLO , JESSICA A CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI

BMC Bioinformatics, v.: 12 2011

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

E-ISSN: 14712105

DOI: [10.1186/1471-2105-12-123](https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-123)

<http://dx.doi.org/10.1186/1471-2105-12-123>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

SID-GA: An evolutionary approach for improving observability and redundancy analysis in structural instrumentation design (Completo, 2009)

JESSICA A. CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , NÉLIDA B. BRIGNOLE

Computers & Industrial Engineering, v.: 56 p.:1419 - 1428, 2009

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 03608352

DOI: [10.1016/j.cie.2008.09.001](https://doi.org/10.1016/j.cie.2008.09.001)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.cie.2008.09.001>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

How To Improve the Model Partitioning in a DSS for Instrumentation Design (Completo, 2009)

ALEJANDRO O. DOMANCICH , MARCELO DURANTE , SEBASTIÁN FERRARO , PATRICIA

HOCH , NÉLIDA B. BRIGNOLE , IGNACIO PONZONI

Industrial & Engineering Chemistry Research, v.: 48 p.:3513 - 3525, 2009

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United states

ISSN: 08885885

E-ISSN: 15205045

DOI: [10.1021/ie800449t](https://doi.org/10.1021/ie800449t)

<http://dx.doi.org/10.1021/ie800449t>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Multi?Objective Feature Selection in QSAR Using a Machine Learning Approach (Completo, 2009)

AXEL?J. SOTO , ROCÍO?L. CECCHINI , GUSTAVO?E. VAZQUEZ , IGNACIO PONZONI

QSAR & Combinatorial Science, v.: 28 p.:1509 - 1523, 2009

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 1611020X

E-ISSN: 16110218

DOI: [10.1002/qsar.200960053](https://doi.org/10.1002/qsar.200960053)

<http://dx.doi.org/10.1002/qsar.200960053>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

An Evolutionary Approach for Feature Selection applied to ADMET Prediction (Completo, 2008)

A.J. SOTO , R.L. CECCHINI , G.E. VAZQUEZ , I. PONZONI

INTELIGENCIA ARTIFICIAL, v.: 12 37 , p.:55 - 63, 2008

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Spain
ISSN: 11373601
E-ISSN: 19883064
DOI: [10.4114/ia.v12i37.958](https://doi.org/10.4114/ia.v12i37.958)
<http://dx.doi.org/10.4114/ia.v12i37.958>

Scopus[®]

latindex

Inferring Adaptive Regulation Thresholds and Association Rules from Gene Expression Data through Combinatorial Optimization Learning (Completo, 2007)

I. PONZONI , F.J. AZUAJE , J.C. AUGUSTO , D.H. GLASS
IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, v.: 4 p.:624 - 634, 2007
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 15455963
E-ISSN: 15579964
DOI: [10.1109/tcbb.2007.1049](https://doi.org/10.1109/tcbb.2007.1049)
<http://dx.doi.org/10.1109/tcbb.2007.1049>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

CGD-GA: A graph-based genetic algorithm for sensor network design (Completo, 2007)

JESSICA A. CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , NÉLIDA B. BRIGNOLE
Information Sciences, v.: 177 p.:5091 - 5102, 2007
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Netherlands
ISSN: 00200255
DOI: [10.1016/j.ins.2007.05.036](https://doi.org/10.1016/j.ins.2007.05.036)
<http://dx.doi.org/10.1016/j.ins.2007.05.036>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

Initial Sensor Network Design with a Multi-Objective Genetic Algorithm (Completo, 2004)

Jessica Andrea Carballido , Ignacio Ponzoni , Nélida Beatriz Brignole
Electronic Journal of SADIO, v.: 6 1 , p.:34 - 41, 2004
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Buenos Aires, Argentina
Escrito por invitación
ISSN: 15146774

Direct Method for Structural Observability Analysis (Completo, 2004)

IGNACIO PONZONI , MABEL C. SÁNCHEZ , NÉLIDA B. BRIGNOLE
Industrial & Engineering Chemistry Research, v.: 43 p.:577 - 588, 2004
Lugar de publicación: United states
ISSN: 08885885
E-ISSN: 15205045
DOI: [10.1021/ie0300326](https://doi.org/10.1021/ie0300326)
<http://dx.doi.org/10.1021/ie0300326>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

A Symbolic Derivation Approach for Redundancy Analysis (Completo, 2002)

SEBASTIÁN J. FERRARO , IGNACIO PONZONI , MABEL C. SÁNCHEZ , NÉLIDA B. BRIGNOLE
Industrial & Engineering Chemistry Research, v.: 41 p.:5692 - 5701, 2002
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 08885885
E-ISSN: 15205045
DOI: [10.1021/ie011046j](https://doi.org/10.1021/ie011046j)
<http://dx.doi.org/10.1021/ie011046j>

Scopus[®] WEB OF SCIENCE™

ModGen: a model generator for instrumentation analysis (Completo, 2001)

G.E. VAZQUEZ , I. PONZONI , M.C. SÁNCHEZ , N.B. BRIGNOLE
Advances in Engineering Software, v.: 32 p.:37 - 48, 2001
Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United kingdom
ISSN: 09659978
DOI: [10.1016/s0965-9978\(00\)00073-9](https://doi.org/10.1016/s0965-9978(00)00073-9)
[http://dx.doi.org/10.1016/s0965-9978\(00\)00073-9](http://dx.doi.org/10.1016/s0965-9978(00)00073-9)

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Parallel observability analysis on networks of workstations (Completo, 2001)

IGNACIO PONZONI , GUSTAVO E VAZQUEZ , MABEL C SÁNCHEZ , NÉLIDA B BRIGNOLE
Computers & Chemical Engineering, v.: 25 p.:997 - 1002, 2001
Lugar de publicación: United kingdom
ISSN: 00981354
DOI: [10.1016/s0098-1354\(01\)00625-1](https://doi.org/10.1016/s0098-1354(01)00625-1)
[http://dx.doi.org/10.1016/s0098-1354\(01\)00625-1](http://dx.doi.org/10.1016/s0098-1354(01)00625-1)

Scopus' WEB OF SCIENCE™

A New Structural Algorithm for Observability Classification (Completo, 1999)

IGNACIO PONZONI , MABEL C. SÁNCHEZ , NÉLIDA B. BRIGNOLE
Industrial & Engineering Chemistry Research, v.: 38 p.:3027 - 3035, 1999
Palabras clave: Nonlinear systems Process engineering Sensors
Areas de conocimiento:
Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Química / Ingeniería de Procesos Químicos / Diseño de Instrumentación
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
ISSN: 08885885
E-ISSN: 15205045
DOI: [10.1021/ie980747m](https://doi.org/10.1021/ie980747m)
<http://dx.doi.org/10.1021/ie980747m>

Scopus' WEB OF SCIENCE™

CDHG: A new partitioning algorithm based on the detection of cycles in hypergraphs (Completo, 1998)

Ignacio Ponzoni , Mabel Cristina Sánchez , Nélida Beatriz Brignole
Latin American Applied Research - An international journal, v.: 28 1-2 , p.:31 - 36, 1998
Medio de divulgación: Papel
Lugar de publicación: Argentina
ISSN: 03270793
E-ISSN: 18518796

Scopus'

latindex

LIBROS

Cheminformatics, QSAR and Machine Learning Applications for Novel Drug Development (Participación , 2023)

ROI NAVEIRO , MARÍA J. MARTÍNEZ , AXEL J. SOTO , IGNACIO PONZONI , DAVID RÍOS-INSUA ,
NURIA E. CAMPILLO Publicado

Editor/Compilador: Kunal Roy , Cheminformatics, QSAR and Machine Learning Applica
Editorial: Elsevier
Tipo de publicación: Investigación
DOI: [10.1016/b978-0-443-18638-7.00025-6](https://doi.org/10.1016/b978-0-443-18638-7.00025-6)
Referado
Escrito por invitación
Medio de divulgación: Internet
ISSN/ISBN: 9780443186387
<http://dx.doi.org/10.1016/b978-0-443-18638-7.00025-6>

Capítulos:
Deep learning for novel drug development
Página inicial 263, Página final 284

Biological Knowledge Discovery Handbook (Participación , 2014)

Cristian Andrés Gallo , Ignacio Ponzoni , Jessica Andrea Carballido Publicado

Editor/Compilador: Mourad Elloumi & Albert Y. Zomaya
Editorial: John Wiley & Sons, Inc.
Tipo de publicación: Investigación
DOI: [10.1002/9781118617151.ch36](https://doi.org/10.1002/9781118617151.ch36)
Referado
Escrito por invitación
Medio de divulgación: Internet
ISSN/ISBN: 978-111861715-1, 978
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/9781118617151.ch36>

Capítulos:
Inference of Gene Regulatory Networks Based on Association Rules
Página inicial 803, Página final 838

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Improved predictive modeling of polymeric materials through a hybrid approach of machine learning and expert intervention (2023)

Ponzoni Ignacio
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 21st LACCEI International Multi-Conference for Engineering, Education and Technology, LACCEI 2023
Ciudad: Buenos Aires, Argentina
Año del evento: 2023
Anales/Proceedings: Proceedings of the LACCEI international Multi-conference for Engineering, Education and Technology
ISSN/ISBN: 2414-6390/978-628952
Publicación arbitrada
Editorial: Latin American and Caribbean Consortium of Engineering Institutions
Ciudad: Boca Raton, Florida, USA
Medio de divulgación: Internet

Statistical Learning Analysis of Thyroid Cancer Microarray Data (2022)

IVÁN PETRINI , ROCÍO L. CECCHINI , MARILINA MASCARÓ , IGNACIO PONZONI , JESSICA A. CARBALLIDO
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 9th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, IWBBIO 2022
Ciudad: Gran Canaria, Spain
Año del evento: 2022
Anales/Proceedings: Bioinformatics and Biomedical Engineering
Volumen: 13347
Serie: Lecture Notes in Bioinformatics
Página inicial: 90
Página final: 102
ISSN/ISBN: 9783031078019
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-031-07802-6_8](https://doi.org/10.1007/978-3-031-07802-6_8)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-07802-6_8

A Database Curation for Prediction of the Refractive Index in the Virtual Testing of Polymeric Materials by Using Machine Learning (2021)

SANTIAGO A. SCHUSTIK , FIORELLA CRAVERO , IGNACIO PONZONI , MÓNICA F. DÍAZ
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 10th International Conference of Production Research - Americas, ICPR-Americas

2020
Ciudad: Bahía Blanca, Argentina
Año del evento: 2021
Anales/Proceedings: Production Research
Volumen: 1408
Página inicial: 279
Página final: 294
ISSN/ISBN: 9783030763091
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-030-76310-7_22](https://doi.org/10.1007/978-3-030-76310-7_22)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-76310-7_22

PreCLAS: An Evolutionary Tool for Unsupervised Feature Selection (2020)

JESSICA A. CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , ROCÍO L. CECCHINI
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 15th International Conference on Hybrid Artificial Intelligent Systems, HAIS 2020
Ciudad: Gijón, Spain
Año del evento: 2020
Anales/Proceedings: Lecture Notes in Computer Science
Volumen: 12344
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 172
Página final: 182
ISSN/ISBN: 9783030617042
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-030-61705-9_15](https://doi.org/10.1007/978-3-030-61705-9_15)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-61705-9_15

Feature Selection and Polydispersity Characterization for QSPR Modelling: Predicting a Tensile Property (2019)

FIORELLA CRAVERO , SANTIAGO SCHUSTIK , MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , CARLOS D. BARRANCO , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 12th International Conference on Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics, PACBB 2018
Ciudad: Toledo, Spain
Año del evento: 2019
Anales/Proceedings: Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics, 12th International Conference
Volumen: 803
Página inicial: 43
Página final: 51
ISSN/ISBN: 9783319987019
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-98702-6_6](https://doi.org/10.1007/978-3-319-98702-6_6)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-98702-6_6

QSAR Modelling for Drug Discovery: Predicting the Activity of LRRK2 Inhibitors for Parkinson's Disease Using Cheminformatics Approaches (2019)

VÍCTOR SEBASTIÁN-PÉREZ , MARÍA J. MARTÍNEZ , CARMEN GIL , NURIA E. CAMPILLO , ANA MARTÍNEZ , IGNACIO PONZONI

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 12th International Conference on Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics, PACBB 2018
Ciudad: Toledo, Spain
Año del evento: 2019
Anales/Proceedings: Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics, 12th International Conference
Volumen: 803
Pagina inicial: 63
Pagina final: 70
ISSN/ISBN: 9783319987019
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-98702-6_8](https://doi.org/10.1007/978-3-319-98702-6_8)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-98702-6_8

FS4RVDD: A Feature Selection Algorithm for Random Variables with Discrete Distribution (2018)

FIORELLA CRAVERO , SANTIAGO SCHUSTIK , MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , MÓNICA FÁTIMA DÍAZ , IGNACIO PONZONI

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 17th International Conference on Information Processing and Management of Uncertainty in Knowledge-Based Systems, IPMU 2018
Ciudad: Cadiz, Spain
Año del evento: 2018
Anales/Proceedings: Communications in Computer and Information Science
Volumen: 855
Pagina inicial: 211
Pagina final: 222
ISSN/ISBN: 9783319914787
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-91479-4_18](https://doi.org/10.1007/978-3-319-91479-4_18)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-91479-4_18

Comparing Multiobjective Evolutionary Algorithms for Cancer Data Microarray Feature Selection (2018)

JULIETA SOL DUSSAUT , PABLO JAVIER VIDAL , IGNACIO PONZONI , ANA CAROLINA OLIVERA

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 2018 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)
Ciudad: Rio de Janeiro
Año del evento: 2018
Anales/Proceedings: 2018 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)
ISSN/ISBN: 978-150906017-7
Publicación arbitrada
Editorial: IEEE Computer Society
Ciudad: Piscataway, NJ USA
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1109/cec.2018.8477812](https://doi.org/10.1109/cec.2018.8477812)
<http://dx.doi.org/10.1109/cec.2018.8477812>

Comparing Multiobjective Evolutionary Algorithms for Cancer Data Microarray Feature Selection (2018)

JULIETA SOL DUSSAUT , PABLO JAVIER VIDAL , IGNACIO PONZONI , ANA CAROLINA OLIVERA

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 2018 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)
Ciudad: Río de Janeiro
Año del evento: 2018
Anales/Proceedings: 2018 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)
ISSN/ISBN: 978-150906017-7
Publicación arbitrada
Editorial: IEEE Computer Society
Ciudad: Piscataway, NJ USA
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1109/cec.2018.8477812](https://doi.org/10.1109/cec.2018.8477812)
<http://dx.doi.org/10.1109/cec.2018.8477812>

Analysis of Gene Expression Discretization Techniques in Microarray Biclustering (2017)

J. S. DUSSAUT , C. A. GALLO , J. A. CARBALLIDO , I. PONZONI

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 5th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, IWBBIO 2017
Ciudad: Granada, Spain
Año del evento: 2017
Anales/Proceedings: Bioinformatics and Biomedical Engineering
Volumen: 10209
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 257
Página final: 266
ISSN/ISBN: 9783319561530
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-56154-7_24](https://doi.org/10.1007/978-3-319-56154-7_24)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-56154-7_24

QSAR Classification Models for Predicting Affinity to Blood or Liver of Volatile Organic Compounds in e-Health (2017)

FIORELLA CRAVERO , MARÍA JIMENA MARTÍNEZ , MÓNICA F. DÍAZ , IGNACIO PONZONI

Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 5th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, IWBBIO 2017
Ciudad: Granada, Spain
Año del evento: 2017
Anales/Proceedings: Bioinformatics and Biomedical Engineering
Volumen: 10209
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 424
Página final: 433
ISSN/ISBN: 9783319561530
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-56154-7_38](https://doi.org/10.1007/978-3-319-56154-7_38)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-56154-7_38

Intelligent Systems for Predictive Modelling in Cheminformatics: QSPR Models for Material Design Using Machine Learning and Visual Analytics Tools (2016)

F. CRAVERO , M. J. MARTINEZ , G. E. VAZQUEZ , M. F. DÍAZ , I. PONZONI

Publicado

Completo
Evento: Internacional
Descripción: International Conference on Practical Applications of Computational Biology and Bioinformatics PACBB, 2016
Ciudad: Seville, Spain
Año del evento: 2016
Anales/Proceedings: Advances in Intelligent Systems and Computing
Volumen: 477
Pagina inicial: 3
Pagina final: 11
ISSN/ISBN: 9783319401256
Publicación arbitrada
Editorial: Springer International Publishing
Ciudad: Cham
Medio de divulgación: Internet
DOI: [10.1007/978-3-319-40126-3_1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-40126-3_1)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-40126-3_1

BAT: A New Biclustering Analysis Toolbox (2010)

CRISTIAN ANDRÉS GALLO , JULIETA SOL DUSSAUT , JESSICA ANDREA CARBALLIDO ,
IGNACIO PONZONI
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 5th Brazilian Symposium on Bioinformatics, BSB 2010
Ciudad: Río de Janeiro, Brazil
Año del evento: 2010
Anales/Proceedings: Advances in Bioinformatics and Computational Biology
Volumen: 6268
Pagina inicial: 67
Pagina final: 70
ISSN/ISBN: 9783642150593
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-642-15060-9_8](https://doi.org/10.1007/978-3-642-15060-9_8)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-15060-9_8

A Wrapper-Based Feature Selection Method for ADMET Prediction Using Evolutionary Computing (2009)

AXEL J. SOTO , ROCÍO L. CECCHINI , GUSTAVO E. VAZQUEZ , IGNACIO PONZONI
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 6th European Conference on Evolutionary Computation, Machine Learning, and Data Mining in Bioinformatics, EvoBIO 2008
Ciudad: Naples, Italy
Año del evento: 2009
Anales/Proceedings: Evolutionary Computation, Machine Learning and Data Mining in Bioinformatics
Volumen: 4973
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Pagina inicial: 188
Pagina final: 199
ISSN/ISBN: 9783540787563
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-540-78757-0_17](https://doi.org/10.1007/978-3-540-78757-0_17)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-78757-0_17

Bus Network Scheduling Problem: GRASP + EAs with PISA * Simulation (2009)

ANA C. OLIVERA , MARIANO FRUTOS , JESSICA A. CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI ,

NÉLIDA B. BRIGNOLE

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: 10th International Work-Conference on Artificial Neural Networks, IWANN 2009

Ciudad: Salamanca, Spain

Año del evento: 2009

Anales/Proceedings:Lecture Notes in Computer Science

Volumen:5517

Pagina inicial: 1272

Pagina final: 1279

ISSN/ISBN: 9783642024771

Publicación arbitrada

Editorial: Springer Berlin Heidelberg

Ciudad: Berlin, Heidelberg

Medio de divulgación: Papel

DOI: [10.1007/978-3-642-02478-8_159](https://doi.org/10.1007/978-3-642-02478-8_159)

http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-02478-8_159

MP4SO: A Model-Partitioning Software for Simulation and Optimization (2009)

ALEJANDRO O. DOMANCICH , MELISA MAIDANA , PATRICIA M. HOCH , NÉLIDA B. BRIGNOLE , IGNACIO PONZONI

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: 10th International Symposium on Process Systems Engineering

Ciudad: Salvador-Bahia, Brazil

Año del evento: 2009

Anales/Proceedings:Computer Aided Chemical Engineering

Volumen:27

Pagina inicial: 271

Pagina final: 276

Publicación arbitrada

Editorial: Elsevier

Medio de divulgación: Papel

DOI: [10.1016/s1570-7946\(09\)70299-8](https://doi.org/10.1016/s1570-7946(09)70299-8)

[http://dx.doi.org/10.1016/s1570-7946\(09\)70299-8](http://dx.doi.org/10.1016/s1570-7946(09)70299-8)

Microarray Biclustering: A Novel Memetic Approach Based on the PISA Platform (2009)

CRISTIAN ANDRÉS GALLO , JESSICA ANDREA CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: 7th European Conference on Evolutionary Computation, Machine Learning and Data Mining in Bioinformatics, EvoBIO 2009

Ciudad: Tubingen, Germany

Año del evento: 2009

Anales/Proceedings:Evolutionary Computation, Machine Learning and Data Mining in Bioinformatics

Volumen:5483

Pagina inicial: 44

Pagina final: 55

ISSN/ISBN: 9783642011832

Publicación arbitrada

Editorial: Springer Berlin Heidelberg

Ciudad: Berlin, Heidelberg

Medio de divulgación: Papel

DOI: [10.1007/978-3-642-01184-9_5](https://doi.org/10.1007/978-3-642-01184-9_5)

http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-01184-9_5

BiHEA: A Hybrid Evolutionary Approach for Microarray Biclustering (2009)

CRISTIAN ANDRÉS GALLO , JESSICA ANDREA CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI

Publicado

Completo

Evento: Internacional
Descripción: 4th Brazilian Symposium on Bioinformatics, BSB 2009
Ciudad: Angra dos Reis, Brazil
Año del evento: 2009
Anales/Proceedings: Advances in Bioinformatics and Computational Biology
Volumen: 5676
Página inicial: 36
Página final: 47
ISSN/ISBN: 9783642032226
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-642-03223-3_4](https://doi.org/10.1007/978-3-642-03223-3_4)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-03223-3_4

Segregating Confident Predictions of Chemicals? Properties for Virtual Screening of Drugs (2009)

AXEL J. SOTO , IGNACIO PONZONI , GUSTAVO E. VAZQUEZ
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 10th International Work-Conference on Artificial Neural Networks, IWANN 2009
Ciudad: Salamanca, Spain
Año del evento: 2009
Anales/Proceedings: Distributed Computing, Artificial Intelligence, Bioinformatics, Soft Computing, and Ambient Assisted Living
Volumen: 5518
Página inicial: 1005
Página final: 1012
ISSN/ISBN: 9783642024801
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-642-02481-8_153](https://doi.org/10.1007/978-3-642-02481-8_153)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-02481-8_153

Using Computational Intelligence and Parallelism to Solve an Industrial Design Problem (2006)

FERNANDO ASTEASUAIN , JESSICA A. CARBALLIDO , GUSTAVO E. VAZQUEZ , IGNACIO PONZONI
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 10th Ibero-American Conference on Artificial Intelligence
Ciudad: Ribeirao Preto, Brazil
Año del evento: 2006
Anales/Proceedings: Advances in Artificial Intelligence - IBERAMIA-SBIA 2006
Volumen: 4140
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 188
Página final: 197
ISSN/ISBN: 9783540454625
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/11874850_23](https://doi.org/10.1007/11874850_23)
http://dx.doi.org/10.1007/11874850_23

A Novel Application of Evolutionary Computing in Process Systems Engineering (2005)

JESSICA ANDREA CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , NÉLIDA BEATRIZ BRIGNOLE
Publicado
Completo
Evento: Internacional

Descripción: 5th European Conference on Evolutionary Computation in Combinatorial Optimization, EvoCOP 2005
Ciudad: Lausanne, Switzerland
Año del evento: 2005
Anales/Proceedings: Evolutionary Computation in Combinatorial Optimization
Volumen: 3448
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 12
Página final: 22
ISSN/ISBN: 9783540253372
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-540-31996-2_2](https://doi.org/10.1007/978-3-540-31996-2_2)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-31996-2_2

On Stopping Criteria for Genetic Algorithms (2004)

MARTÍN SAFE , JESSICA CARBALLIDO , IGNACIO PONZONI , NÉLIDA BRIGNOLE
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 17th Brazilian Symposium on Artificial Intelligence
Ciudad: Sao Luis, Maranhao, Brazil
Año del evento: 2004
Anales/Proceedings: Advances in Artificial Intelligence ? SBIA 2004
Volumen: 3171
Serie: Lecture Notes in Computer Science
Página inicial: 405
Página final: 413
ISSN/ISBN: 9783540232377
Publicación arbitrada
Editorial: Springer Berlin Heidelberg
Ciudad: Berlin, Heidelberg
Medio de divulgación: Papel
DOI: [10.1007/978-3-540-28645-5_41](https://doi.org/10.1007/978-3-540-28645-5_41)
http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-28645-5_41

Evaluaciones

JURADO DE TESIS

Doctorado (2020)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Buenos Aires / Facultad de Ingeniería , Argentina
Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ciencias de la Computación (2017)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires / Facultad de Ciencias Exactas , Argentina
Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ingeniería (2016)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Mar del Plata , Argentina
Nivel de formación: Doctorado

Doctorado (2014)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Quilmes , Argentina
Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Física (2014)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Buenos Aires , Argentina

Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ciencias de la Computación (2011)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Rosario / FCEIA , Argentina

Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ciencias de la Computación (2011)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ciencias de la Computación (2010)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de San Luis , Argentina

Nivel de formación: Doctorado

Doctorado en Ingeniería (2008)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Litoral / Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas , Argentina

Nivel de formación: Doctorado

Maestría en Ciencias de la Computación (2007)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Nivel de formación: Maestría

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

POSGRADO

Modelado Predictivo de Sistemas Complejos para Informática Molecular: Desarrollo de Métodos de Selección y Extracción de Variables en Presencia de Incertidumbre (2015 - 2020)

Tesis de doctorado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Fiorella Cravero

País: Argentina

Desarrollo de Técnicas de Aprendizaje Automático y Computación Evolutiva Multiobjetivo para la Inferencia de Redes de Asociación entre Vías Biológicas (2011 - 2016)

Tesis de doctorado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Julieta Sol Dussaut

País: Argentina

Simulador de Balance de Carga de Baterías del Satélite SAOCOM (2005 - 2015)

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Maestría en Computación Científica
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Ramiro Villamil
País: Argentina

Desarrollo de Técnicas de Computación Evolutiva Multiobjetivo y Aprendizaje Automático para la Inferencia, Modelado y Simulación de Redes Regulatorias (2009 - 2014)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Cristian Andrés Gallo
País: Argentina

Modelado de Procesos de Negocios para Administración de Sistemas de e-learning (2008 - 2010)

Tesis de maestria
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Buenos Aires / Facultad de Ciencias Económicas , Argentina
Programa: Maestría en Administración
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Napoleón Dietrich
País: Argentina

Técnicas de aprendizaje automático y computación científica aplicadas a la predicción de parámetros ADME-Tox (2005 - 2010)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad (Ignacio Ponzoni , Gustavo Esteban Vazquez)
Nombre del orientado: Axel Juan Soto
País: Argentina

Empleo de modelos de simulación para lograr un mejoramiento en la gestión logística de la cosecha y distribución de granos hacia puntos de acopio (2005 - 2010)

Tesis de maestria
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias de Administración , Argentina
Programa: Maestría en Ciencias de la Administración
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: María Angélica Viceconte
País: Argentina

Simulación basada en agentes para el estudio de procesos estratégicos de formación de redes (2003 - 2010)

Tesis de maestria
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Maestría en Computación Científica
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Juan Manuel Larrosa
País: Argentina

Diseño de Algoritmos Evolutivos para Localización Inicial Optima de Sensores en Plantas Industriales (2002 - 2005)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Nélida Beatriz Brignole)

Nombre del orientado: Jessica Andrea Carballido
País: Argentina

GRADO

Desarrollo de una herramienta para selección de variables en problemas de clasificación en quimioinformática (2017 - 2018)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Marina Razuc
País: Argentina

Diseño de una metodología computacional basada en algoritmos de análisis sintáctico y reconocimiento de patrones para polimerización de compuestos con alto peso molecular (2016 - 2017)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Ingeniería en Sistemas de Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Santiago Schustik
País: Argentina

Desarrollo de una herramienta para biagrupamiento de datos utilizando técnicas evolutivas multiobjetivo difusas (2016 - 2016)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Josefina Luz Espinosa Fernández Villamil
País: Argentina

Predicción de modelos QSAR en quimioinformática usando neuroevolución (2012 - 2013)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Ingeniería en Sistemas de Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Agustín Dye
País: Argentina

Desarrollo de un sistema de software para la identificación del dominio de aplicación de predictores de propiedades ADME Tox mediante mapas auto ? organizativos (2012 - 2013)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Ingeniero en Sistemas de Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Julieta Palma Schalps
País: Argentina

BAT: Biclustering Software Toolbox (2009 - 2010)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Ingeniero en Sistemas de Computación
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Julieta Sol Dussaut
País: Argentina

mp4so: Model-Partitioning Software for Simulation and Optimization (2009 - 2010)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Ingeniero en Sistemas de Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Melisa Maidana

País: Argentina

DELPHOS: un ambiente de software para la selección de descriptores moleculares en problemas de inferencia de modelos QSAR/QSPR (2009 - 2010)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Ingeniería en Sistemas de Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: María Jimena Martínez

País: Argentina

Un algoritmo evolutivo multi-objetivo híbrido para biclustering de microarrays (2008 - 2008)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Cristian Andrés Gallo

País: Argentina

Algoritmos genéticos multi-objetivo basados en dominancia de Pareto para diseño de instrumentación (2006 - 2006)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Ingeniería en Sistemas de Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Emiliano Lagarrigue Lazarte

País: Argentina

Implementación de Modelos Computacionales para Simulación de Eventos Discretos (2004 - 2005)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Ingeniero en Sistemas de Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Federico König

País: Argentina

Resolución Paralelo Distribuida de Sistemas de Ecuaciones Basada en Técnicas de Descomposición de Grafos (2004 - 2005)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Ingeniero en Sistemas de Computación

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Axel Juan Soto

País: Argentina

Estudio de Simulación para la Reducción de Tiempos de Espera en Sistemas de Colas de Supermercados (2003 - 2005)

Tesis/Monografía de grado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias de la Administración , Argentina

Programa: Licenciatura en Administración de Empresas

Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Laura Chinestra
País: Argentina

Diseño, Implementación y Análisis Comparativo de Esquemas de Balanceo de Carga en Ambientes de Cómputo Distribuido (2001 - 2002)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Jorge Ardenghi)
Nombre del orientado: Waldemar Baraldi
País: Argentina

Diseño, Implementación y Análisis Comparativo de Esquemas de Balanceo de Carga en Ambientes de Cómputo Distribuido (2001 - 2002)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Jorge Ardenghi)
Nombre del orientado: Diego Scarpa
País: Argentina

Diseño e Implementación de Algoritmos de Búsqueda Paralelo-Distribuidos sobre Redes Locales de Estaciones de trabajo (2001 - 2001)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Nélida Beatriz Brignole)
Nombre del orientado: Federico Fapitalle
País: Argentina

Reingeniería de Software Orientada a Objetos: Módulos Generales para Simulación de Plantas de Procesos (2000 - 2000)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Pablo Fillottrani)
Nombre del orientado: Gabriela Andrea Díaz
País: Argentina

Reingeniería de Software Orientada a Objetos: Módulos Generales para Simulación de Plantas de Procesos (2000 - 2000)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Licenciatura en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor (Ignacio Ponzoni , Pablo Fillottrani)
Nombre del orientado: Esteban Caverzán
País: Argentina

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Desarrollo de metodologías human-in-the-loop basadas en ciencia de datos para aplicaciones de biclustering sobre datos biológicos y biomédicos (2023)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina

Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad (Ignacio Ponzoni , Axel Juan Soto)
Nombre del orientado: Rodrigo Gómez López
País/Idioma: Argentina,

Aprendizaje automático, profundo e interactivo aplicado a grandes volúmenes de datos en informática molecular (2018)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad (Ignacio Ponzoni , Axel Juan Soto)
Nombre del orientado: Vir Sabando
País/Idioma: Argentina,

Diseño de algoritmos de aprendizaje automático para estimación del dominio de aplicabilidad de modelos de informática molecular para el cribado virtual de macromoléculas polidispersas (2017)

Tesis de doctorado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional del Sur / Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación , Argentina
Programa: Doctorado en Ciencias de la Computación
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad (Ignacio Ponzoni , Mónica Fátima Díaz)
Nombre del orientado: Santiago Ariel Schustik
País/Idioma: Argentina,

Otros datos relevantes

CONSTRUCCIÓN INSTITUCIONAL

Quiero mencionar algunos datos relevantes vinculados a la gestión institucional:

Categorizado en el Sistema de Incentivos de Argentina: Categoría I (la más alta del sistema). Fecha de categorización: 1 de enero de 2016.

Director del Magister en Ciencias de la Computación de la Universidad Nacional del Sur.

Me desempeñé como **Vicedirector del Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación (ICIC)**, Unidad Ejecutora de Doble Dependencia entre el CONICET y la Universidad Nacional del Sur. Desde el 28 de marzo de 2016 al 13 de julio de 2022.

Me desempeñé como **Secretario de Investigación y Posgrado del Departamento de Ciencias en Ingeniería de la Computación, Universidad Nacional del Sur.** Desde el 15 de mayo de 2017 al 30 de junio 2022.

Fui **Socio Fundador** de la **A2B2C (Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional).**

Sociedad científica creada el 30 de octubre de 2009. Vicepresidente para el período de mayo del 2011 a mayo del 2013 y **Presidente** para el período de mayo de 2013 a mayo de 2015.

Soy actualmente **Director del Grupo de BioChemTICs (Grupo de Investigación en Bioinformática y Quimioinformática / Research Group in Bioinformatics and Cheminformatics).** Perteneciente al Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación (ICIC). Universidad Nacional del Sur / CONICET.

Soy actualmente **Subdirector del Laboratorio de Investigación y Desarrollo en Computación Científica (LIDeCC).**

Perteneciente al Depto. de Ciencias e Ingeniería de la Computación. Universidad Nacional del Sur.

Presidente del Comité Científico del X Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional, a ser realizado del 11 al 13 de noviembre del 2019 en la ciudad de Mendoza.

Organizador General del VI Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional, realizado del 12 al 16 de octubre del 2015 en la ciudad de Bahía Blanca.

Miembro de la Junta de Calificación y Promoción del CONICET. Designado de mayo de 2023 a diciembre de 2024.

Miembro de la Comisión Asesora de Informática y Comunicaciones del CONICET para Ingresos, Informes, Promociones y Proyectos. De marzo de 2016 a diciembre de 2017.

Líder de grupo dentro de la **Red Iberoamericana de Inteligencia Artificial para Big BioData (RIABIO)**, la cual tiene como objetivo central la creación de una red de grupos de investigación y entidades iberoamericanas (públicas y privadas) que permita afrontar los desafíos y oportunidades emergentes de la creciente fusión de innovaciones en los campos de la Inteligencia Artificial y la Ciencia de Datos en Biología. Esta red es **financiada por el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED)**, para el período el período 2021-2024 (**Contrato 521RT0118**), y está integrada por 227 investigadores, correspondientes a 39 grupos de investigación de 10 países iberoamericanos (Argentina,

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	79
Artículos publicados en revistas científicas	55
Completo	55
Trabajos en eventos	22
Libros y Capítulos	2
Capítulos de libro publicado	2
EVALUACIONES	10
Jurado de tesis	10
FORMACIÓN RRHH	30
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	27
Tesis de doctorado	5
Tesis de maestría	4
Tesis/Monografía de grado	18
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	3
Tesis de doctorado	3