



MARÍA INÉS FARIELLO
RICO
PhD

fariello@fing.edu.uy
José Ellauri 1010 ap 201
099245544

SNI
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas
Categorización actual: Inicia ción (Activo)

Fecha de publicación: 24/09/2020
Última actualización: 06/09/2020

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Universidad de la República/ Facultad de Ingeniería - UDeLaR / IMERL / Uruguay

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Sector Educación Superior/Público / IMERL

Dirección: Julio Herrera y Reissig 565 / 11300 / Montevideo , Montevideo , Uruguay

Teléfono: (598) 2711 44 62

Correo electrónico/Sitio Web: fariello@fing.edu.uy

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

SEVAB (2010 - 2013)

Universtié Paul Sabatier , Francia

Título de la disertación/tesis/defensa: Detection of positive selection from multi population samples using dense genome wide data : new multipoint methods and application to farm animal species

Tutor/es: Magali SanCristobal, Simon Boitard, Hugo Naya

Obtención del título: 2013

Sitio web de la disertación/tesis/defensa:

<https://www.dropbox.com/s/cxcnldsspciern/Farielloetal2013.pdf>

Financiación:

Institut National de Recherche Agronomique , Francia

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica de

Poblaciones

MAESTRÍA

Master 2 Recherche: Mathématiques Appliquées: Probabilité et Statistiques (2009 - 2010)

Institut de Mathématiques de Toulouse , Francia

Título de la disertación/tesis/defensa: Tests for the detection of selection events on data from multiple populations.

Tutor/es: Magali SanCristobal, Simon Boitard

Obtención del título: 2010

Sitio web de la disertación/tesis/defensa: [Toulouse, Francia](#)

Financiación:

Institut de Mathématiques de Toulouse , Francia

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

GRADO

Licenciatura en Matemática (2002 - 2007)

Universidad de la República - Facultad de Ciencias - UDeLaR, Uruguay

Título de la disertación/tesis/defensa: Modelos aleatorios en Genética de Poblaciones: Estimación

de parámetros de mutación.

Tutor/es: Gustavo Guerberoff

Obtención del título: 2007

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

Formación complementaria

CONCLUIDA

POSDOCTORADOS

Postdoctorado en Matemáticas (2016 - 2017)

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Matemática (PEDECIBA), Uruguay

Detección de regiones genómicas asociadas a la selección y sus potenciales aplicaciones (2013 - 2015)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

Palabras Clave: scan genómico SNP detección de selección secuenciado en pool

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Art of Science Communication (05/2019 - 05/2019)

Sector Gobierno/Público / Ministerio de Educación y Cultura / Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable / American Society for Biochemistry and Molecular Biology, Uruguay
20 horas

Palabras Clave: organizado por el capítulo uruguayo de la Organización para las Mujeres en Ciencia para el Mundo en Desarrollo (OWSD). Mentoría Brecha de género

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Mentoría de jóvenes científicas

Modelado y agrupamiento de datos de alta dimensión/ Asistencia (01/2016 - 01/2016)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay

15 horas

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Modelado de datos

Un acercamiento a la didáctica de la matemática en la transición entre bachillerato y la universidad (01/2016 - 01/2016)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay

12 horas

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Didáctica de la matemática

Marker-Assisted Plant Breeding (01/2015 - 01/2015)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Centro Universitario Regional Este - UDeLaR, Uruguay

Reconocimiento de Patrones (01/2014 - 01/2014)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay

180 horas

Análisis de Datos Longitudinales (01/2011 - 01/2011)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR

, Uruguay
20 horas

Statistical Learning Methods For DNA-based Prediction of Complex Traits (01/2011 - 01/2011)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Wageningen University & Research Center , Holanda
40 horas

Análisis Convexo (01/2009 - 01/2009)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR
, Uruguay

Comunicación en el Aula Universitaria (01/2008 - 01/2008)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR
, Uruguay

Diseño de Unidades didácticas (01/2006 - 01/2006)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR
, Uruguay

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

Seminario de Probabilidad y Estadística (2013)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias, Uruguay

Presentación de resultados de investigación en inglés (2012)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Institut National de Recherche Agronomique (INRA), Francia

Journal Club (2012)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Mathematical Department, Austria

Zotero y la gestión de referencias bibliográficas (2011)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Universidad de Toulouse, Francia

Ecole chercheurs Génomique et diversité des caractères à déterminisme complexe (2011)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Institut National de Recherche Agronomique (INRA), Francia

Redacción Científica en Inglés (2011)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Institut National de Recherche Agronomique (INRA), Francia

Seminario de Biomatemática (2010)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: INRA, Toulouse, Francia

Seminario de Departamento (2010)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Departamento de Genética Animal, INRA, Toulouse, Francia

Seminario de Estadística (2009)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias, Uruguay

Seminario de Aprendizaje Automático (2008)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Facultad de Ingeniería, Uruguay

Cadenas de Markov (2006)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: CMAT, Facultad de Ciencias, Uruguay

Seminario de Partículas (2005)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Facultad de Ciencias, Uruguay

Idiomas

Portugués

Entiende bien / Habla regular / Lee bien /

Alemán

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

Inglés

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

Francés

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

Areas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Matemáticas / Matemática Aplicada

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Matemáticas / Estadística y Probabilidad

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Actuación profesional

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - MINISTERIO DE EDUCACIÓN Y CULTURA - URUGUAY

Centros MEC / Banco Interamericano de desarrollo

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (08/2019 - a la fecha)

Consultora para la hoja de ruta en Ciencia de Datos ,8 horas semanales

Consultoría realizada en el marco del artículo 38 del estatuto docente.

ACTIVIDADES

SERVICIO TÉCNICO ESPECIALIZADO

Consultora para la hoja de ruta en Ciencia de Datos (08/2019 - a la fecha)

Banco Interamericano de Desarrollo

8 horas semanales

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA - URUGUAY

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (02/2017 - a la fecha) Trabajo relevante

Asistente ,35 horas semanales / Dedicación total
Escalafón: Docente
Grado: Grado 2
Cargo: Efectivo

Funcionario/Empleado (09/2011 - 01/2017)

Asitstente ,20 horas semanales
Extensión horaria en el Instituto de Ingeniería Eléctrica desde el primero de Diciembre de 2015 a Julio de 2016.
Escalafón: Docente
Grado: Grado 2
Cargo: Efectivo

Funcionario/Empleado (08/2005 - 09/2011) Trabajo relevante

Docente ,20 horas semanales
Materias dictadas en el período (prácticos): Álgebra lineal I y II, Cálculo I, II y III, Cálculo I anual
Escalafón: Docente
Grado: Grado 1
Cargo: Interino

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK (08/2014 - a la fecha)

Los tests FLK y hapFLK están adaptados a estructuras poblacionales que no presentan grandes migraciones entre poblaciones (el test es robusto a pequeñas migraciones). Para tomar en cuenta las relaciones entre poblaciones en estos tests se utiliza una matriz de parentesco. En este proyecto se pretende investigar la posibilidad de incorporar los datos brindados por las migraciones entre poblaciones. Para evaluar si esto funciona y si se gana potencia frente a las versiones anteriores, se harán simulaciones y se aplicarán los tests a datos reales. Este proyecto se presentó como posible tesis de la maestría en Ingeniería Matemática.

5 horas semanales

IMERL, Laboratorio de Probabilidad y Estadística , Coordinador o Responsable

Equipo:

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Análisis y Visualización de la Evolución de Virus (05/2017 - a la fecha)

El principal objetivo de este proyecto es proponer y evaluar diferentes medidas, estadísticas o nuevos algoritmos para representar la capacidad mutacional de un virus. Con las medidas seleccionadas se desarrollará una aplicación (software) que permita la visualización de esa información brindando herramientas para analizar la evolución del virus. Es decir, ayudar en el análisis de las cepas y su evolución, resaltando de forma automática regiones de interés, tanto en la representación lineal de la secuencia genómica (secuencia ARN) como en la estructura 3D de la cápside (si se encuentra disponible). La aplicación generará figuras, videos, gráficas interactivas u otra representación adecuada de la información de forma que los usuarios podrán ver la evolución del virus en el tiempo, y usar los resultados del análisis para predecir las mutaciones más probables, o diseñar futuras vacunas, entre otras posibles aplicaciones. En caso de disponer de información de fitness del virus se presentará el paisaje de fitness de forma de poder identificar hacia dónde intentar arrinconar el virus para su extinción.

10 horas semanales

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:4

Maestría/Magister:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: F LECUMBERRY (Responsable) , Gonzalo Andrés MORATORIO LINARES , Gerardo Martínez Jaunarena , Diego SIMÓN NÚÑEZ , Federico Aicardi , Rodrigo Céspedes , Felipe Tambasco

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioestadística

Predicción genómica con técnicas de aprendizaje profundo (12/2019 - a la fecha)

El mejoramiento genético en razas cárnicas se ha incrementado espectacularmente en la cantidad de carne de bovinos y su rentabilidad económica. Una característica de alto costo y dificultad de medida es la calidad de carne producida, medida a partir de varias características, por ejemplo, del porcentaje de grasa intramuscular (IMF). El impacto esperado de la selección genómica es mayor en las características de difícil y costosa medición, cuyo progreso genético se incrementa por una mayor precisión de estimación del mérito genético a edades más tempranas. Las características relacionadas a la calidad de carne, están codificadas por la interacción de varios loci en el genoma, que cada uno contribuye una pequeña proporción al fenotipo. Por lo tanto, las predicciones hechas a partir de genes resultantes de estudios de asociación genómica en general contienen un gran error. Una de las razones, es que para acumular los efectos de las distintas mutaciones, se asume que los efectos de las mismas son aditivos. Por otro lado, los tests utilizados para encontrar asociación entre cada locus del genoma y el fenotipo captan solamente las variantes con mayor asociación, ya que lo hacen para cada locus por separado. La precisión en la estimación del IMF repercutirá en la identificación de los animales para terminación a corral, favoreciendo el alcance de las especificaciones de los mercados y, al conocer las capacidades de cada animal de alcanzar la calidad de carne deseada, una mayor eficiencia en el uso del alimento.

10 horas semanales

Instituto de Matemática y Estadística - Instituto de Ingeniería Eléctrica

Desarrollo

Coordinador o Responsable

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:1

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: María Inés FARIELLO RICO , Federico LECUMBERRY RUVERTONI , Carlos Gabriel CIAPPESONI SCARONE , Elly Ana NAVAJAS VALENTINI , Hugo Mario NAYA MONTEVERDE , José LEZAMA TORRES DE LA LLOSA , Gianola D.

Palabras clave: Aprendizaje Automático Deep Learning Predicción genómica

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Aprendizaje Automático

DOCENCIA

Ingeniería - Ciclo Basico (03/2015 - a la fecha)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Probabilidad y Estadística - Teórico, 6 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

Unidad Asociada (Facultad de Ciencias) (08/2014 - 12/2014)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Bioestadística, 3 horas, Teórico

Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería (03/2014 - 07/2014)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Probabilidad y Estadística, 6 horas, Teórico-Práctico

Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería (08/2005 - 09/2009)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Álgebra Lineal I, 6 horas, Práctico

Álgebra Lineal II, 6 horas, Práctico

Cálculo I, 6 horas, Práctico

Cálculo II, 6 horas, Práctico

Cálculo III, 6 horas, Práctico

Cálculo I anual (coordinador), 6 horas, Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas /

EXTENSIÓN**RLadies (03/2018 - a la fecha)**

RLadies Global 2 horas

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Ciencia de Datos

Quiero Ser Científica (04/2019 - a la fecha)

Organization for Women in Science for the Developing World, Dirección de Innovación, Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (DICYT), MEC

2 horas

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / en conjunto con otras ciencias
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Conservación de la Biodiversidad / Proyecto de investigación con chicas de bachillerato.

Día de las niñas en TICs (03/2019 - 04/2019)

Instituto de Matemática y Estadística, Comisión de género de la Facultad de Ingeniería

5 horas

Areas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Probabilidad y Estadística

GESTIÓN ACADÉMICA**Participación de la comisión de la Maestría en Bioinformática (12/2017 - a la fecha)**

PEDECIBA, Bioinformática

Participación en consejos y comisiones , 3 horas semanales

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Posgrado

Comisión de Estudios de Posgrado de Matemática (03/2016 - a la fecha)

PEDECIBA, Matemática

Participación en consejos y comisiones , 3 horas semanales

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas / Posgrado
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas / Coordinación

Suplente en la Comisión de Instituto (10/2008 - 10/2010)

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)

Participación en cogobierno

Participación de la Comisión de Enseñanza (03/2007 - 09/2009)

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)
Participación en consejos y comisiones

ACTIVIDAD HONORARIA

EXPERTOS COLABORADORES DEL GACH Área modelos y ciencia de datos - Grupo coordinador principal: (05/2020 - a la fecha)

TransiciónUY 20 horas semanales
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Ciencia de Datos

SECTOR ORGANIZACIONES PRIVADAS SIN FINES DE LUCRO/SOCIEDADES CIENTÍFICO-TECNOLÓGICAS - INSTITUT PASTEUR DE MONTEVIDEO - URUGUAY

Institut Pasteur de Montevideo

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (12/2015 - a la fecha)

Colaborador en proyectos de investigación ,10 horas semanales

Becario (12/2013 - 11/2015) Trabajo relevante

Postdoctorado ,35 horas semanales

Becario (11/2011 - 03/2013)

,40 horas semanales

Becario (12/2012 - 02/2013)

,40 horas semanales

Becario (12/2010 - 01/2011)

,40 horas semanales

Becario (07/2010 - 09/2010)

,40 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Urugenomes (04/2014 - a la fecha)

En el marco de esta línea de investigación se secuenciaron individuos uruguayos con el fin de descubrir variantes (SNPs, Single Nucleotide Polymorphism), indels (insertions or deletions), CNV (Copy Number Variation)) características de nuestra población. Se caracterizarán varios subgrupos poblacionales: un conjunto de 10 individuos con ancestría indígena, luego 10 con ancestría africana y 30 de la población uruguaya general. A partir de esta muestra, se reconstruirá el genoma Charrúa y se buscará caracterizar a la población uruguaya.

Mixta

10 horas semanales

Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: Hugo Mario NAYA MONTEVERDE , María Lucía SPANGENBERG TORRE , Mónica Beatriz SANS AFAMADO

Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK (08/2014 - a la fecha)

Los tests FLK y hapFLK están adaptados a estructuras poblacionales que no presentan grandes migraciones entre poblaciones (el test es robusto a pequeñas migraciones). Para tomar en cuenta las relaciones entre poblaciones en estos tests se utiliza una matriz de parentesco. En este proyecto se pretende investigar la posibilidad de incorporar los datos brindados por las migraciones entre poblaciones. Para evaluar si esto funciona y si se gana potencia frente a las versiones anteriores, se

harán simulaciones y se aplicarán los tests a datos reales. Este proyecto se presentó como posible tesis de la maestría en Ingeniería Matemática.

5 horas semanales

IPMont, Unidad de Bioinformática, Coordinador o Responsable

Equipo:

Utilización de métodos de score local para detectar selección en datos de NGS (Next Generation Sequencing) a partir de conjuntos de individuos (06/2013 - 07/2017)

Este método utiliza además de la información individual que brinda cada SNP, la información que surge de la dependencia entre SNPs adyacentes. Gracias a este método, es posible detectar selección en datos donde la deriva genética es muy grande, por lo tanto, los datos tienen demasiado ruido incorporado.

Mixta

10 horas semanales

IPMont-INRA Toulouse, Unidad de Bioinformática- Genphypse, Integrante del equipo

Equipo: BOITARD S., SANCRISTOBAL, M., PITEL F.

Palabras clave: Detección de selección Score Local Acumulación de información

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Desarrollo de herramientas para el análisis de genomas humanos uruguayos. (11/2018 - 12/2019)

El objetivo es desarrollar herramientas de análisis de datos genómicos específicos para los datos obtenidos en el proyecto URUGENOMES. Para ello se desarrollaron métodos de factorización de matrices, análisis de componentes principales para datos con un gran porcentaje de datos faltantes (entre 50 y 75 por ciento) y test de hipótesis para datar el ancestro nativo más reciente de los individuos de la base de datos. Con este proyecto se financiaron dos grados 1, 20hs por períodos de 6 meses. En el marco de este proyecto se realizan dos tesis: Gerardo Martínez (maestría en Ingeniería Matemática) y Gabriel Illanes (Doctorado en Matemática).

10 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:1

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: María Inés FARIELLO RICO, María Lucía SPANGENBERG TORRE, Ernesto MORDECKI PUPKO, Ignacio Francisco RAMÍREZ PAULINO

Palabras clave: Genómica de poblaciones Ancestría Factorización de matrices datos faltantes

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Probabilidad

PASANTÍAS

(01/2011 - 01/2011)

40 horas semanales

(07/2010 - 12/2010)

40 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - FRANCIA

Institut National de Recherche Agronomique

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (09/2014 - 10/2014)

Pasa ,40 horas semanales

Funcionario/Empleado (10/2010 - 09/2013)

Beca de Doctorado ,37 horas semanales / Dedicación total
En este laboratorio realicé mi tesis de doctorado.

Becario (03/2010 - 06/2010)

,40 horas semanales / Dedicación total
Pasantía realizada como parte de la maestría en Probabilidad y Estadística.

ACTIVIDADES**LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN****Detection of positive selection from multi populations samples using dense genome wide data: new multipoint methods and application to farm animal species (10/2010 - 09/2013)**

Since initial domestication by Humans, farm animal species have experienced great phenotype diversification and thus represent an interesting model for the study of natural and artificial selection. Besides, the detection of selection signatures in these species can have substantial agronomic outcomes, pointing out genomic regions related to production traits or resistance to diseases. In the last years, many datasets generated by dense genotyping and next generation sequencing have become available, giving access to genome wide genotypic information from worldwide populations. This enables to scan entire genomes for signatures of natural and artificial selection. Many tests have been proposed in this context, in particular one common strategy consists in detecting regions with extremely large genetic differentiation between populations, which is interpreted as the signature of positive selection in one of the populations. However, many of the tests based on this idea are challenged by at least one of the two following features. First, as the number of available markers increases, the correlation between them also increases and needs to be taken into account. Second, many tests have been designed to compare populations only pairwise, or assume that the populations are independent. Considering more than two populations simultaneously should increase the power to detect selected regions, but this implies to account for correlations between populations, which are due to their common history. In this thesis I present two new statistical tests for the detection of positive selection signatures using dense genetic data collected from multiple populations. The first one is based on haplotypic differentiation between populations, which requires genetic data at the individual level. The second one consists in cumulating single marker signals using local score theory, which only requires data at the population level, as for instance that resulting from pool sequencing designs. Through simulated and real validation datasets, I show that these tests provide in many cases an increased detection power compared to existing single marker or haplotypic tests and are able to detect a wide range of signatures including hard, soft or incomplete sweeps. Applied to two data sets in sheep and quail, they also point out biologically relevant candidate genes under selection. One possible direction to extend these tests is to include also environmental variables or to account explicitly for migrations in our model.

37 horas semanales , Integrante del equipo

Equipo:

PASANTÍAS**(09/2014 - 10/2014)**

INRA, Toulouse, Genphyse
40 horas semanales

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA - URUGUAY

Facultad de Ciencias - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**Funcionario/Empleado (08/2005 - 12/2009)**

Docente ,20 horas semanales
Cursos dictados (prácticos): Matemática I y II, Álgebra lineal I para física, Bioestadística, Ecuaciones

diferenciales
Escalafón: Docente
Grado: Grado 1
Cargo: Interino

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Licenciatura en Matemática (08/2005 - 12/2009)

Grado
Asistente
Asignaturas:
Matemática I, 3 horas, Práctico
Matemática II, 3 horas, Práctico
Álgebra Lineal I para física, 3 horas, Práctico
Bioestadística, 3 horas, Práctico
Ecuaciones diferenciales, 2 horas, Práctico

GESTIÓN ACADÉMICA

Comisión para la implementación del nuevo plan de estudios de la Licenciatura en Matemáticas, específicamente en la proposición de materias de biología para el eje matemática aplicada a otras ciencias (03/2009 - 10/2009)

Centro de Matemáticas
Gestión de la Enseñanza

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA - URUGUAY

Instituto Nacional de Donación y Trasplante de Células, Tejidos y Órganos

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (06/2008 - 08/2009)

,20 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Validación de trasplante de córneas de individuos mayores de 60 años. (06/2008 - 08/2009)

El trabajo completo sobre la validación de las córneas fue publicado en el CD del VIII CLATSE
20 horas semanales , Integrante del equipo
Equipo:

DOCENCIA

(06/2008 - 06/2008)

Perfeccionamiento
Organizador/Coordinador
Asignaturas:
Introducción a R, 20 horas, Práctico

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PRIVADO - INSTITUTO UNIVERSITARIO AUTÓNOMO DEL SUR - URUGUAY

Instituto Universitario Autónomo del Sur - Facultad de Ingeniería

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (03/2009 - 07/2009)

Responsable de Probabilidad y Estadística ,6 horas semanales

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Licenciatura en Informática (03/2009 - 07/2009)

Grado

Responsable

Asignaturas:

Probabilidad y Estadística, 6 horas, Teórico-Práctico

SECTOR ENSEÑANZA TÉCNICO-PROFESIONAL/SECUNDARIA/PÚBLICO - ADMINISTRACIÓN NACIONAL DE EDUCACIÓN PÚBLICA - URUGUAY

Consejo de Formación en Educación

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Profesor visitante (02/2008 - 02/2008)

,20 horas semanales

Actualización docente para profesores de liceo

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 10 horas

Carga horaria de investigación: 20 horas

Carga horaria de formación RRHH: 5 horas

Carga horaria de extensión: 5 horas

Carga horaria de gestión: 5 horas

Producción científica/tecnológica

La genómica de poblaciones es el punto de encuentro entre la estadística y la genética. Mi trabajo consiste en desarrollar y extender métodos estadísticos para el análisis de datos principalmente genómicos. Este tipo de datos forman parte de los datos conocidos como $n <$ Durante mi doctorado me he concentré en el desarrollo de tests para detección de selección ya sea natural o artificial. Estos métodos son fácilmente trasladables al contexto de descubrimiento de genes responsables de determinados fenotipos. Este tipo de tests son de mucha interés ya que ayudan a detectar genes responsables de características de interés en animales de producción agropecuaria, como genes responsables de enfermedades en humanos. En este contexto, también me he concentrado sobre técnicas de predicción genómica, proponiendo un método de combinación de predictores, para aprovechar las fortalezas de cada uno.

Este año trabajaré además en la detección de fraudes de consumo eléctrico. Si bien, este tema no se inscribe dentro de la genómica, desde el punto de vista de las técnicas utilizadas para la detección de selección se parece, ya que ambos se tratan sobre la detección de datos raros.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

A local score approach improves GWAS resolution and detects minor QTL: application to *Medicago truncatula* quantitative disease resistance to multiple *Aphanomyces euteiches* isolates (Completo, 2019)

Bonhomme, M. , FARIELLO, M.I. , Navier H. , Hajri A. , Badis Y. , Miteul H.

Heredity (E), 2019

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13652540

DOI: [10.1038/s41437-019-0235-x](https://doi.org/10.1038/s41437-019-0235-x)
<https://www.nature.com/articles/s41437-019-0235-x>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Kinesin 1 regulates cilia length through an interaction with the Bardet-Biedl syndrome related protein CCDC28B (Completo, 2018)

R. NOVAS, M. CARDENAS-RODRIGUEZ, LEPANTO P., M. FABREGAT, M. RODAO, FARIELLO, M.I., M. RAMOS, C. DAVISON, G. CASANOVA, L. ALFAYA, F. LECUMBERRY, G. GONZÁLEZ-SAPIENZA, F. IRIGOÍN, J.L. BADANO

Scientific Reports, v.: 8 1, 2018

Palabras clave: Kinesin 1

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología del Desarrollo /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 20452322

DOI: [10.1038/s41598-018-21329-6](https://doi.org/10.1038/s41598-018-21329-6)

<https://www.nature.com/articles/s41598-018-21329-6>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Accounting for Linkage Disequilibrium in genome scans for selection without individual genotypes: the local score approach (Completo, 2017)

FARIELLO, M.I., BOITARD S., MERCIER S., ROBELIN D., FARAUT T., ARNOULD C., RECOQUILLAY J., BOUCHEZ O., SALIN G., DEHAIS P., GOURICHON D., LEROUX S., PITEL F., LETERRIER C., SANCRISTOBAL M.

Molecular Ecology, v.: 26 14 Julio 2017, p.:3700 - 3714, 2017

Palabras clave: linkage disequilibrium Population Genomics Local Score Detecting Selection

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Population Genomics

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 09621083

DOI: [10.1111/mec.14141](https://doi.org/10.1111/mec.14141)

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mec.14141/full>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

On the use of a genomic relationship matrix in genome-wide association studies (Completo, 2016)

GIANOLA, D., FARIELLO, M.I., NAYA H., SCHÖN, C.

G3: Genes | Genomes | Genetics, 2016

Palabras clave: GWAS genomic relationship heritability whole-genome regression

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Modelos lineales

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Estados Unidos

ISSN: 21601836

DOI: [10.1534/g3.116.034256](https://doi.org/10.1534/g3.116.034256)

<http://www.g3journal.org/content/early/2016/08/11/g3.116.034256.abstract>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

A medium density genetic map and QTL for behavioral and production traits in Japanese quail (Completo, 2015)

PITEL F., RECOQUILLAY J., ARNOULD C., LEROUX S., DEHAIS P., MORENO, C., CALANDREAU L., BERTIN A., GOURICHON D., BOUCHEZ O., VIGNAL A., FARIELLO, M.I., MINVIELLE F., BEAUMONT C., LETERRIER C., LE BIHAN-DUVAL E

BMC Genomics, v.: 16 10, 2015

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Genómica

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/s12864-014-1210-9](https://doi.org/10.1186/s12864-014-1210-9)

<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/16/10/abstract>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

An image analysis method to quantify CFTR subcellular localization (Completo, 2014)

PIZZO L., FARIELLO, M.I., LEPANTO P., AGUILAR P.S., KIERBELA.

Molecular and Cellular Probes, 2014

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología del Desarrollo /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 08908508

DOI: [10.1016/j.mcp.2014.02.004](https://doi.org/10.1016/j.mcp.2014.02.004)

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0890850814000115>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Selection signatures in worldwide Sheep populations (Completo, 2014) Trabajo relevante

FARIELLO, M.I., SERVIN B., TOSSER-KLOPP, G., RUPP, R., MORENO, C., SANCRISTOBAL, M., BOITARD S.

PLoS ONE, v.: 9 8, 2014

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19326203

DOI: [10.1371/journal.pone.0103813](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0103813)

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0103813>

The diversity of populations in domestic species offers great opportunities to study genome response to selection. The recently published Sheep HapMap dataset is a great example of characterization of the world wide genetic diversity in sheep. In this study, we re-analyzed the Sheep HapMap dataset to identify selection signatures in worldwide sheep populations. Compared to previous analyses, we made use of statistical methods that (i) take account of the hierarchical structure of sheep populations, (ii) make use of linkage disequilibrium information and (iii) focus specifically on either recent or older selection signatures. We show that this allows pinpointing several new selection signatures in the sheep genome and distinguishing those related to modern breeding objectives and to earlier post-domestication constraints. The newly identified regions, together with the ones previously identified, reveal the extensive genome response to selection on morphology, color and adaptation to new environments.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation Among Hierarchically Structured Populations (Completo, 2013) Trabajo relevante

FARIELLO, M.I., BOITARD S., NAYA H., SANCRISTOBAL M., SERVIN B.

Genetics, v.: 193 3, p.:929 - 941, 2013

Palabras clave: selective sweeps linkage disequilibrium haplotypes

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00166731

DOI: [10.1534/genetics.112.147231](https://doi.org/10.1534/genetics.112.147231)

<http://www.genetics.org/content/193/3/929.short>

Este artículo fue incluido en el issues highlights de la revista el mes en el que fue publicado (<http://www.genetics.org/content/193/3/NP.full>) y fue citado 14 veces según el sitio google scholar al 15 de agosto de 2014. El programa disponible on line de manera gratuita para aplicar el test ha sido descargado más de 400 veces. (<https://forge-dga.jouy.inra.fr/projects/hapflk/files>)

Scopus®

DOCUMENTOS DE TRABAJO

Ciencia y Datos para el análisis de la epidemia de COVID-19 (2020)

Completo

MARIM, Herrera-Esposito, Daniel, SANGUINETTI-SCHECK J I, Pintos J, AALEMAN / Riganti AA, ROMERO H, FARIELLO, M.I., H. BOTTI

Sito GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota1/>

Crecimiento Subexponencial de los casos confirmados (2020)

Completo

MARIM, Herrera-Esposito, Daniel, SANGUINETTI-SCHECK J I, Pintos J, AALEMAN / Riganti AA

, ROMERO H , FARIELLO, M.I. , H. BOTTI

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota2/>

Estimación del porcentaje de reporte de casos de COVID-19 en Uruguay (2020)

Completo

Herrera-Esposito, Daniel , PAOLA BERMOLLEN , FARIELLO, M.I.

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota3/>

Número de compartimentos involucrados en la dinámica del COVID-19 en Uruguay (2020)

Completo

M. PELÁEZ , WSCHEBOR, N. , MARIM , FARIELLO, M.I. , Herrera-Esposito, Daniel , J.R. León , ROMERO H

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota5/>

El efecto de la movilidad en la propagación de la epidemia de COVID-19 en Uruguay. (2020)

Completo

M. PELÁEZ , MARCELO FIORI , PAOLA BERMOLLEN , G. BELLO , MARIM , FARIELLO, M.I. , J.R. León , WSCHEBOR, N.

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota7/>

Eventos de supercontagio (2020)

Completo

MONCECCHI, GUILLERMO , Pintos J, Ponzo J, FARIELLO, M.I. , MARCELO FIORI , FEDERICO LECUMBERRY

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

<https://guiad-covid.github.io/publication/nota8/>

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Genetic Prediction in bovine meat production: ¿Is worth integrating bayesian and machine learning approaches? A comprehensive analysis (2015)

Completo

FARIELLO, M.I. , A. ARMSOTRONG , A. FERNÁNDEZ

Evento: Internacional

Descripción: XX CIARP

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications: 20th Iberoamerican Congress, CIARP 2015, Montevideo, Uruguay, November 9-12, 2015, Proceedings

Volumen: 1

Página inicial: 11

Página final: 18

Editorial: Springer

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Predicción Genómica

Medio de divulgación: Internet

<https://books.google.com.uy/books?>

Accounting for population structure and haplotype diversity in whole genome scans for selection signatures (2014)

Completo

SERVIN B. , BOITARD S. , CHEVALET C. , FARIELLO, M.I. , PHOCAS F. , M SANCRISTOBAL

Evento: Internacional

Descripción: World Congress of Genetics Applied to Livestock Production

Ciudad: Vancouver

Año del evento: 2014

Anales/Proceedings: Methods and Tools

Publicación arbitrada

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Genómica de poblaciones

Medio de divulgación: Internet

https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/674_paper_9323_manuscript_561_0b.pdf?sfvrsn=2

Local Score Based Method Applied On Pool-Sequenced Behavior-Divergent Lines Precisely Detected Selection Signatures Related To Autism In Quail (2014)

Completo

FARIELLO, M.I. , BOITARD S. , MERCIER S. , ROBELIN D. , FARAUT T. , ARNOULD C. , LE BIHANDUVAL E. , RECOQUILLAY J. , SALIN G. , DEHAIS P. , PITEL F. , LETERRIER C. , SANCRISTOBAL M.

Evento: Internacional

Descripción: 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production

Ciudad: Vancouver

Año del evento: 2014

Anales/Proceedings: Proceedings

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Detección de selección

Medio de divulgación: Internet

https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/670_paper_8971_manuscript_346_0.pdf?sfvrsn=2

Local score based method on pool-sequenced behaviour-divergent quail lines precisely detected selection signatures related to autism (2013)

Resumen

FARIELLO, M.I.

Evento: Nacional

Descripción: Petit Pois Dérivé

Ciudad: Marseille

Año del evento: 2013

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

Medio de divulgación: Papel

<http://ppd.imbe.fr/Local-score-based-method-on-pool.html>

Détection de locus sous sélection dans des populations hiérarchiquement structurées, à l'aide de marqueurs SNP denses (2011)

Resumen expandido

FARIELLO, M.I.

Evento: Nacional

Descripción: 11ème forum des jeunes mathématicien-ne-s

Ciudad: Toulouse

Año del evento: 2011

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Medio de divulgación: Papel

Análisis Morfológico Cuantitativo del Endotelio Corneal y Validación del Donante Expandido por

Edad (2008) Trabajo relevante

Completo

ÁLVAREZ I., PÉREZ CAMPOS H., SALDÍAS M., CABRERA M., SÁNCHEZ G., LAZA S., FARELLO, M.I., FORTEZA D., SCAVINO M.

Evento: Internacional

Descripción: VII Congreso Latinoamericano de Estadística

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2008

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

Medio de divulgación: CD-Rom

<http://www.iesta.edu.uy/clatse/index.php>

Producción técnica

TRABAJOS TÉCNICOS

Consultoría en Ciencias de Datos y Aprendizaje Automático (CD/AA) para la Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología (SNCYT) en el marco de la Hoja de Ruta de CD/AA del Sistema de Transformación Productiva y Competitividad. (2019)

Consultoría

FARELLO, M.I., ETCHEVERRY, L.

Apoyar a las actividades de la Hoja de Ruta de Ciencias de Datos y Aprendizaje Automático (CD/AA)

País: Uruguay

Idioma: Español

Ciudad: Montevideo

Disponibilidad: Irrestringida

Duración: 12 meses

Institución financiadora: Banco Interamericano de Desarrollo

Otras Producciones

CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

Modelos Estocásticos en Genómica de Poblaciones (2019)

FARELLO, M.I., LESSA, EP.

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Medio divulgación: Internet

Web: <https://eva.udelar.edu.uy/course/view.php?id=8571>

Tipo de participación: Organizador

Duración: 1 semana

Lugar: Espacio Interdisciplinario (teóricos), Facultad de Ingeniería (prácticos).

Ciudad: Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: PEDECIBA

Palabras clave: Genómica de poblaciones Procesos estocásticos Estadística Modelos probabilísticos

ORGANIZACIÓN DE EVENTOS

The open dialogue on AI ethics - deliberación (2020)

FARELLO, M.I., PAOLA BERMOLLEN, Javier Barreiro

Otro

Sub Tipo: Otra

Lugar: Uruguay, Zoom Montevideo

Idioma: Español

Medio divulgación: Internet
Web: <http://opendialogueonai.com/fr/accueil/>
Duración: 1 semanas
Institución Promotora/Financiadora: UNESCO - MILA

LatinR 2020 (2019)

FARIELLO, M.I. , da Silva N
Congreso
Sub Tipo: Organización
Lugar: Uruguay ,Montevideo
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Web: <https://latin-r.com/>
Duración: 1 semanas
Evento itinerante: SI
Institución Promotora/Financiadora: RFoundation
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Ciencia de Datos

El futuro de la Ciencia de Datos en América Latina (2019)

FARIELLO, M.I. , ETCHEVERRY, L.
Otro
Sub Tipo: Otra
Lugar: Uruguay ,Own Montevideo
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Duración: 1 semanas
Institución Promotora/Financiadora: Secretaría de Ciencia y Tecnología, MEC
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático

MatmáticAs en el Conosur (2018)

FARIELLO, M.I. , EUGENIA ELLIS , PAOLA BERMOLEN
Congreso
Sub Tipo: Organización
Lugar: Uruguay ,Facultad de Ingeniería Montevideo
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Web: <https://www.fing.edu.uy/~eellis/mcs/>
Duración: 1 semanas
Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Ingeniería
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas /

Modeling and Data Analysis for the Healthy Human Global Proyect (2015)

M FONTES, FARIELLO, M.I. , A. BORDERÍA , G. MORATORIO
Congreso
Sub Tipo: Otra
Lugar: Uruguay ,La Capilla Punta del Este
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Web: <http://www.mispcamp.org/>
Duración: 1 semanas
Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Reconocimiento de patrones
Información adicional: Este congreso fue en realidad un campamento de investigación. Se presentaron 4 juegos de datos y durante dos días y medio investigadores en biología y matemática aplicada trabajaron juntos para responder ciertas preguntas que quienes presentaron los datos tenían. Este congreso dio lugar a colaboraciones que se están gestando, ya que el trabajo en esos días fue el inicio de distintas colaboraciones entre investigadores de Uruguay y el Mundo.

THE PRECISION MEDICINE REVOLUTION (2015)

M FONTES, A. BORDERÍA, FARIELLO, M.I., G. MORATORIO

Congreso

Sub Tipo: Otra

Lugar: Uruguay ,Auditorio de Antel Montevideo

Idioma: Inglés

Medio divulgación: Internet

Web: <http://www.mispcamp.org/tickets>

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur / ANII

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud /

Información adicional: Evento sobre la revolución que estamos viviendo en medicina de precisión.

Este evento siguió el formato de las charlas TED.

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

REVISIONES

IPOL (2020 / 2020)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

Scientific Reports (2017)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 review

Genetica (2017)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1

Molecular Biology and Evolution (2016)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 en 2016

Molecular Ecology Resources (2015)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 revisión en junio 2015, 1 revisión en setiembre de 2015

Journal of Theoretical Biology (2015)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 en marzo 2015, segunda revisión del mismo en junio de 2015

Molecular Ecology (2013 / 2014)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013, 2 evaluaciones en 2014

PLOS ONE (2013 / 2019)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013 1 evaluación 2019

Animal: An International Journal of Animal Bioscience (2013 / 2016)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5
1 evaluación 2013 1 evaluación 2016 y sus dos posteriores re-evaluaciones

Heredity (2012)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5
1 evaluación 2012

BMC Genetics Selection Evolution (2011)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5
1 evaluación 2011

EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS

LatinR (2020)

Comité programa congreso
Uruguay
Arbitrado

RFoundation

1st Congress of Women in Bioinformatics and Data Science LA (2020)

Revisiones
Argentina

Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional/Capacity building for bioinformatics in Latin America
Comité Científico

LatinR (2018 / 2020)

Revisiones

RFoundation

LatinR es una conferencia internacional cuyo objetivo es reunir a la comunidad de R en Latinoamérica tanto de la academia como de la industria. R es uno de los softwares estadísticos más utilizados a nivel mundial cuya conferencia anual más importante es UseR que alterna entre Europa y Estados Unidos, siendo reciente la incorporación de Australia. LatinR fue impulsado por R Foundation con el objetivo de incentivar eventos de R con foco académico en regiones no cubiertas actualmente por useR. El objetivo es desarrollar la comunidad R en la región y lograr una masa crítica que permita que nuestra región sea considerada como sede en el futuro para las conferencias internacionales más importantes sobre el tema. LatinR es una iniciativa nueva siendo su primer edición en 2018 en la Universidad de Palermo en Buenos Aires y en 2019 en Santiago de Chile en la Universidad Católica. Este evento ha tenido alrededor de 200 participantes y creemos que hay espacio para seguir creciendo.

Computational Immunology Research Camp (2015)

Comité programa congreso
Uruguay

Organización del evento

XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2015)

Revisiones
Uruguay

Facultad de Ingeniería, UdelaR
5 revisiones

XXI Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2015 / 2016)

Revisiones

Perú

Pontificia Universidad Católica del Perú
revisión de 3 artículos

JURADO DE TESIS

Biología (2019)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR / PEDECIBA , Uruguay
Nivel de formación: Doctorado
Facundo Giorello

Maestría Ciencias Agrarias (2017)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay
Fernando Liber MACEDO FAJARDO para obtener el título de Magíster en Ciencias Agrarias
Opción Ciencia Animal

Licenciatura en Estadística (2016)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias Económicas y de Administración - UDeLaR , Uruguay
Nivel de formación: Grado
Evaluación de pasantía de la licenciatura en estadística de los estudiantes Bruno Fonseca y Sebastián Gadea

Seminario I, Maestría en Ciencias Agrarias opción Bioestadística (2015)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay
Nivel de formación: Maestría
Integrante del tribunal de evaluación del Seminario I del proyecto de tesis de Maestría en Bioestadística de la Lic. Inés Berro.

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

GRADO

modelos evolutivos básicos desde el punto de vista probabilístico y de procesos estocásticos con aplicaciones a una población de virus. (2017)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias Económicas y de Administración - UDeLaR , Uruguay
Programa: Licenciatura en Estadística opción Biología
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Gerardo Martínez
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genómica de poblaciones

OTRAS

The Bayesian Alphabet Strickes Again: GUT and GMUT (2015)

Otras tutorías/orientaciones
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Sebastián Castro
Medio de divulgación: Internet
País/Idioma: Uruguay, Español
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Predicción Genómica
Con Sebastián estamos intentando agregar información de vías metabólicas utilizando modelos Bayesianos en la predicción de características complejas.

Búsqueda de huellas de selección por resistencia a parásitos en ovinos uruguayos. (2014)

Otras tutorías/orientaciones
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Nicolás Frioni
País/Idioma: Uruguay, Español
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Bioinformática
Ciencias Agrícolas / Biotecnología Agropecuaria / Biotecnología Agrícola y Biotecnología Alimentaria / Bioestadística

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Detección de señales de selección en poblaciones mezcladas recientemente (2020)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Bioinformática , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Gastón Rijo
País/Idioma: Uruguay, Español

Factorización de matrices categóricas para su aplicación a datos genómicos. (2019)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Ingeniería Matemática , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Gerardo Martínez
Medio de divulgación: Internet
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Factorización de matrices Datos faltantes Estructura poblacional Genómica de poblaciones
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Estadística

Patrones de la composición genómica de virus (2019)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR / PEDECIBA , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Diego Simón
Medio de divulgación: Internet
País/Idioma: Uruguay, Español
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

GRADO

Técnicas de Aprendizaje Automático para Predicción Genómica (2020)

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Ingeniería Eléctrica , Uruguay
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Guillermo Etchebarne, Juan Elenter e Ignacio Hounie
País/Idioma: Uruguay, Español
Cotutor Federico Lecumberry

Análisis y Visualización de la Evolución de Virus (2019)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Ingeniería Eléctrica e Ingeniería en computación , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Federico Aicardi y Rodrigo Céspedes
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Cotutores Lorena Etcheverry - Federico Lecumberry

GENÉTICA DE POBLACIONES: Modelos estocásticos básicos (2016)

Tesis/Monografía de grado
Sector Enseñanza Técnico-Profesional/Secundaria/Público / Administración Nacional de Educación Pública / Instituto de Perfeccionamiento y Estudios Superior "Juan E. Pivel Devoto" , Uruguay
Programa: Diploma en Matemática
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Alicia Alonso
País/Idioma: Uruguay, Español
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

Quiero Ser Científica (2019)

(Nacional)
Organization for Women in Science for the Developing World
Durante este año mentorée junto a la Dra Carmen Viera a un grupo de chicas de liceo de Treinta y Tres, para proponer un proyecto de investigación que se llevará a cabo durante el mes de febrero. Las chicas concursaron junto a chicas de todo el país. El concurso consistió en elaborar un proyecto de investigación, un poster para presentarlo y una presentación de 5 minutos. Sacaron el primer premio, obteniendo la financiación para llevar a cabo su proyecto titulado: Comportamiento predador de las arañas sobre insectos de importancia económica en el arroz bajo influencia de insecticidas

Proyecto I+D Análisis y Visualización de Evolución de Virus (2017)

(Nacional)
CSIC
Análisis y Visualización de Evolución de Virus financiación de \$U 1.000.000 a utilizar entre mayo de 2017 y octubre de 2018. Con este proyecto se contrataron dos docentes grados uno 20hs.

Posdoctorado (2016)

(Nacional)
PEDECIBA

Investigador Grado 3 (2014)

(Nacional)
PEDECIBA Matemáticas

Beca finalización de doctorado académico de docentes universitarios (2013)

(Nacional)
CSIC

Beca de Posdoctorado (2013)

(Nacional)
ANII

PRESENTACIONES EN EVENTOS

RIIAA Reunión Internacional de Inteligencia Artificial y sus Aplicaciones (2020)

Congreso
Aprendizaje Automático aplicado a la predicción genómica
México
Tipo de participación: Conferencista invitado
Palabras Clave: Inteligencia Artificial Latinoamérica

Seminario Científico MathAmSud (2019)

Seminario
Herramientas de visualización para entender los procesos evolutivos de los virus.
Paraguay
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 20
Nombre de la institución promotora: MathAmSud
Palabras Clave: Visualización Análisis de Datos Simulaciones
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Ciencia de Datos

Khipu (2019)

Congreso
Visualizing the viral evolution for untangling and predicting it
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 50
Palabras Clave: Inteligencia Artificial
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Inteligencia Artificial
khipu.ai

Human Evolution (2019)

Congreso
Making the invisible visible: hidden native contribution in the Uruguayan population.
Inglaterra
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Wellcome Genome Campus
Palabras Clave: Genómica de poblaciones Análisis de Datos Visualización
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Ciencia de Datos

Sucesos Científicos: Somos genes, sistemas y ciencia de datos con derecho a la ciencia (2019)

Otra
Inteligencia Artificial, y la ética?
Uruguay
Tipo de participación: Panelista
Carga horaria: 3
Nombre de la institución promotora: UNESCO
Palabras Clave: Inteligencia Artificial Ética

Women in AI (2019)

Encuentro
Women in AI
Uruguay
Tipo de participación: Moderador
Carga horaria: 3

Nombre de la institución promotora: Google
Palabras Clave: Inteligencia Artificial Género
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Inteligencia Artificial

Probabilistic Modeling in Genomics (2018)

Congreso
Retrieving ?Charrúas? genomic tracts and structure from the general Uruguayan population.
Estados Unidos
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Cold Spring Harbor Laboratory
Palabras Clave: population genomics probabilistic modeling
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

Math-AmSud Seminar (2017)

Congreso
Darwin in the mathmagics land: how mathematics merged two (incompatible) evolution theories and some applications.
Brasil
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 15
Nombre de la institución promotora: IMPA
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genómica de poblaciones
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Bioestadística

Jornadas Académicas (2017)

Congreso
Visualización de datos genómicos
Uruguay
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 36
Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias Económicas y Administración, Udelar
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genómica de poblaciones
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Bioestadística

RLadies MVD (2017)

Encuentro
Visualización de datos genómicos (con R)
Uruguay
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 3
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Visualización Estadística

Probabilistic modeling in Genomics (2017)

Congreso
Accounting for Linkage Disequilibrium in genome scans for selection without individual genotypes: the local score approach
Dinamarca
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 22
Nombre de la institución promotora: Aarhus University

Jornada de Bioestadística (2016)

Encuentro
Darwin en el país de las matemáticas
Argentina
Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 10
Nombre de la institución promotora: Universidad Nacional del Litoral

7a Escuela de Argentina de Matemática y Biología (2016)

Congreso
Darwin en el país de las matemáticas
Argentina
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 50
Nombre de la institución promotora: FAMAF

SMBEBA: Investigating biological adaptation with NGS: data and models (2015)

Congreso
A Local Score Based Method Applied to Behavior-divergent Quail Lines Sequenced in Pools
Detects Selection Signatures on Homologous Genes Related to Autism
Francia
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 25
Nombre de la institución promotora: Society for Molecular Evolution and Biology

XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2015)

Congreso
Genetic Prediction in bovine meat production: ¿Is worth integrating bayesian and machine learning approaches? A comprehensive analysis
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 50
Nombre de la institución promotora: Asociación Internacional de Reconocimiento de Patrones

III Jornadas de Estadística Aplicada (2015)

Encuentro
Predicción Genómica en producción de carne bovina: ¿Vale la pena integrar aproximaciones bayesianas con machine learning?
Uruguay
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Centro Universitario Regional Este

II Jornadas de Estadística Aplicada (2014)

Encuentro
Detección de genes ligados al autismo en dos líneas divergentes de codornices mediante el método de score local
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 27
Nombre de la institución promotora: Polo de Desarrollo Universitario Modelización y Análisis de Recursos Naturales (MAREN), Centro Universitario de la Región Este (CURE), Rocha

Ciclo de Seminarios (2014)

Seminario
Darwin and the mathematics (tests for detecting selection)
Uruguay
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 1
Nombre de la institución promotora: Institut Pasteur Montevideo

Seminario de Probabilidad y Estadística (2014)

Seminario
Genética de poblaciones: métodos de detección de selección ("a la Darwin")
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 2
Nombre de la institución promotora: Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias

WCGALP (2014)

Congreso
Local Score Based Method Applied On Pool-Sequenced Behavior-Divergent Lines Precisely Detected Selection Signatures Related To Autism In Quail
Canadá
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 36
Nombre de la institución promotora: American Society of Animal Science

II Jornadas de Estadística Aplicada (2014)

Encuentro
Detección de genes ligados al autismo en dos líneas divergentes de codornices mediante el método de score local
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Centro Universitario Regional Este

Petit Pois Dérivé (2013)

Congreso
Método basado en el score local aplicado a perdcés seleccionadas de manera divergente por su comporamiento secuenciadas en pool detecta genes relacionados con el autismo en humanos.
Francia
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: CNRS

Mathematical and Computational Evolutionary Biology (2013)

Congreso
Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation in Structured Populations
Francia
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: CNRS - LIRMM

Journée de l'école doctorale SEVAB (2012)

Encuentro
hapFLK: A haplotype test for detecting selection signatures using data from multiple populations
Francia
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 15
Nombre de la institución promotora: SEVAB

Conférence Jaques Monod (2012)

Congreso
A new haplotype test for the detection of selection signatures using data from multiple populations
Francia
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: CNRS

Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (2012)

Congreso
hapFLK: An haplotype test for detecting selection signatures using data from multiple populations
Irlanda
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 45
Nombre de la institución promotora: Society for Molecular Biology and Evolution

Forum des jeunes mathématiciennes (2011)

Congreso
Détection de locus sous sélection dans des populations hiérarchiquement structurées, à l'aide de marqueurs SNP denses.

Francia
 Tipo de participación: Expositor oral
 Carga horaria: 30
 Nombre de la institución promotora: Universidad Paul Sabatier
 Palabras Clave: Selecccion
 Areas de conocimiento:
 Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

III Jornadas de Ingenieria Matematica (2010)

Encuentro
 Método estadístico de deteccion de seleccion, mediante clustering local de haplotipos.
 Uruguay
 Tipo de participación: Expositor oral
 Carga horaria: 24
 Nombre de la institución promotora: Facultad de Ingenieria UdelaR

IV BIOMAT (2010)

Congreso
 Tests for the detection of selection events on data from multiple populations
 Francia
 Tipo de participación: Poster
 Carga horaria: 50
 Nombre de la institución promotora: FaMAF

VII CLATSE (2008)

Congreso
 Validación de la utilización de córneas de pacientes de mas de 60 años para trasplante.
 Uruguay
 Tipo de participación: Expositor oral
 Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias Económicas.

CONSTRUCCIÓN INSTITUCIONAL

Junto a un grupo de docentes de los institutos de Matemática y Estadística, Ingeniería Eléctrica y Computación creamos la maestría en Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático en la Facultad de Ingeniería. Actualmente, esta maestría se encuentra en evaluación en oficinas centrales de la Universidad. Con la creación de esta maestría comenzamos a crear un grupo de intercambio de docentes en torno a la Ciencia de Datos, Aprendizaje Automático e Inteligencia Artificial. Mi principal aporte en este grupo es la Ciencia de Datos aplicada a datos genómicos.

Información adicional

Participación en el curso de ingreso de la Facultad de Ingeniería en las ediciones de marzo y julio de 2014, marzo 2015 y marzo 2018.

En la pandemia participé del grupo de EXPERTOS COLABORADORES DEL GACH formando parte del grupo coordinador principal del Área modelos y ciencia de datos, coordinando el grupo nuestro y análisis estadísticos.

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	20
Artículos publicados en revistas científicas	8
Completo	8
Trabajos en eventos	6
Documentos de trabajo	6
Completo	6
	8

PRODUCCIÓN TÉCNICA	
Trabajos técnicos	1
Otros tipos	7
EVALUACIONES	21
Evaluación de eventos	6
Evaluación de publicaciones	11
Jurado de tesis	4
FORMACIÓN RRHH	9
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	3
Otras tutorías/orientaciones	2
Tesis/Monografía de grado	1
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	6
Tesis/Monografía de grado	3
Tesis de maestría	3