



MARÍA INÉS FARIELLO  
RICO  
PhD



[fariello@fing.edu.uy](mailto:fariello@fing.edu.uy)

### SNI

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información  
Categorización actual: Nivel I (Activo)

Fecha de publicación: 22/04/2026  
Última actualización: 24/03/2026

## Datos Generales

### INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Universidad ORT Uruguay/ Facultad de Ingeniería / Cátedra de Matemática / Uruguay

### DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

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

Dirección: Julio Herrera y Reissig 565 / 11300

País: Uruguay / Montevideo / Montevideo

Teléfono: (598) 27114462

Correo electrónico/Sitio Web: [fariello@fing.edu.uy](mailto: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 , 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

##### **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, Uruguay  
12 horas

Áreas de conocimiento:

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

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

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería, Uruguay  
15 horas

Áreas de conocimiento:

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

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

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

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

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería, Uruguay  
180 horas

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

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

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

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

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

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

**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

**Zotero y la gestión de referencias bibliográficas (2011)**

Tipo: Taller

Institución organizadora: Universidad de Toulouse, 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

## Áreas 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 EDUCACIÓN SUPERIOR/PRIVADO - UNIVERSIDAD ORT URUGUAY - URUGUAY

Facultad de Ingeniería / Cátedra de Matemática

### VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

#### Funcionario/Empleado (02/2026 - a la fecha)

Catedrática 40 horas semanales

### ACTIVIDADES

#### DOCENCIA

#### Ingeniería de Sistemas (02/2026 - a la fecha)

Grado  
Responsable

### SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ARGENTINA

Metadocencia / Consejo Asesor

### VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

#### Colaborador (01/2024 - a la fecha)

Participante externa del consejo asesor 1 hora semanal

### ACTIVIDADES

#### ACTIVIDAD HONORARIA

**Miembro del comité asesor (01/2024 - a la fecha )**

1 horas semanales

**SECTOR ORGANIZACIONES PRIVADAS SIN FINES DE LUCRO/ORGANIZACIONES NO GUBERNAMENTALES - ORGANIZACIONES SIN FINES DE LUCRO - URUGUAY**

Ágora

**VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

**Colaborador (08/2023 - a la fecha)**

Colaboradora, miembro suplente de la Comisión Fiscal desde setiembre del 2025. 1 hora semanal

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

Facultad de Ingeniería / Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia.

**VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

**Funcionario/Empleado (03/2022 - a la fecha)** Trabajo relevante

Profesor Adjunto 35 horas semanales / Dedicación total

Escalafón: Docente

Grado: Grado 3

Cargo: Efectivo

**Funcionario/Empleado (02/2017 - 03/2022)**

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

### **Statistical inference for Jacobi and Volterra models: Applications in Genetic and Finance. (02/2025 - a la fecha)**

Código: MOV\_CO\_2024\_1\_1013354 The central theme of this collaborative project is the study and development of statistical inference in the Jacobi and Volterra process, both for the Brownian case and for fractional Brownian motion. The Latin American team has worked on the small time approximation for the Jacobi process, known in genetics as Wright-Fisher diffusion, used to model the variation in the allele frequency. By means of stochastic calculation techniques, an analytical expression of the density is obtained. The French team has further developed its work on the Volterra process, studying Stochastic Volterra Equations (SVEs) of convolution type, including the case of rough trajectories, i.e.,  $H < 1/2$ . For both processes, the objective is to extend results to the fractional case, with  $1/2 < H < 1$ , as well as to study approximations of the densities, thus developing a theory of parameter estimation for this process. Both teams possess the requisite tools for approximating densities, thereby enabling the alliance through this collaborative project to delve more deeply into these problems or extend them to other stochastic processes.

5 horas semanales

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Cooperación

Equipo: FARIELLO, M.I. (Responsable), Tania Roa Rojas, Sergio Pulido, J.R. León, LAURA ASPIROT, SOSA ANDRES, Long, M.

Palabras clave: Difusión Fisher-Wright Procesos estocásticos Movimiento Browniano

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

### **Integración de datos ambientales y genómicos para la predicción genómica en cultivos mediante redes neuronales con atención cruzada (05/2025 - a la fecha)**

Código: FMV\_3\_2024\_1\_180525 La selección genómica es una metodología predictiva que en lugar de evaluar todos los genotipos en campo, entrena un modelo predictivo con una muestra de referencia la cual contiene datos genotípicos y fenotípicos y en algunos casos puede incluir datos ambientales. Posteriormente con este modelo entrenado se hacen predicciones para genotipos candidatos para los cuales únicamente se cuenta con información genotípica y eventualmente ambiental. Esta metodología ha revolucionado el mejoramiento genético ya que incrementa la ganancia genética por unidad de tiempo y ahorra recursos significativos en el fenotipado. Sin embargo, su implementación práctica es todavía compleja ya que requiere alta precisión en las predicciones para que su implementación sea exitosa. Se han explorado varios algoritmos de Aprendizaje Automático para mejorar estas capacidades predictivas, sin embargo, los resultados obtenidos no son aún suficientes para su implementación exitosa en forma rutinaria, sobre todo en granos. Esta propuesta de investigación explorará el estado del arte en métodos de Aprendizaje Profundo, en particular diferentes arquitecturas de redes neuronales que sean capaces de integrar datos genómicos y ambientales. Existen diferentes maneras de integrar estos datos, ya sea, con redes totalmente conectadas o convoluciones, pero sin diferenciar demasiado el tipo de datos a redes que poseen mecanismos de atención cruzada. Es decir, redes que sean capaces de incorporar las interacciones genotipo-ambiente en su arquitectura. Si bien los algoritmos basados en redes neuronales generalmente requieren muchos datos para poder ser entrenados, una vez puestos a punto, se pueden aplicar a nuevas bases de datos que posean las mismas características fácilmente, sin necesidad de potencia de cálculo. Por lo tanto, se buscarán modelos que luego se puedan implementar en forma rutinaria en diferentes programas de mejoramiento genético en la región, incrementando la ganancia genética de cultivos de la región.

10 horas semanales

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero  
Equipo: FARIELLO, M.I. (Responsable), INES BERRO (Responsable), FEDERICO LECUMBERRY,  
ROSAS JE, Castro, G., Mateo Musitelli, Silva P, Lucía Gutiérrez, José Crossa, LADO B., Vanzetti L.  
Áreas de conocimiento:  
Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /  
Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aprendizaje Automático

**CICADA: Centro Interdisciplinario en Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático (03/2021 - a la fecha)**

Con CICADA (<https://cicada.uy/>) buscamos la creación y consolidación de un espacio académico que potencie la investigación, el intercambio, la formación y la divulgación en el área del análisis de datos, tanto en sus fundamentos y métodos como en su aplicación a las diferentes disciplinas y las áreas interdisciplinarias. El campo de la Ciencia de Datos (CD) tiene un gran potencial de acercar comunidades de investigadores diferentes, aproximaciones metodológicas diversas y marcos teóricos que pueden ser difíciles de integrar de otra forma debido a la fragmentación conceptual o las dificultades técnicas. El trabajo en esta área se vuelve un terreno único de exploración interdisciplinaria desde un aspecto que se inicia metodológico, permitiendo el descubrimiento de factores comunes, fomentando la polinización cruzada de disciplinas y la emergencia de campos híbridos. Varias de estas líneas han sido transitadas en la UdelaR por diversos investigadores e investigadoras incursionando en trabajos, por lo menos, multidisciplinarios. Son ejemplos de ello los desarrollados en torno a la genómica y bioinformática, el procesamiento de imágenes médicas, los análisis epidemiológicos, los trabajos de ecología y ciencias ambientales, investigaciones en neurociencias y educación, y aquellos que abarcan el procesamiento de lenguaje natural. CICADA se construye sobre esta base, buscando proyectar y profundizar las experiencias previas, integrando nuevos campos disciplinares y abordando nuevas preguntas y formas de interacción e integración. Soy parte del equipo coordinador y dirijo junto a Héctor Romero la línea Poblaciones y comunidades: Genómica y Evolución. Resumen de la línea: Debido al abaratamiento de los costos de secuenciación, se están generando datos genómicos de diferentes especies a un ritmo exponencial. Éstos permiten observar la variación genética dentro y entre poblaciones generando diversas aplicaciones: estudiar la estructura de las poblaciones, inferir diferentes aspectos de la evolución como ser migraciones y mezclas entre poblaciones ancestrales, identificar sitios sujetos a selección natural o artificial y establecer relaciones con fenotipos, ya sea para identificar las variantes genéticas responsables de los mismos (GWAS) o realizar predicción genómica. Además del modelado matemático, que ha sido crucial en el surgimiento de la genética de poblaciones, la cantidad de datos generados demanda el uso de herramientas computacionales potentes y técnicas avanzadas de aprendizaje automático para poder analizarlas. CICADA se propone continuar desarrollando métodos que permitan analizar las estructuras de poblaciones mezcladas como la Latinoamericana (en particular la uruguaya) y adaptar métodos de detección de selección a este tipo de poblaciones.

10 horas semanales

Universidad de la República, Espacio Interdisciplinario

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Maestría/Magister:2

Financiación:

Espacio Interdisciplinario, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: FARIELLO, M.I., ROMERO H (Responsable), ETCHEVERRY, L., PAOLA BERMOLLEN (Responsable), FEDERICO LECUMBERRY, MARIM, CABANA, A., MARCELO FIORI

Áreas de conocimiento:

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

**Learning and control on complex networks (12/2022 - a la fecha)**

Machine learning models have known a large success in the last two decades. Although research in this area has been taking place for more than 60 years, the field gained a huge momentum only quite recently following the advent of powerful hardware and data availability with which supra-human performance were obtained in a variety of tasks (ranging from playing Go to text recognition or images classification). However, these impressive successes often rely on quite exceptional hardware possibilities and cannot be applied in many "usual" contexts, where, for instance, the volume of data available or the amount of computing power is more restricted. In this project, we aim at defining the next generation of more "democratic" and widely applicable

algorithms, for a variety of learning problems involving network structures. We will study learning and control problems where bottlenecks are high dimensionality and stochasticity. These key features will be represented using an underlying graph or network structure which will be key in the study of our models. We aim at leveraging some underlying knowledge and structure present in these control/learning problems to find less computationally demanding algorithms. Institutionally, the main objectives of the project are: (i) to consolidate an already strong research and education relationship between the Probability group of the university of Buenos Aires (UBA, Argentina), the Engineering Faculties of UDELAR (Universidad de la República Uruguay), the CNRS (LAAS/IRIT Toulouse) and more recently the Ecole Polytechnique (Paris). (ii) to boost and to promote research bonds between the main research and graduate/post-graduate education institutions in Argentina and Uruguay (Universidad de Buenos Aires, UDELAR), as well as to expand the South American-French historical scientific collaboration by including both CNRS and Ecole polytechnique, two major pillars of French scientific development. The common roadmap for reaching these goals will be: (i) to organize project workshops and internships in partner institutions in order to build a common knowledge map and common tools in the field of learning and optimal control of complex networks (ii) to disseminate joint results by publications in major international conferences or journals, (iii) to develop common guidance of PhD and postdocs. Through the creation and consolidation of strong research and formation exchanges between Argentina, France and Uruguay, the LAGOON project will contribute to the fields of learning applied to network structures. Some of the challenges this project will address are: - Stochastic matching problems on random graphs, - Graph detections and representation learning, - Boosting exploration mechanisms for reinforcement learning on models with sparse and rare rewards - Distance learning algorithms based on Euclidean percolation.

5 horas semanales

University of Buenos Aires, Universidad de la República, CNRS (LAAS/IRIT) , Ecole Polytechnique Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:7

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: FARIELLO, M.I. , PAOLA BERMOLLEN (Responsable) , Groisman P. (Responsable) ,

Jonckheere M. (Responsable) , Moulines E. (Responsable) , LARROCA F. , FEDERICO

LECUMBERRY , MARCELO FIORI , Valeria GOICOECHEA JACKSON , B. Marengo

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

### **Integración de datos genómicos y ambientales mediante aprendizaje profundo para selección genómica (04/2023 - 04/2025)**

La selección genómica (SG) es una metodología predictiva que en lugar de evaluar todos los genotipos en campo, entrena un modelo predictivo con una muestra de referencia la cual contiene datos genotípicos, ambientales y fenotípicos. Posteriormente con este modelo entrenado se hacen predicciones para genotipos candidatos para los cuales únicamente se cuenta con información genotípica y ambiental. Esta metodología está revolucionando el mejoramiento genético ya que incrementa la ganancia genética por unidad de tiempo y ahorra recursos significativos en el fenotipado. Sin embargo, su implementación práctica es todavía compleja ya que requiere alta precisión en las predicciones para que su implementación sea exitosa. Por esto se han explorado varios algoritmos de Aprendizaje Automático (AA) para mejorar estas capacidades predictivas, sin embargo, los resultados obtenidos no son aún suficientes para su implementación exitosa en forma rutinaria, sobre todo en granos. Por ello, en esta propuesta de investigación se explorará el estado del arte en métodos de Aprendizaje Profundo, en particular el uso de Transformers, para evaluar, respecto a los métodos tradicionales de AA, la factibilidad de incrementar su capacidad predictiva. De esta manera se busca que esta metodología se pueda implementar en forma rutinaria en muchos programas de mejoramiento genético en la región, con lo cual se pueda coadyuvar a incrementar la ganancia genética de las especies productivas de la región. En base a esta propuesta se busca consolidar la colaboración entre grupos de investigación en AA con base en Uruguay y México y antecedentes en el área de SG. Se desarrollarán actividades de formación en base a seminarios interdisciplinarios, cursos, posgrados e intercambio de profesores.

15 horas semanales

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:3

Maestría/Magister:2

Equipo: FARIELLO, M.I. (Responsable) , FEDERICO LECUMBERRY (Responsable) , ALVARO PARDO , Juan Rosas , J. Crossa , Osval Montessinos , Abelardo Montessinos

Palabras clave: Predicción genómica Aprendizaje automático Integración de datos multimodales

### **Predicción genómica con técnicas de aprendizaje profundo (12/2019 - 12/2022 )**

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

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:6

Maestría/Magister:2

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , CIAPPESONI, G. , E.A. NAVAJAS , NAYA H , GUILLERMO CARBAJAL

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

### **FLEA: Uso de técnicas de Aprendizaje Federado para el análisis de datos sensibles y su aplicación al caso de Analíticas de Aprendizaje (05/2021 - 10/2022 )**

Las analíticas de aprendizaje (learning analytics-LA) consisten en la aplicación de técnicas cuantitativas a datos educativos, para asistir en la solución de problemas como el diseño de trayectorias de aprendizaje personalizado, o la elaboración de alertas tempranas de deserción escolar. En particular, los métodos de aprendizaje automático (machine learning-ML) y técnicas de Inteligencia Artificial (IA) como el reconocimiento de patrones, o el uso de redes neuronales abren nuevas perspectivas para responder esas preguntas usando datos. En Uruguay, en el contexto de Plan Ceibal, equipos de analistas de datos utilizan técnicas de LA para responder preguntas. La aplicación de métodos de LA plantea cuestiones de orden legal, ético y tecnológico. Dada la naturaleza de los datos a estudiar, es necesario garantizar la protección de la privacidad de las personas involucradas y de sus datos personales. Por otro lado, los datos suelen provenir de diferentes sistemas y de fuentes heterogéneas; algunos son almacenados centralizadamente (por ejemplo, datos de uso de plataformas educativas), y otros residen en los dispositivos y aplicaciones (por ejemplo, las interacciones que los usuarios realizan con las aplicaciones). Tradicionalmente, las técnicas de ML/IA necesitan grandes volúmenes de datos centralizados e integrados para el entrenamiento de los algoritmos. Si bien es posible aplicar técnicas de anonimización sobre los datos centralizados antes de usarlos en modelos de ML, en algunos casos, no es posible centralizar los datos (por ejemplo, datos sensibles de otras agencias del gobierno, datos que residen en dispositivos). Las técnicas de aprendizaje federado (federated learning-FL) buscan construir modelos de ML usando conjuntos de datos distribuidos en múltiples dispositivos, y al mismo tiempo evitan la fuga de datos. En este contexto, el objetivo de este proyecto es desarrollar analíticas de aprendizaje basadas en técnicas de ML/IA que salvaguarden la privacidad y eviten la centralización, utilizando el enfoque de aprendizaje federado

5 horas semanales  
Instituto de Computación - Instituto de Matemática y Estadística - Instituto de Ingeniería Eléctrica  
Investigación  
Integrante del Equipo  
Concluido  
RRHH formados en el proyecto:  
Pregrado:2  
Maestría/Magister:1  
Financiación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero  
Equipo: FARIELLO, M.I., ETCHEVERRY, L. (Responsable), PAOLA BERMOLLEN, G.  
CAPDEHOURAT  
Palabras clave: Federated Learning Learning Analytics

### **Análisis y Visualización de la Evolución de Virus (05/2017 - 05/2019)**

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  
Concluido  
RRHH formados en el proyecto:  
Pregrado:4  
Maestría/Magister:1  
Financiación:  
Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero  
Equipo: F LECUMBERRY (Responsable), MORATORIO, G., Martínez, Diego Simón, 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

### **DOCENCIA**

#### **Ingeniería - Ciclo Básico (02/2017 - 02/2022)**

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

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas /

### **EXTENSIÓN**

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

RLadies Global 2 horas

Áreas de conocimiento:

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

#### **Grupo Uruguayo Interdisciplinario de Análisis de Datos de COVID (GUIAD-COVID) (03/2019 - 04/2022 )**

Universidad de la República 20 horas

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

#### **Quiero Ser Científica (04/2019 - 12/2020 )**

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

2 horas

Áreas 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

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías /

Probabilidad y Estadística

### **GESTIÓN ACADÉMICA**

#### **Participación en la comisión de Imagen Institucional (03/2022 - a la fecha )**

Participación en consejos y comisiones 1 hora semanales

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

PEDECIBA, Bioinformática

Participación en consejos y comisiones 3 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

#### **SCAPA de la Maestría en Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático (03/2022 - 12/2025 )**

IMERL - IIE - INCO Gestión de la Enseñanza 2 horas semanales

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

#### **Miembro titular de la comisión de Instituto (IMERL) (12/2022 - 12/2024 )**

Participación en consejos y comisiones 3 horas semanales

### **Comisión de Estudios de Posgrado de Matemática (03/2016 - 09/2020 )**

PEDECIBA, Matemática

Participación en consejos y comisiones 3 horas semanales

Áreas 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 - 07/2021 )**

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 / Unidad de Bioinformática

### **VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

#### **Colaborador (02/2022 - a la fecha)**

Investigadora Asociada 8 horas semanales

#### **Colaborador (12/2015 - 12/2021)**

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 (12/2010 - 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 ascendencia indígena, luego 10 con ascendencia 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**

#### **Characterization of the uruguayan population using low-pass sequencing (03/2023 - 03/2025 )**

Código: URU2+ ACIP 577 Admixed populations are undercharacterised worldwide. Latin America and especially individuals with indigenous ancestry are underrepresented in genomic studies. In GWAS studies worldwide, only 22% are non-European, and less than 4% are Latin American with indigenous ancestry. These are not only numbers showing the inequality of resources in the scientific field, but those statistics have much greater implications in health. GWAS studies are the gold standard approach to the discovery of new variants related to phenotypes. For those studies to be accurate, the sample size needed (it depends on the phenotype under study and the portions of the genome being studied) is around several thousand, which makes them very expensive. Hence, only specific populations are studied (mainly those of European descent). The results obtained are accurate for the same population as the study. For the extension to other populations, further studies are needed: extension of the study to include a new population, and characterizing genomically a new population. Currently, there is a clear gap in the application of genomic medicine results to the admixed or poorly characterised populations, such as Latin Americans. One of our recent studies has shown that there is still significant indigenous ancestry in the Uruguayan genes. A further study (not published yet), that is representative of the Uruguayan population, has shown a high percentage of admixture in the Uruguayan population: European 78%, Indigenous 14% and Afro 8%. And more interestingly, the further you get in the country, the higher the indigenous ancestry (individuals with 50% indigenous ancestry were found). So, Uruguay is an admixed population with a complex structure, in contrast with what was previously thought. However, the population is not well characterised, since the studies we have undertaken have only a few individuals (30 genomes, high coverage). In this project, we want to improve this issue and properly characterise the Uruguayan population by doing a representative sampling of the country using low-pass sequencing. Low pass sequencing is a cost-effective sequencing solution that is widely used in the context of GWA studies. It is a good alternative for low-income countries, since large Grants for GWAS studies are very difficult to achieve. It relies on accurate imputation algorithms. To apply low pass sequencing on admixed populations a representative reference panel for imputation should be used. This is not always easy: indigenous are not available, the admixture structure is unknown, etc. We aim to sequence ~1000 individuals sampled in a representative way (~0.03% to 0.05%

depending on the department) and impute them using loimpute's gencov's algorithm, which could be extended for the inclusion of our reference panel. We believe this is a cost-effective way of expanding a sample. If the imputation is successful we would have a more comprehensive representation of the Uruguayan population, which is the starting point for relevant downstream analysis, such as demography studies (including local and global ancestry estimations), signature of selection, migration events, etc. Furthermore, having population variant frequencies (summary statistics) already is a crucial result for other studies focused on rare diseases and genomic medicine.

8 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:5

Doctorado:1

Equipo: FARIELLO, M.I., LUCIA SPANGENBERG (Responsable), Guillaume Laval (Responsable), NAYA H, Camila Simoes

#### **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

RRHH formados 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 GOBIERNO/PÚBLICO - PODER LEGISLATIVO - URUGUAY**

Comisión administrativa / Comisión Especial de Futuros

#### **VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

**Colaborador (03/2022 - 03/2025)**

Colaborador externo 3 horas semanales

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

**VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

**Otro (08/2019 - 09/2020)**

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 - 09/2020 )**

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 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

### **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: 10 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

##### **Tuning Matters: Comparing Lambda Optimization Approaches for Ridge Regression in Genomic Prediction (Completo, 2025)**

OSVALA. MONTESINOS-LÓPEZ, EDUARDO A. BARAJAS-RAMIREZ, ABELARDO MONTESINOS-LÓPEZ, FEDERICO LECUMBERRY, MARÍA INÉS FARIELLO, JOSÉ CRICELIO MONTESINOS-LÓPEZ, JUAN MANUEL RAMIREZ ALCARAZ, JOSÉ CROSSA, REKA HOWARD  
Genes, v.: 16 p.:618 2025

Palabras clave: regresión lineal predicción genómica

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 20734425

DOI: [10.3390/genes16060618](https://doi.org/10.3390/genes16060618)

<https://doi.org/10.3390/genes16060618>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

##### **Refining penalized Ridge regression: a novel method for optimizing the regularization parameter in genomic prediction (Completo, 2024)**

Montesinos-López, A., Abelardo Montesinos-López, O., FEDERICO LECUMBERRY, FARIELLO, M.I., Abelardo Montesinos-López, J.C., Crossa, J.

G3 Genes|Genomes|Genetics, v.: 14 12, 2024

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21601836

DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkae246>

<https://academic.oup.com/g3journal/article/14/12/jkae246/7888815?login=true>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

##### **Federated Learning for Data Analytics in Education (Completo, 2023)**

Christian Fachola, Agustín Tornaría, PAOLA BERMOLLEN, G. CAPDEHOURAT, ETCHEVERRY, L., FARIELLO, M.I.

Data, v.: 8 2, p.:43 - 43, 2023

Palabras clave: federated learning learning analytics

Areas de conocimiento:


Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aprendizaje Automático

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 23065729

DOI: [10.3390/data8020043](https://doi.org/10.3390/data8020043)


<https://www.mdpi.com/2306-5729/8/2/43>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 


##### **Contact tracing-induced Allee effect in disease dynamics (Completo, 2022)**

MATÍAS ARIM, DANIEL HERRERA-ESPOSITO, PAOLA BERMOLLEN, ÁLVARO CABANA, MARÍA INÉS FARIELLO, MAURICIO LIMA, HECTOR ROMERO


Journal of Theoretical Biology, v.: 542 p.:111109 2022

Medio de divulgación: Internet  
Lugar de publicación: United states  
ISSN: 00225193  
E-ISSN: 10958541  
DOI: [10.1016/j.jtbi.2022.111109](https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2022.111109)  
<http://dx.doi.org/10.1016/j.jtbi.2022.111109>  
WEB OF SCIENCE™ 

**Testing the existence of an unadmixed ancestor from a specific population t generations ago (Completo, 2022)**

GABRIEL ILLANES , MARÍA INÉS FARIELLO , LUCÍA SPANGENBERG , ERNESTO MORDECKI , HUGO NAYA  
PLoS ONE, v.: 17 8 , p.:71097 2022  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones  
Medio de divulgación: Internet  
Lugar de publicación: United states  
E-ISSN: 19326203  
DOI: [10.1371/journal.pone.0271097](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271097)  
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0271097>  
WEB OF SCIENCE™ 


**Indigenous Ancestry and Admixture in the Uruguayan Population (Completo, 2021) Trabajo relevante**

LUCÍA SPANGENBERG , MARÍA INÉS FARIELLO , DARÍO ARCE , GABRIEL ILLANES , GONZALO GREIF , JONG-YEON SHIN , SEONG-KEUN YOO , JEONG-SUN SEO , CARLOS ROBELLO , CHANGHOON KIM , JOHN NOVEMBRE , MÓNICA SANS , HUGO NAYA  
Frontiers in Genetics, v.: 12 2021  
Lugar de publicación: Switzerland  
E-ISSN: 16648021  
DOI: [10.3389/fgene.2021.733195](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.733195)  
<http://dx.doi.org/10.3389/fgene.2021.733195>  
WEB OF SCIENCE™ 

**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, 2019  
Medio de divulgación: Internet  
ISSN: 13652540  
E-ISSN: 0018067X  
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>  
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  
E-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>  
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

E-ISSN: 1365294X

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

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

#### **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

E-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>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

#### **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

E-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>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

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

PIZZO L., FARIELLO, M.I., LEPANTO P., AGUILAR P.S., KIERBEL A.

Molecular and Cellular Probes, 2014

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 08908508

E-ISSN: 10961194

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>

WEB OF SCIENCE™ Scopus

#### **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

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-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.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

### **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

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00166731

E-ISSN: 19432631

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> )

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

## **DOCUMENTOS DE TRABAJO**

### **Evaluating Low-Pass sequencing and imputation for population genomics: accuracy, rare variant detection, and impact of admixed ancestry (2025)**

Completo

Camila Simoes, NAYA H, M. Brandes, DALLAGIOVANNA, B., Laval G., FARIELLO, M.I., LUCIA SPANGENBERG

Enviado a Bioinformatics

Medio de divulgación: Otros

Genotyping arrays (SNP chips) have been a cornerstone of population genetics and human genomics for nearly two decades. Since the early 2000s, high-density arrays, such as those developed by Illumina and Affymetrix, have enabled large-scale cost-effective genotyping of hundreds of thousands to millions of single nucleotide polymorphisms (SNPs)[Tebbutt SJ(2004)]. They facilitated foundational studies of human population structure, admixture, and migration patterns, including the HapMap [2005(2005)], and became the standard tool for genome-wide association studies (GWAS) for diverse traits in human [MacArthur J(2017), Hirschhorn JN(2005), Kooner(2008), Firmann(2008)] and other organisms [Wang(2024), Singh(2020), Zhu(2025), Maddahi(2025)]. Their affordability and robust performance allowed researchers to assemble massive datasets (eg. Affymetrix chip on 488,000 UK Biobank participants [ukbiobank.ac.uk](http://ukbiobank.ac.uk), 800,000 individuals of the Million Veteran Program [Hunter-Zinck H(2020)]), uncover a fine-scale population substructure [John Novembre(2008), Noah A Rosenberg(2005)], and reconstruct demographic histories[Shyamalika Gopalan(2022)]. Despite their high impact, chips are limited by their reliance on pre-selected variants, often biased toward European populations, making them less sensitive to rare or population-specific variation and constraining their utility for underrepresented groups. Low-pass sequencing (LPS) combined with genotype imputation has emerged as a cost-effective alternative to high-coverage whole-genome sequencing (WGS) for large-scale population genomic studies. By generating data at low sequencing depth and applying statistical imputation models, LPS achieves reliable variant calls at a fraction of the cost of deep sequencing [Li JH(2021)], while avoiding the ascertainment bias inherent to SNP arrays. Previous studies have demonstrated that LPS, particularly at 4x coverage, performs comparably well to SNP arrays, making it a viable alternative for large-scale genomic studies. Notably, LPS has already been applied in pharmacogenomics research, where accurate genotype imputation is critical for

identifying variants associated with drug response ([Wasik(2021)]). In addition, a study on an Asian population demonstrated that LPS outperforms microarrays in detecting low-frequency variants, especially those with a frequency of less than 1%, when used for polygenic risk score calculations for Parkinson's disease([Kim S(2021)]). However, these studies have primarily focused on African, European, and Asian populations, with little attention given to admixed populations, particularly those with Indigenous ancestry. Populations from Latin America, characterized by complex admixture among Indigenous peoples, Europeans, and Africans, are markedly widely underrepresented in global databases[Guio H and E(2025)]. This underrepresentation introduces systematic biases in variant discovery, frequency estimation, and downstream analyses[Landry LG(2018)]. As a result, the accuracy of genotype imputation is reduced, and the interpretation of rare or population-specific variants in clinical and population genetics studies becomes more challenging. Furthermore, this imbalance limits our understanding of unique demographic histories, local adaptations, and the genetic contributions of these ancestries to modern admixed populations. Addressing these gaps is essential not only for enhancing the equity and precision of genomic medicine but also for safeguarding critical insights into human diversity and evolutionary history. In this study, we evaluated the performance of LPS in admixed populations by comparing sequencing data from 30 individuals sequenced at high coverage (30x Illumina paired end) and low coverage (0.5x). Our results indicate that LPS with imputation achieves an average genotype concordance of 96% with high-coverage WGS, and its accuracy does not decrease with increasing Indigenous ancestry proportions. Additionally, we propose a probability model, to statistically assess the likelihood of detecting rare variants using LPS. Our findings show that LPS can detect low-frequency variants (e.g., < 1%) with a 25% probability and variants with a 5% frequency with a 79% probability at 1x coverage, underscoring its utility for population genomic studies in diverse and admixed populations. Given its accuracy and cost efficiency, LPS represents a scalable replacement for SNP arrays in genetic population studies. Furthermore, it is a cost-effective alternative to high-coverage WGS, as LPS provides genome-wide coverage without ascertainment bias and enables the inclusion of more individuals within a fixed budget, thereby capturing greater population variability.

#### **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/>

#### **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 , M ARIM , FARIELLO, M.I. , J.R. León , WSCHEBOR, N.

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

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

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

Completo

M. PELÁEZ , WSCHEBOR, N. , M ARIM , 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/>

#### **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/>

#### **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/>

### **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

Sitio GUIAD-COVID-19

Medio de divulgación: Internet

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

## **PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS**

### **Estudio y Aplicación del Modelo HyenaDNA en la Detección de Ancestría Genética (2025)**

Cameto G., FEDERICO LECUMBERRY, FARIELLO, M.I.

Resumen expandido

Evento: Regional

Descripción: ornadas Uruguayas de Ciencias de la Computación 2025 Ida Holz

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2025

Publicación arbitrada

Medio de divulgación: Internet

<https://www.fing.edu.uy/inco/eventos/jornadas-uruguayas-ciencias-computacion-2025/>

### **Transformers for Genomic Prediction (2024)**

FARIELLO, M.I., Castro, G., Hoffman, R., Mateo Musitelli, Diego Belzarena, FEDERICO LECUMBERRY

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: IBERAMIA 2024

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2024

Anales/Proceedings: Lecture Notes in Computer Science

Volumen: 15277

Serie: Ibero-American Conference on Artificial Intelligence

Página inicial: 122

Página final: 131

ISSN/ISBN: 978-3-031-80366-6

Publicación arbitrada

Editorial: Springer

Palabras clave: Transformers Genomic Prediction

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Aprendizaje Profundo

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aprendizaje Automático

Medio de divulgación: Internet

Financiación/Cooperación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay

[https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-031-80366-6\\_11#citeas](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-031-80366-6_11#citeas)

### **Assessing the impact of mobility reduction in the second wave of COVID-19 (2021)**

ALVARO CABANA, LORENA ETCHEVERRY, MARIA INES FARIELLO, PAOLA BERMOLÉN, MARCELO FIORI

Publicado

Resumen expandido

Evento: Internacional  
Descripción: 2021 XLVII Latin American Computing Conference (CLEI)  
Ciudad: Cartago, Costa Rica  
Año del evento: 2021  
Anales/Proceedings: 2021 XLVII Latin American Computing Conference (CLEI)  
Publicación arbitrada  
Editorial: IEEE  
Medio de divulgación: Internet  
DOI: [10.1109/clei53233.2021.9639974](https://doi.org/10.1109/clei53233.2021.9639974)  
<http://dx.doi.org/10.1109/clei53233.2021.9639974>

**Graph Neural Networks for genome enabled prediction of complex traits (2021)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , HOUNIE, I. , Juan Elenter , Guillermo Etchebarne  
Publicado  
Resumen  
Evento: Internacional  
Descripción: Probabilistic Modeling in Genomics  
Ciudad: Virtual  
Año del evento: 2021  
Publicación arbitrada  
Palabras clave: Graph Neural Networks CNN GNN Complex Traits Genomic Prediction  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Aprendizaje Automático  
Medio de divulgación: Internet  
Financiación/Cooperación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay

**Machine Learning methods for genome enabled prediction of complex traits : Benchmarking and robustness to marker elimination (2021)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Guillermo Etchebarne , HOUNIE, I. , Juan Elenter  
Publicado  
Resumen  
Evento: Internacional  
Descripción: Probabilistic Modeling in Genomics  
Ciudad: Virtual  
Año del evento: 2021  
Publicación arbitrada  
Palabras clave: Genomic prediction Complex traits  
Medio de divulgación: Internet  
Financiación/Cooperación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay  
<https://meetings.cshl.edu/meetings.aspx?meet=PROBGEN&year=21>

**On two dimensional mappings of SNP marker data and CNNs : Overcoming the limitations of existing methods using Fermat distance (2021)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Juan Elenter , HOUNIE, I. , Guillermo Etchebarne  
Publicado  
Resumen  
Evento: Internacional  
Descripción: Probabilistic Modeling in Genomics  
Ciudad: Virtual  
Año del evento: 2021  
Publicación arbitrada  
Palabras clave: Genomic Prediction Fermat distance 2D-mappings CNN  
Medio de divulgación: Internet  
Financiación/Cooperación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay  
<https://meetings.cshl.edu/meetings.aspx?meet=PROBGEN&year=21>

**Understanding evolutionary processes in viral populations through information theory and simulations (2019)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Diego Simón , MORATORIO LINARES Gonzalo  
Andrés  
Publicado

Resumen  
Evento: Internacional  
Descripción: The Physics of Evolution  
Ciudad: Londres  
Año del evento: 2019  
Publicación arbitrada  
Palabras clave: Viral Evolution Machine Learning  
Medio de divulgación: Internet  
Financiación/Cooperación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay  
<https://www.physicsoflife.org.uk/the-physics-of-evolution.html>

**Viral evolution analysis and visualization based on a Shannons Entropy approach (2018)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Diego Simón , MORATORIO, G. , Marco Vignuzzi ,  
Felipe Tambasco , Gerardo Martínez Jaujarena  
Publicado  
Resumen  
Evento: Internacional  
Descripción: Institut PasteurInternational Network Symposium: Combating Resistance : Microbes  
and Vectors  
Ciudad: Paris  
Año del evento: 2018  
Publicación arbitrada  
Palabras clave: Viral Evolution Machine LearningShanon's Entropy  
Medio de divulgación: Internet

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

FARIELLO, M.I. , A. ARMSOTRONG , A. FERNÁNDEZ  
Publicado  
Completo  
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  
Pagina inicial: 11  
Pagina final: 18  
Editorial: Springer  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Predicción Genómica  
Medio de divulgación: Internet  
[https://books.google.com.uy/books?  
id=MwLOCgAAQBAJ&pg=PA227&dq=Progress+in++pattern+recognition+CIARP](https://books.google.com.uy/books?id=MwLOCgAAQBAJ&pg=PA227&dq=Progress+in++pattern+recognition+CIARP)

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

SERVIN B. , BOITARD S. , CHEVALET C. , FARIELLO, M.I. , PHOCAS F. , M SANCRISTOBAL  
Publicado  
Completo  
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](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)**

FARIELLO, M.I. , BOITARD S. , MERCIER S. , ROBELIN D. , FARAUT T. , ARNOULD C. , LE BIHAN-DUVAL E. , RECOQUILLAY J. , SALIN G. , DEHAIS P. , PITEL F. , LETERRIER C. , SANCRISTOBAL M.  
Publicado  
Completo  
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](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)**

FARIELLO, M.I.  
Publicado  
Resumen  
Evento: Nacional  
Descripción: Petit Pois Déridé  
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)**

FARIELLO, M.I.  
Publicado  
Resumen expandido  
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

ÁLVAREZ I. , PÉREZ CAMPOS H. , SALDÍAS M. , CABRERA M. , SÁNCHEZ G. , LAZA S. , FARIELLO, M.I. , FORTEZA D. , SCAVINO M.  
Publicado  
Completo  
Evento: Internacional  
Descripción: VII Congreso Latinoamericano de Estadística  
Ciudad: Montevideo  
Año del evento: 2008  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /  
Medio de divulgación: CD-Rom  
<http://www.iesta.edu.uy/clatse/index.php>

**PREPRINT**

**Small-time approximation of the transition density for diffusions with singularities. Application to**

## the Wright-Fisher model (2022) Trabajo relevante

Rojas T., FARELLO, M.I., Martínez, J.R. León

Medio de divulgación: Internet  
<https://arxiv.org/abs/2212.11442>

## Producción técnica

### TRABAJOS TÉCNICOS

#### **Análisis de situación de la epidemia en Uruguay (2021-04-26) (2021)**

Asesoramiento

FARELLO, M.I., FEDERICO LECUMBERRY, ANDRES FERRAGUT, RADI, R., F. PAGANINI, MORDECKI, E., Gil González Julián, Cohen, H

Asesoramiento al gobierno uruguayo en relación a la epidemia de COVID-19 desde el Grupo Asesor Científico Honorario (GACH)

País: Uruguay

Idioma: Español

Ciudad: Montevideo

Disponibilidad: Irrestricada

Número de páginas: 23

Duración: 15 meses

Palabras clave: GACH Análisis de situación

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

Medio de divulgación: Internet

[https://medios.presidencia.gub.uy/lp\\_portal/2021/GACH/INFORMES/informe-modelos.pdf](https://medios.presidencia.gub.uy/lp_portal/2021/GACH/INFORMES/informe-modelos.pdf)

#### **Análisis de situación de la epidemia en Uruguay (2021-01-18) (2021)**

Asesoramiento

FARELLO, M.I., FEDERICO LECUMBERRY, MORDECKI, E., ANDRES FERRAGUT, F. PAGANINI, Juan Gil

Asesoramiento al gobierno uruguayo en relación a la epidemia de COVID-19 desde el Grupo Asesor Científico Honorario (GACH)

País: Uruguay

Idioma: Español

Ciudad: Montevideo

Disponibilidad: Irrestricada

Número de páginas: 9

Duración: 15 meses

Palabras clave: GACH Asesoría COVID19

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Medio de divulgación: Internet

[https://medios.presidencia.gub.uy/lp\\_portal/2021/GACH/INFORMES/analisis\\_situacion\\_final\\_18\\_01\\_21](https://medios.presidencia.gub.uy/lp_portal/2021/GACH/INFORMES/analisis_situacion_final_18_01_21)

#### **Análisis de situación de la epidemia en Uruguay (2020-12-12) (2020)**

Asesoramiento

FARELLO, M.I., FEDERICO LECUMBERRY, MORDECKI, E., ANDRES FERRAGUT, Juan Gil, F. PAGANINI, Javier Barreiro

Asesoramiento al gobierno uruguayo en relación a la epidemia de COVID-19 desde el Grupo Asesor Científico Honorario (GACH)

País: Uruguay

Idioma: Español

Ciudad: Montevideo

Palabras clave: GACH COVID19

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Medio de divulgación: Internet

[https://medios.presidencia.gub.uy/llp\\_portal/2020/GACH/INFORMES/expertos-modelos-ciencia-datos-estad](https://medios.presidencia.gub.uy/llp_portal/2020/GACH/INFORMES/expertos-modelos-ciencia-datos-estad)

**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

FARIELLO, 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: Irrestricta

Número de páginas: 21

Duración: 12 meses

Institución financiadora: Banco Interamericano de Desarrollo

Palabras clave: Ciencia de Datos Aprendizaje Automático

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería Eléctrica y Electrónica / Aprendizaje Automático

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

Computación e Información / Ciencia de Datos

Medio de divulgación: Internet

<https://www.gub.uy/ministerio-educacion-cultura/sites/ministerio-educacion-cultura/files/documentos/>

Los documentos intermedios se encuentran también disponibles en internet y están debidamente citados en el informe de cierre.

## OTRAS PRODUCCIONES

### CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

**Predicción genómica: desde regresiones lineales a redes neuronales (2024)**

FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Osva Montesinos , José Crossa

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Español

Tipo de participación: Organizador

Duración: 2 semanas

Lugar: Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

**Modelos Estocásticos en Genómica de Poblaciones (2019)**

FARIELLO, 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

**Primer Congreso CICADA (2025)**

FARIELLO, M.I. , ETCHEVERRY, L. , CABANA, A.

Congreso

Sub Tipo: Organización

Lugar: Uruguay ,Montevideo

Idioma: Español

Web: <https://eventos.udelar.edu.uy/event/6/>

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: CICADA: Centro Interdisciplinario de Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático, Udelar

Palabras clave: Ciencia de Datos Aprendizaje Automático Inteligencia Artificial Interdisciplinario

Areas de conocimiento:

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

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

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada /

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Físicas / Óptica, Acústica /

#### **MatmáticAs en el Conosur 2 (2024)**

FARIELLO, M.I. , EUGENIA ELLIS

Congreso

Sub Tipo: Organización

Lugar: Uruguay ,Montevideo

Idioma: Español

Duración: 1 semanas

Evento itinerante: SI

Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemáticas /

#### **Khipu: Latin American Meeting In Artificial Intelligence (2022)**

FARIELLO, M.I.

Congreso

Sub Tipo: Otra

Lugar: Uruguay ,Montevideo Montevideo

Idioma: Inglés

Medio divulgación: Internet

Web: <https://khipu.ai/>

Duración: 1 semanas

Evento itinerante: SI

Institución Promotora/Financiadora: Universidad de la República

Areas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería Eléctrica y Electrónica / Inteligencia Artificial

Información adicional: Participo de la comisión de comunicación y del comité local de organización.

#### **Primera escuela CICADA: Ciencia de Datos en acción ? «Eclósión de chicharras» (2022)**

FARIELLO, M.I.

Otro

Sub Tipo: Otra

Lugar: Uruguay ,Hotel La Capilla Punta del Este

Idioma: Español

Medio divulgación: Internet

Web: <https://cicada.uy/course/primera-escuela-cicada/>

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Universidad de la República

#### **The open dialogue on AI ethics - deliberación (2020)**

FARIELLO, 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 PROYECTOS

#### COMITÉ EVALUACIÓN DE PROYECTOS

##### Comité Fondo Clemente Estable ( 2025 )

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Matemática y Estadística "Prof. Ing. Rafael Laguardia", Uruguay

Cantidad: De 5 a 20



##### Comité Articulación Academia-Empresa ( 2024 )

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay

Cantidad: Menos de 5



##### Comité Vinculación con Científicos y Tecnólogos en el Exterior ( 2024 )

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Vinculación, Uruguay

Cantidad: Menos de 5



##### Comité Becas de Movilidad Tipo Capacitación ( 2023 / 2025 )

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay

Cantidad: Menos de 5



##### Comité Fondo María Viñas ( 2022 / 2025 )

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Fondo María Viñas, Uruguay

Cantidad: Menos de 5



##### Comité Posgrados Nacionales (Maestría / Doctorado) ( 2022 )

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de

Investigación e Innovación, Uruguay  
Cantidad: Menos de 5



## **EVALUACIÓN INDEPENDIENTE DE PROYECTOS**

### **Evaluación Proyecto ANII ( 2022 / 2025 )**

Uruguay  
Cantidad: De 5 a 20



### **Proyectos de Investigación Básica ( 2020 / 2021 )**

Perú  
FONDECYT- CONCYTEC, PERÚ  
Cantidad: Menos de 5

## **EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES**

### **COMITÉ EDITORIAL**

#### **PLoS ONE ( 2024 )**

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
Editora Asociada

### **REVISIONES**

#### **IPOL ( 2020 / 2020 )**

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5

#### **Genetica ( 2017 )**

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
1

#### **Scientific Reports ( 2017 )**

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
1 review

#### **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

**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

**PLOS ONE ( 2013 / 2019 )**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013 1 evaluación 2019

**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**

**Khipu ( 2025 )**

Revisiones

Chile

**CICADA ( 2025 )**

Comité programa congreso

Uruguay

Arbitrado

Universidad de la República

**Khipu: Latin American Meeting In Artificial Intelligence ( 2022 )**

Revisiones

Uruguay

Universidad de la República

**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 ( 2020 )**

Comité programa congreso

Uruguay

Arbitrado

RFoundation

**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.

#### **XXI Iberoamerican Congress on Pattern Recognition ( 2015 / 2016 )**

Revisiones  
Perú

Pontificia Universidad Católica del Perú  
revisión de 3 artículos

#### **XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition ( 2015 )**

Revisiones  
Uruguay

Facultad de Ingeniería, UdelaR  
5 revisiones

#### **Computational Immunology Research Camp ( 2015 )**

Comité programa congreso  
Uruguay

Organización del evento

### **EVALUACIÓN DE PREMIOS**

#### **Premio Bartolomé Hidalgo 2025 - Divulgación Académica ( 2025 )**

Evaluación de premios y concursos  
Uruguay

Cantidad: Menos de 5  
Cámara Uruguaya del Libro

#### **Premios a la labor literaria e Intelectual: Premio a Ensayo sobre investigación y difusión científica ( 2023 )**

Evaluación de premios y concursos  
Uruguay

Cantidad: Menos de 5  
Dirección Nacional de Cultura  
Evaluación de 4 obras editadas y dos inéditas.

#### **Premio MERCOSUR de Ciencia y Tecnología 2021/22 ( 2022 )**

Evaluación de premios y concursos  
Brasil

Cantidad: De 5 a 20  
Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de Brasil  
En la edición de 2021/22, la temática elegida es Tecnología de Asistencia, una rama de la ciencia que desarrolla sistemas capaces de simular el comportamiento humano, como la capacidad de razonamiento, el autoaprendizaje, el reconocimiento de patrones y la resolución de problemas. Los trabajos deben abordar, directa o indirectamente, una o más de las siguientes líneas vinculadas con la temática: a) Solución Digital como Tecnología de Asistencia; b) Innovación en Tecnología de Asistencia; c) Prototipos, Productos y Servicios de Tecnología de Asistencia; d) Tecnología de

## EVALUACIÓN DE CONVOCATORIAS CONCURSABLES

### Concurso de méritos para la provisión en efectividad de cargos docentes ( 2024 )

Comité evaluador

Uruguay

Cantidad: Menos de 5

Facultad de Ingeniería - Universidad de la República

He participado en numerosos tribunales de grado 1, 2 y 3 tanto como comisión asesora como tribunal del Instituto de Matemática y Estadística "Prof. Ing. Rafael Laguardia" y del Instituto de Computación.

### Becas Posgrado de la Comisión Académica de Posgrado de Udelar ( 2019 )

Evaluación independiente

Uruguay

Cantidad: Menos de 5

Universidad de la República

Evaluación de beca de finalización de posgrado en 2019 y en 2022

## JURADO DE TESIS

### Doctorado en Ciencias Agrarias ( 2024 )

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía / Comité Académico de Posgrados , Uruguay

Nivel de formación: Doctorado

Comité de seguimiento de Beatriz Carracelas.

### Maestría en Bioinformática ( 2023 )

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Bioinformática , Uruguay

Nivel de formación: Maestría

- Ignacio Naya. Buscando el maní perdido: estudio de la diversidad genética y estado de conservación de *Arachis hypogaea* en Uruguay. Lic. Ignacio Naya Tutoras: Dra. Magdalena Vaio; Dra. Luisa Berná Tribunal: Dra. Paola Gaiero, Dr. Marcio Moretzsohn, Dr. Pablo Smircich, Dra. María Inés Fariello

### Maestría en Ingeniería Eléctrica ( 2022 )

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Ingeniería Eléctrica , Uruguay

Nivel de formación: Maestría

- CorrG-RS: Sistemas de Recomendación basados en Redes Neuronales sobre Grafos de Correlación, estudiante Andrés Gomez Caram, tutores Germán Capdehourat Longres y Federico La Roca. 30/11/2022

### Biología ( 2019 / 2024 )

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / PEDECIBA , Uruguay

Nivel de formación: Doctorado

Jurado de defensa de Tesis: Genómica de los procesos de colonización en la región austral de Sudamérica . Estudiante Facundo Giorello, director Enrique Lessa 13/12/2019 Jurado de defensa de Tesis: Heterogeneidad ambiental, variabilidad intra-específica y coexistencia de especies tamaño dependiente: hacia una comprensión mecanicista de la relación diversidad - paisaje. Estudiante Lucía Rodríguez Tricot, director Matías Arim febrero/2023 - CAS de Camila Simoes. mayo/2023: Implementación de herramientas de aprendizaje automático para la identificación de genes asociados a enfermedades raras neurológicas. - CAS de Mariana Marchesano noviembre/2023: Ritmos circadianos en la población uruguaya

### Maestría Ciencias Agrarias ( 2017 )

Jurado de mesa de evaluación de tesis  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía ,  
Uruguay  
Fernando Líber 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 , 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 ,  
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**

#### **POSGRADO**

#### **Integración de datos genómicos y ambientales mediante aprendizaje profundo para selección genómica. (2023 - 2025)**

Tesis de maestria  
Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Departamento de  
Ingeniería / Ingeniería Eléctrica , Uruguay  
Programa: Maestría en Ciencias de la Ingeniería  
Tipo de orientación: Tutor único o principal  
Nombre del orientado: Ximena Fernández  
País: Uruguay  
Palabras Clave: predicción genómica embedding integración de datos multimodales aprendizaje  
profundo  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

#### **Detección de señales de selección en poblaciones mezcladas recientemente (2020 - 2021)**

**Trabajo relevante**

Tesis de maestria  
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de  
Desarrollo de las Ciencias Básicas / Bioinformática , Uruguay  
Programa: Maestría en Bioinformática  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , NAYA H )  
Nombre del orientado: Gastón Rijo  
País: Uruguay

#### **Análisis de componentes principales para datos genómicos en presencia de datos faltantes (2019 - 2021)**

Tesis de maestria  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto  
de Matemática y Estadística , Uruguay  
Programa: Maestría en Ingeniería Matemática  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , I. RAMÍREZ )  
Nombre del orientado: Gerardo Martínez  
País: Uruguay  
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 - 2021)**

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / PEDECIBA, Uruguay

Programa: Maestría en Ciencias Biológicas

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , MUSTO H )

Nombre del orientado: Diego Simón

País: Uruguay

Áreas de conocimiento:

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

#### **GRADO**

#### **Matemática en Procesamiento de Lenguaje Natural. (2023 - 2025)**

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / Licenciatura en Matemáticas, Uruguay

Programa: Análisis Matemático y Cálculo - Lic. en Matemáticas y Física

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , PAOLA BERMOLÉN )

Nombre del orientado: Christian Fachola

País: Uruguay

#### **ML-GenIA: Machine Learning para predicción genómica integrando información ambiental (2023 - 2024)**

Tesis/Monografía de grado

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

Programa: Ingeniería Eléctrica

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , Mateo Musitelli )

Nombre del orientado: Iván Abatte, Joaquín Ledesma, Santiago Sarachu

País: Uruguay

#### **PredGenIA: Transformers en Predicción Genómica (2022 - 2023)**

Tesis/Monografía de grado

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

Programa: Ingeniería Eléctrica

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY )

Nombre del orientado: Gracia Castro, Mateo Musitelli, Romina Hoffman

País: Uruguay

#### **Estadísticos F en Genética de Poblaciones (2022 - 2023)**

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / Centro de matemática, Uruguay

Programa: Licenciatura en Matemática

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Micaela Long

País: Uruguay

Palabras Clave: estructura de poblaciones estadísticos F genómica de poblaciones

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

#### **Técnicas de Aprendizaje Automático para Predicción Genómica (2020 - 2021) Trabajo relevante**

Tesis/Monografía de grado

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

Ingeniería Eléctrica, Uruguay  
Programa: Ingeniería Eléctrica  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY )  
Nombre del orientado: Guillermo Etchebarne, Juan Elenter e Ignacio Hounie  
País: Uruguay  
Cotutor Federico Lecumberry

#### **GENÉTICA DE POBLACIONES: Modelos estocásticos básicos (2016 - 2021)**

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: Uruguay  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

#### **Análisis y Visualización de la Evolución de Virus (2019 - 2019)**

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Ingeniería Eléctrica e Ingeniería en Computación , Uruguay  
Programa: Ingeniería  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , ETCHEVERRY, L. )  
Nombre del orientado: Federico Aicardi y Rodrigo Céspedes  
País: Uruguay  
Palabras Clave: Cotutores Lorena Etcheverry - Federico Lecumberry

#### **modelos evolutivos básicos desde el punto de vista probabilístico y de procesos estocásticos con aplicaciones a una población de virus.**

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

#### **OTRAS**

##### **The Bayesian Alphabet Strickes Again: GUT and GMUT**

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  
País: Uruguay  
Areas 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.**

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: Uruguay  
Areas 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

#### **PredGenLLM: Predicción Genómica basada en Grandes Modelos de Lenguaje (2025)**

Tesis de doctorado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Ingeniería Eléctrica , Uruguay

Programa: Doctorado en Ingeniería (Ingeniería Eléctrica)

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY , INES BERRO )

Nombre del orientado: Mateo Musitelli

País/Idioma: Uruguay,

Palabras Clave: Predicción genómica Aprendizaje automático Modelos de lenguaje grandes

Areas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Inteligencia Artificial

#### **Desarrollo de herramientas de aprendizaje estadístico para el análisis de la estructura genética de la población uruguaya (2024)**

Tesis de maestría

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

Programa: MSc in Mathematical Engineering

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Micaela Long

País/Idioma: Uruguay,

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

#### **Grandes Modelos de Lenguaje para la adjudicación de ancestría local en poblaciones humanas. (2024)**

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Maestría en Ingeniería Matemática , Uruguay

Programa: MSc in Mathematical Engineering

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY )

Nombre del orientado: Gonzalo Cameto

País/Idioma: Uruguay,

#### **Integración de datos genómicos y ambientales mediante aprendizaje profundo para selección genómica. (2024)**

Tesis de maestría

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

Programa: MSc in Mathematical Engineering

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , LUCIA SPANGENBERG )

Nombre del orientado: Graciana Castro

País/Idioma: Uruguay,

#### **Predicción genómica con redes neuronales basadas en grafos (2024)**

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Ingeniería Eléctrica , Uruguay

Programa: Maestría en Ingeniería Eléctrica

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY )

Nombre del orientado: Camilo Borba

País/Idioma: Uruguay,

Palabras Clave: Predicción genómica Grafos Desequilibrio de ligamiento

#### **Estudio de la prevalencia de mutaciones conocidas y la identificación de nuevas mutaciones**

#### **potencialmente patogénicas en la población uruguaya (2024)**

Tesis de maestría  
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Bioinformática , Uruguay  
Programa: Maestría en Bioinformática  
Tipo de orientación: Cotutor  
Nombre del orientado: Lucía Sosa  
País/Idioma: Uruguay,  
Palabras Clave: Scores de riesgo genómica

#### **Diseño de paisajes adaptativos de virus y su evolución (2021)**

Tesis de maestría  
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay  
Programa: Maestría en Bioinformática  
Tipo de orientación: Tutor único o principal  
Nombre del orientado: Franco Laureano  
País/Idioma: Uruguay, Español

### **TUTORÍAS PASAJE A DOCTORADO**

#### **POSGRADO**

#### **PredGenLLM: Predicción Genómica basada en Grandes Modelos de Lenguaje (2024 - 2025)**

Tesis de maestría  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Matemática y Estadística "Dr. Ing. Rafael Laguardia" , Uruguay  
Programa: Maestría en Ingeniería Matemática  
Tipo de orientación: Cotutor ( FARIELLO, M.I. , FEDERICO LECUMBERRY )  
Nombre del orientado: Mateo Musitelli  
País: Uruguay

## **Otros datos relevantes**

### **PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS**

#### **Investigador Grado 4 PEDECIBA (2025)**

(Nacional)  
PEDECIBA Matemáticas

#### **Quiero Ser Científica (2019)**

(Nacional)  
Organization for Women in Science for the Developing World  
Durante este año mentoré 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

**Beca de Posdoctorado (2013)**

(Nacional)

ANII

**Beca finalización de doctorado académico de docentes universitarios (2013)**

(Nacional)

CSIC

**PRESENTACIONES EN EVENTOS****Seminario del IMAL (2025)**

Seminario

Predicción genómica mediante aprendizaje profundo

Argentina

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 3

Nombre de la institución promotora: Universidad del Litoral

Alcance geográfico: Regional

**EduIA (2025)**

Congreso

A en la Educación Superior

Uruguay

Tipo de participación: Panelista

Carga horaria: 20

Nombre de la institución promotora: Ceibal

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: Educación Inteligencia Artificial Investigación

**Probabilistic Modeling in Genomics (2025)**

Congreso

Detecting selection in admixed populations using hapFLK

Estados Unidos

Tipo de participación: Poster

Carga horaria: 60

Nombre de la institución promotora: Cold Spring Harbor Laboratory

Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

**Probabilistic Modeling in Genomics (2024)**

Congreso

Detecting selection in admixed populations using haplotypic information

Austria

Tipo de participación: Poster

Carga horaria: 27

Nombre de la institución promotora: Universidad de Viena

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: admixture genética de poblaciones modelado probabilístico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de Poblaciones

**SMBE (2024)**

Congreso

Detecting selection in admixed populations using haplotypic information.

México

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 40

Nombre de la institución promotora: Society of Molecular Biology and Evolution

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: admixture selection footprint statistical test

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

En el simposio Exploring the Evolutionary Effects of Admixture

### **Plant and Animal Genome (2023)**

Congreso

Something old, something new, something borrowed: evaluation of different neural network architectures for genomic prediction

Estados Unidos

Tipo de participación: Poster

Carga horaria: 50

Nombre de la institución promotora: Scherago International.

Alcance geográfico: Internacional

### **SMBE (2023)**

Congreso

Deep learning for genomic prediction and tasks learned on the way.

Italia

Tipo de participación: Poster

Carga horaria: 38

Nombre de la institución promotora: Sociedad de Biología Molecular y Evolución

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: aprendizaje profundo predicción genómica

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aprendizaje Automático

### **2DA CUMBRE MUNDIAL DE COMISIONES DE FUTURO: La democracia del futuro en el contexto de evolución de la inteligencia artificial (2023)**

Encuentro

Moderadora de los talleres propuestos a los parlamentarios. Realización de la relatoría de los talleres.

Uruguay

Tipo de participación: Moderador

Carga horaria: 30

Nombre de la institución promotora: Cámara de representantes del Uruguay

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: Inteligencia Artificial Democracia

Taller 1: Anticipando posibles impactos de la evolución de la IA en distintos ámbitos de lo social y en particular en la democracia. Repensando el presente. Taller 2: Diseño de la gobernanza anticipatoria en los parlamentos, creación de capacidades y competencias internas. Taller 3:

Contribuciones a un ecosistema global de gobernanza anticipatoria. Declaración final y recomendaciones.

### **VII Jornadas de Estadística Aplicada (2023)**

Congreso

Aprendizaje Profundo en Predicción Genómica

Uruguay

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 24

Nombre de la institución promotora: CURE

Alcance geográfico: Regional Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aprendizaje Automático

### **Seminario del SINC(i) de la Universidad del Litoral (2023)**

Seminario

Predicción genómica mediante aprendizaje profundo

Argentina

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 2

Nombre de la institución promotora: Universidad del Litoral

Alcance geográfico: Regional Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aprendizaje Profundo

### **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

#### **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

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / 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

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Inteligencia Artificial

khipu.ai

#### **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

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / 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

Areas 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

Areas de conocimiento:

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**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

**Petit Pois Dérivé (2013)**

Congreso

Método basado en el score local aplicado a perdcas 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

**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

**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

**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

**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: Seleccion

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.

#### **JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS**

##### **Prédiction génomique de l'adaptation : développements statistiques et application au ravageur des cultures *Drosophila suzukii* (2025)**

Candidato: ZULEWSKI Lilou  
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado  
FARIELLO, M.I. , Xavier Bry, Laur`ene Gay , Carole Kerdelhue  
Ecole doctorale / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Université de Montpellier / Francia  
Sitio Web: <https://gaia.umontpellier.fr/>  
País: Francia  
Idioma: Francés

#### **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. Formo parte de CICADA (Centro Interdisciplinario en Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático) período 2020-2030 y del grupo de Probabilidad y Estadística.  
He formado parte además de la Comisión de Bioinformática de PEDECIBA de la Comisión de Difusión e Imagen del IMERL, participado en la comisión asesora de varios llamados tanto del IMERL, como del INCO. Participé además del evento Ingeniería de Muestra durante varias ediciones, día de las Niñas en TIC y varios eventos de difusión y divulgación de las matemáticas y la Inteligencia Artificial, reivindicando el rol de la mujer en las áreas STEM.

#### **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**

<b>ACTIVIDADES</b>	<b>42</b>
<b>Líneas de investigación</b>	<b>6</b>
<b>Proyectos Investigación Desarrollo</b>	<b>10</b>
<b>Docencia</b>	<b>8</b>
<b>Extensión</b>	<b>4</b>
<b>Gestión Académica</b>	<b>8</b>

<b>Servicio Técnico Especializado</b>	1
<b>Pasantía</b>	3
<b>Actividad Honoraria</b>	2
<b>PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>36</b>
<b>Artículos publicados en revistas científicas</b>	14
Completo	14
<b>Trabajos en eventos</b>	14
<b>Documentos de trabajo</b>	7
Completo	7
<b>Preprints</b>	1
<b>PRODUCCIÓN TÉCNICA</b>	<b>16</b>
<b>Trabajos técnicos</b>	4
<b>Otros tipos</b>	12
<b>EVALUACIONES</b>	<b>38</b>
<b>Evaluación de proyectos</b>	8
<b>Evaluación de eventos</b>	9
<b>Evaluación de publicaciones</b>	12
<b>Evaluación de convocatorias concursables</b>	2
<b>Jurado de tesis</b>	7
<b>FORMACIÓN RRHH</b>	<b>22</b>
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</b>	14
Otras tutorías/orientaciones	2
Tesis/Monografía de grado	8
Tesis de maestría	4
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</b>	7
Tesis de maestría	6
Tesis de doctorado	1
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones con pasaje a doctorado</b>	1
Tesis de maestría	1