



MARÍA INÉS FARIELLO
RICO

PhD

fariello@fing.edu.uy

Enrique Muñoz 1096 ap 10
2
099245544

SNI

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

Fecha de publicación: 19/09/2018
Última actualización SNI: 19/09/2018

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

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

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

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

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

Teléfono: (598) 2711 44 62 / 122

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

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

SEVAB (2010 - 2013)

Universtié Paul Sabatier , Francia

Título de la disertación/tesis: 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: <https://www.dropbox.com/s/cxcnldsspciern/Farielloetal2013.pdf>

Institución financiadora: 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: 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: [Toulouse, Francia](https://www.math.univ-toulouse.fr/~magali.sancristobal/)

Institución financiadora: Institut de Mathématiques de Toulouse , Francia

Areas de conocimiento:

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

GRADO

Licenciatura en Matemática (2002 - 2007)

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

Título de la disertación/tesis: Modelos aleatorios en Genética de Poblaciones: Estimación de parámetros de mutación.

Tutor/es: Gustavo Guerberoff

Obtención del título: 2007

Areas 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

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

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay
15 horas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Modelado de datos

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

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay
12 horas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Didáctica de la matemática

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

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

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

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

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

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

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

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

Análisis Convexo (01/2009 - 01/2009)

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

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

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

, Uruguay

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

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

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

Seminario de Probabilidad y Estadística (2013)

Tipo: Seminario

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

Presentación de resultados de investigación en inglés (2012)

Tipo: Taller

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

Journal Club (2012)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Mathematical Department, Austria

Zotero y la gestión de referencias bibliográficas (2011)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Universidad de Toulouse, Francia

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

Tipo: Seminario

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

Redacción Científica en Inglés (2011)

Tipo: Taller

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

Seminario de Biomatemática (2010)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: INRA, Toulouse, Francia

Seminario de Departamento (2010)

Tipo: Seminario

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

Seminario de Estadística (2009)

Tipo: Seminario

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

Seminario de Aprendizaje Automático (2008)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Facultad de Ingeniería, Uruguay

Cadenas de Markov (2006)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: CMAT, Facultad de Ciencias, Uruguay

Seminario de Partículas (2005)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Facultad de Ciencias, Uruguay

Idiomas

Portugués

Entiende bien / Habla regular / Lee bien /

Alemán

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

Inglés

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

Francés

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

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/PÚBLICO - UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA - URUGUAY

Facultad de Ingeniería - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

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

Asistente ,35 horas semanales / Dedicación total

Escalafón: Docente

Grado: Grado 2

Cargo: Efectivo

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

Asistente ,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)

Docente ,20 horas semanales

Materias dictadas en el período (prácticos): Álgebra lineal I y II, Cálculo I, II y III, Cálculo I anual

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

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

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

5 horas semanales

IMERL, Laboratorio de Probabilidad y Estadística, Coordinador o Responsable

Equipo:

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

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

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

10 horas semanales

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:2

Financiación:

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

Equipo: F LECUMBERRY (Responsable)

DOCENCIA

Ingeniería Civil (03/2015 - 07/2015)

Grado

Asistente

Asignaturas:

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

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

OTRA ACTIVIDAD TÉCNICO-CIENTÍFICA RELEVANTE

(03/2014 - 07/2014)

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)
4 horas semanales

(03/2009 - 03/2009)

Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)
8 horas semanales

GESTIÓN ACADÉMICA

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

PEDECIBA, Matemáticas
Participación en consejos y comisiones
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

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

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

Institut Pasteur de Montevideo

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (12/2015 - a la fecha)

,30 horas semanales

Becario (12/2013 - 11/2015)

Postdoctorado ,35 horas semanales

Becario (11/2011 - 03/2013)

,40 horas semanales

Becario (12/2012 - 02/2013)

,40 horas semanales

Becario (12/2010 - 01/2011)

,40 horas semanales

Becario (07/2010 - 09/2010)

,40 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Genoma Humano (04/2014 - a la fecha)

En el marco de esta línea de investigación se secuenciarán 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, comenzando por un trío aleatorio (en marcha), seguido por un conjunto de 10 individuos con ascendencia indígena, luego 10 de origen africano y culminando con 30 de la población uruguaya general.

25 horas semanales

IPMont, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: NAYA H., SPANGENBERG L.

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 - a la fecha)

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.

10 horas semanales

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

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

PASANTÍAS

(01/2011 - 01/2011)

40 horas semanales

(07/2010 - 12/2010)

40 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - FRANCIA

Institut National de Recherche Agronomique

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (09/2014 - 10/2014)

Pasa, 40 horas semanales

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

Beca de Doctorado, 37 horas semanales / Dedicación total

En este laboratorio realicé mi tesis de doctorado.

Becario (03/2010 - 06/2010)

,40 horas semanales / Dedicación total

Pasantía realizada como parte de la maestría en Probabilidad y Estadística.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

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

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

37 horas semanales , Integrante del equipo
Equipo:

PASANTÍAS

(09/2014 - 10/2014)

INRA, Toulouse, Genphyse
40 horas semanales

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

Facultad de Ciencias - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (08/2005 - 12/2009)

Docente ,20 horas semanales
Cursos dictados (prácticos): Matemática I y II, Álgebra lineal I para física, Bioestadística, Ecuaciones diferenciales
Escalafón: Docente
Grado: Grado 1
Cargo: Interino

ACTIVIDADES

DOCENCIA

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

Grado
Asistente
Asignaturas:

Matemática I, 3 horas, Práctico
Matemática II, 3 horas, Práctico
Álgebra Lineal I para física, 3 horas, Práctico
Bioestadística, 3 horas, Práctico
Ecuaciones diferenciales, 2 horas, Práctico

GESTIÓN ACADÉMICA

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

Centro de Matemáticas
Gestión de la Enseñanza

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA - URUGUAY

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

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (06/2008 - 08/2009)

,20 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

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

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

DOCENCIA

(06/2008 - 06/2008)

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

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

Instituto Universitario Autónomo del Sur - Facultad de Ingeniería

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

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

Responsable de Probabilidad y Estadística ,6 horas semanales

ACTIVIDADES

DOCENCIA

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

Grado
Responsable
Asignaturas:
Probabilidad y Estadística, 6 horas, Teórico-Práctico

SECTOR ENSEÑANZA TÉCNICO-PROFESIONAL/SECUNDARIA/PÚBLICO - ADMINISTRACIÓN

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: 15 horas
Carga horaria de investigación: 35 horas
Carga horaria de formación RRHH: 5 horas
Carga horaria de extensión: Sin horas
Carga horaria de gestión: Sin 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

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. IRIGOIN, J.L. BADANO

Scientific Reports, v.: 8 1, 2018

Palabras clave: Kinesin 1

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 20452322

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

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

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

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

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

Palabras clave: linkage disequilibrium Population Genomics Local Score Detecting Selection

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet
ISSN: 09621083
DOI: [10.1111/mec.14141](https://doi.org/10.1111/mec.14141)
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mec.14141/full>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

GIANOLA, D. , FARIELLO, M.I. , NAYA H. , SCHÖN, C.
G3: Genes | Genomes | Genetics , 2016
Palabras clave: GWAS genomic relationship heritability whole-genome regression
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Modelos lineales
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Estados Unidos
ISSN: 21601836
DOI: [10.1534/g3.116.034256](https://doi.org/10.1534/g3.116.034256)
<http://www.g3journal.org/content/early/2016/08/11/g3.116.034256.abstract>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

PITEL F , RECOQUILLAY J , ARNOULD C , LEROUX S , DEHAIS P , MORENO, C. , CALANDREAU L , BERTIN A , GOURICHON D , BOUCHEZ O , VIGNAL A , FARIELLO, M.I. , MINVIELLE F , BEAUMONT C , LETERRIER C , LE BIHAN-DUVAL E
BMC Genomics, v.: 16 10 , 2015
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Genómica
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 14712164
DOI: [10.1186/s12864-014-1210-9](https://doi.org/10.1186/s12864-014-1210-9)
<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/16/10/abstract>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

PIZZO L , FARIELLO, M.I. , LEPANTO P. , AGUILAR P.S. , 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
DOI: [10.1016/j.mcp.2014.02.004](https://doi.org/10.1016/j.mcp.2014.02.004)
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0890850814000115>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Selection signatures in worldwide Sheep populations (Completo, 2014)

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
ISSN: 19326203
DOI: [10.1371/journal.pone.0103813](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0103813)
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0103813>
The diversity of populations in domestic species offers great opportunities to study genome response to selection. The recently published Sheep HapMap dataset is a great example of characterization of the world wide genetic diversity in sheep. In this study, we re-analyzed the Sheep HapMap dataset to identify selection signatures in worldwide sheep populations. Compared to previous analyses, we made use of statistical methods that (i) take account of the hierarchical structure of sheep populations, (ii) make use of linkage disequilibrium information and (iii) focus specifically on either recent or older selection signatures. We show that this allows pinpointing several new selection signatures in the sheep genome and distinguishing those related to modern breeding objectives and to earlier post-domestication constraints. The newly identified regions, together with the ones previously identified, reveal the extensive genome response to selection on morphology, color and adaptation to new environments.
Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

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

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

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

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

Scopus'

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

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

Completo

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

Evento: Internacional

Descripción: XX CIARP

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2015

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

Volumen:1

Página inicial: 11

Página final: 18

Editorial: Springer

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

[https://books.google.com.uy/books?](https://books.google.com.uy/books?id=MwLOCgAAQBAJ&pg=PA227&dq=Progress+in++pattern+recognition+CIARP)

[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)

Completo

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

Evento: Internacional

Descripción: World Congress of Genetics Applied to Livestock Production

Ciudad: Vancouver

Año del evento: 2014

Anales/Proceedings:Methods and Tools

Publicación arbitrada

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

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

[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)

Completo

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

Evento: Internacional

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

Ciudad: Vancouver
Año del evento: 2014
Anales/Proceedings: Proceedings
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Detección de selección
Medio de divulgación: Internet
https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/670_paper_8971_manuscript_346_0.pdf?sfvrsn=2

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

Resumen
FARIELLO, M.I.

Evento: Nacional
Descripción: Petit Pois Déridé
Ciudad: Marseille
Año del evento: 2013
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /
Medio de divulgación: Papel
<http://ppd.imbe.fr/Local-score-based-method-on-pool.html>

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

Resumen expandido
FARIELLO, M.I.

Evento: Nacional
Descripción: 11ème forum des jeunes mathématicien-ne-s
Ciudad: Toulouse
Año del evento: 2011
Áreas 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)

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

Evento: Internacional
Descripción: VII Congreso Latinoamericano de Estadística
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2008
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /
Medio de divulgación: CD-Rom
<http://www.iesta.edu.uy/clatse/index.php>

Producción técnica

Otras Producciones

ORGANIZACIÓN DE EVENTOS

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

M FONTES, FARIELLO, M.I., A. BORDERÍA, G. MORATORIO
Congreso
Sub Tipo: Otra
Lugar: Uruguay, La Capilla Punta del Este
Idioma: Inglés

Medio divulgación: Internet

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

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Reconocimiento de patrones

Información adicional: Este congreso fue en realidad un campamento de investigación. Se presentaron 4 juegos de datos y durante dos días y medio investigadores en biología y matemática aplicada trabajaron juntos para responder ciertas preguntas que quienes presentaron los datos tenían. Este congreso dio lugar a colaboraciones que se están gestando, ya que el trabajo en esos días fue el inicio de distintas colaboraciones entre investigadores de Uruguay y el Mundo.

THE PRECISION MEDICINE REVOLUTION (2015)

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

Congreso

Sub Tipo: Otra

Lugar: Uruguay ,Auditorio de Antel Montevideo

Idioma: Inglés

Medio divulgación: Internet

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

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur / ANII

Areas de conocimiento:

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

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

Este evento siguió el formato de las charlas TED.

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

REVISIONES

Scientific Reports (2017)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 review

Genetica (2017)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1

Molecular Biology and Evolution (2016)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 en 2016

Molecular Ecology Resources (2015)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

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

Journal of Theoretical Biology (2015)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

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

Molecular Ecology (2013 / 2014)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013, 2 evaluaciones en 2014

PLOS ONE (2013)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013

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

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013 1 evaluación 2016 y sus dos posteriores re-evaluaciones

Heredity (2012)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2012

BMC Genetics Selection Evolution (2011)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2011

EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS

XXI Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2016)

Revisiones

Perú

Pontificia Universidad Católica del Perú

revisión de 3 artículos

Computational Immunology Research Camp (2015)

Comité programa congreso

Uruguay

Organización del evento

XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2015)

Revisiones

Uruguay

Facultad de Ingeniería, UdelaR

5 revisiones

JURADO DE TESIS

Maestría Ciencias Agrarias (2017)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

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

Fernando 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 - UDeLaR, Uruguay

Nivel de formación: Grado

Evaluación de pasantía de la licenciatura en estadística de los estudiantes Bruno Fonseca y

Sebastián Gadea

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

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

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

OTRAS

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

Otras tutorías/orientaciones
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Nicolás Frioni
País/Idioma: Uruguay, Español
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

GRADO

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

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

GENÉTICA DE POBLACIONES: Modelos estocásticos básicos (2016)

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

OTRAS

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

Otras tutorías/orientaciones
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Tipo de orientación: Tutor único o principal

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

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

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

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

Posdoctorado (2016)

(Nacional)
PEDECIBA

Investigador Grado 3 (2014)

(Nacional)
PEDECIBA Matemáticas

Beca finalización de doctorado académico de docentes universitarios (2013)

(Nacional)
CSIC

Beca de Posdoctorado (2013)

(Nacional)
ANII

PRESENTACIONES EN EVENTOS

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

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

RLadies MVD (2017)

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

Probabilistic modeling in Genomics (2017)

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

Jornada de Bioestadística (2016)

Encuentro
Darwin en el país de las matemáticas
Argentina
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 10
Nombre de la institución promotora: Universidad Nacional del Litoral

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

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

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

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

XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition (2015)

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

III Jornadas de Estadística Aplicada (2015)

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

II Jornadas de Estadística Aplicada (2014)

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

Ciclo de Seminarios (2014)

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

Seminario de Probabilidad y Estadística (2014)

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

WCGALP (2014)

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

II Jornadas de Estadística Aplicada (2014)

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

Petit Pois Déridé (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

Mathematical and Computational Evolutionary Biology (2013)

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

Journée de l'école doctorale SEVAB (2012)

Encuentro

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

Conférence Jaques Monod (2012)

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

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

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

Forum des jeunes mathématiciennes (2011)

Congreso
Détection de locus sous sélection dans des populations hiérarchiquement structurées, à l'aide de marqueurs SNP denses.
Francia
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Universidad Paul Sabatier
Palabras Clave: Selecccion
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

III Jornadas de Ingeniería Matemática (2010)

Encuentro
Método estadístico de detección de selección, mediante clustering local de haplotipos.
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 24
Nombre de la institución promotora: Facultad de Ingeniería 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 más de 60 años para trasplante.
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias Económicas.

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.

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	13
Artículos publicados en revistas científicas	7
Completo	7
Trabajos en eventos	6
Otros tipos	2
PRODUCCIÓN TÉCNICA	2
EVALUACIONES	16
Evaluación de eventos	3
Evaluación de publicaciones	10
Jurado de tesis	3
FORMACIÓN RRHH	4
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	1
Otras tutorías/orientaciones	1
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	3
Otras tutorías/orientaciones	1
Tesis/Monografía de grado	2