



**MARÍA LUCÍA SPANGENBERG TORRE**

Master

[lucia83@gmail.com](mailto:lucia83@gmail.com)

**SNI**

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información  
Categorización actual: Nivel I (Activo)

Fecha de publicación: 05/10/2018  
Última actualización SNI: 05/10/2018

## Datos Generales

### INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Institut Pasteur de Montevideo/ Institut Pasteur de Montevideo / Uruguay

### DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas  
Dirección: Mataojo 2020 / 11400 / Montevideo, Montevideo, Uruguay  
Teléfono: (00582) 5220910  
Correo electrónico/Sitio Web: [lucia@pasteur.edu.uy](mailto:lucia@pasteur.edu.uy) <http://www.pasteur.edu.uy/>

## Formación

### Formación académica

#### CONCLUIDA

##### DOCTORADO

###### PEDECIBA BIOLOGIA (2011 - 2013)

Institut Pasteur de Montevideo - Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay  
Título de la disertación/tesis: Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación y autorenovación de las células madre adultas  
Tutor/es: Bruno Dallagiovanna  
Obtención del título: 2014  
Institución financiadora: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay  
Palabras Clave: Bioinformática células madre transcriptómica  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

##### MAESTRÍA

###### (2007 - 2009)

Eberhard Karls Universität Tübingen, Alemania  
Título de la disertación/tesis: Algorithms for the comparative analysis of ChIP-chip, ChIP-Seq and expression data  
Tutor/es: Dr. Kay Nieselt, Prof. Dr. Med Carsten Müller-Tidow  
Obtención del título: 2009  
Palabras Clave: ChIP-chip ChIP-seq NGS  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

##### GRADO

###### (2003 - 2007)

Universitat Tuebingen (Eberhard-Karls), Alemania  
Título de la disertación/tesis: Exploration of signal transduction networks  
Tutor/es: Prof. Dr. Andreas Zell, Dr. Jochen Supper  
Obtención del título: 2007  
Palabras Clave: Bow tie signal transduction  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la

## Formación complementaria

### CONCLUIDA

#### POSDOCTORADOS

##### **genomica humana (2014 - 2017)**

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay  
Palabras Clave: genomica genomica medica  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

#### CURSOS DE CORTA DURACIÓN

##### **Introduction to Genetics and Evolution (01/2016 - 01/2016)**

Sector Extranjero/Internacional/Enseñanza superior / Duke University , Estados Unidos  
Palabras Clave: evolution genetics  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

##### **Taller de internacionalización (01/2016 - 01/2016)**

Sector Gobierno/Público / Ministerio de Industria, Energía y Minería / Ministerio de Industria, Energía y Minería , Uruguay  
16 horas  
Palabras Clave: internacionalizacion  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / bioinformatica

##### **Working with the Human Genome Sequence (01/2014 - 01/2014)**

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Wellcome Trust , Inglaterra  
40 horas  
Palabras Clave: Bioinformatics Human genome Online tools  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /

##### **Data Analysis and Statistical Inference (01/2014 - 01/2014)**

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Duke University , Estados Unidos  
40 horas  
Palabras Clave: Inference R programming  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

##### **Workshop on post-transcriptional regulation in Eukaryotes (01/2013 - 01/2013)**

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institu Oswaldo Cruz , Brasil  
30 horas  
Palabras Clave: Stem cell differentiation post-transcriptional regulation NGS  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /

##### **Métodos Estadísticos para Predicción Genómica (01/2012 - 01/2012)**

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay  
Palabras Clave: estadistica prediccion genomica  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la

Información y Bioinformática /

**Curso de estadística de datos longitudinales (01/2011 - 01/2011)**

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

Palabras Clave: datos longitudinales

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad /

**Escuela Latinoamericana de Genética Humana y Médica (01/2011 - 01/2011)**

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Rede latino americana de genetica humana , Brasil  
40 horas

Palabras Clave: Genética humana

**Taller de Genomica: desde los microarrays al secuenciado masivo (01/2009 - 01/2009)**

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

25 horas

Palabras Clave: genomica

Areas de conocimiento:

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

**Citometria de flujo (01/2009 - 01/2009)**

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

6 horas

Areas de conocimiento:

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

**PARTICIPACIÓN EN EVENTOS**

**Pasantía en Bioinformática en Eberhardt Karls Universität (2011)**

Tipo: Otro

Institución organizadora: PEDECIBA - Bioinformática, Alemania

Palabras Clave: Bioinformática Genómica evolutiva

Areas de conocimiento:

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

**Seminario de bioinformática aplicada (2006)**

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Univarsität Tübingen, Alemania

Palabras Clave: multiple sequence alignment

Areas de conocimiento:

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

## Idiomas

**Alemán**

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

**Inglés**

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

**Portugués**

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

## Áreas de actuación

### CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

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

## Actuación profesional

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

Institut Pasteur de Montevideo

### VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

#### Funcionario/Empleado (04/2014 - a la fecha)

Post doc ,40 horas semanales

#### Becario (03/2011 - 12/2013)

Estudiante de doctorado ,30 horas semanales

#### Otro (10/2009 - 03/2011)

Cargo por proyecto ,40 horas semanales / Dedicación total

### ACTIVIDADES

#### LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

##### Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación de las células madre adulta mesequimales (07/2010 - a la fecha)

En el marco de mi doctorado se estudiarán los mecanismos de diferenciación y de autorrenovación de las células madre mesenquimales con tecnologías del tipo NGS. Hasta el momento, nos centramos mayormente en el meta-análisis e integración de datos; analizamos datos bajados de repositorios públicos y los integramos con el fin de sacar conclusiones de diferentes mecanismos de diferenciación.

10 horas semanales

IPMon, Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , B. DALLAGIOVANNA , A. CORREA

Palabras clave: Stem cell differentiation NGS SOLiD

Áreas de conocimiento:

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

##### Perfiles moleculares del cáncer de mama (01/2011 - a la fecha)

Se estudian los perfiles moleculares de pacientes con cáncer de mama de origen latinoamericano. La expresión génica se determina mediante microarrays de Agilent. Este proyecto se encuentra en el marco de una colaboración con varios países latinoamericanos y el NCI de USA.

10 horas semanales

NCI, Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , CAYOTA , G. GREIF , USLACRN

Palabras clave: Microarrays cancer de mama

Áreas de conocimiento:

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

##### 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, indels, CNV) características de nuestra población. Se caracterizarán varios subgrupos poblacionales, comenzando por un trío aleatorio (en marcha), seguido por un

conjunto de 10 individuos con ancestría indígena, luego 10 de origen africano y culminando con 30 de la población uruguaya general. Una vez culminada esta etapa, se escogerá una enfermedad relevante para el país, y se secuenciarán 30 genomas con este fenotipo. Esta información proporcionará posibilidades de estudios subsiguientes, sobre todo en el área de la antropología biológica, bioinformática, farmacogenómica, etc.

40 horas semanales

IP Mon, Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , FARIELLO M

Palabras clave: genoma humano secuenciación masiva descubrimiento de SNPs y variantes

Áreas de conocimiento:

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

#### **Incorporación de incertidumbre filogenética en el método comparativo BPMM (10/2009 - 12/2013 )**

Se está desarrollando una herramienta para incorporar la incertidumbre filogenética al método comparativo a través de modelos mixtos con enfoques bayesianos. Dicho método permite estimar correlaciones de caracteres teniendo en cuenta las relaciones filogenéticas entre organismos. Se incorpora la incertidumbre de la reconstrucción del árbol filogenético en la estimación de los parámetros a través del promediado de modelos bayesianos ("bayesian model averaging", BMA). Con el lenguaje estadístico R se implementaron scripts para la manipulación y análisis de los datos y para la estimación de los parámetros. Actualmente se está desarrollando una interfaz gráfica en Java para integrar las distintas herramientas, facilitar el uso a usuarios que no dominan el scripting y agregar herramientas de diagnóstico.

5 horas semanales

IP Mon, Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , N. REGO , HECTOR ROMERO , CAMARGO A

Palabras clave: Phylogenetic mixed models

Áreas de conocimiento:

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

#### **Diseño de microarrays (04/2010 - 12/2012 )**

Diseño de microarrays para el estudio del efecto de drogas en enfermedades descuidadas. Se está interesado en determinar el efecto de fármacos sobre la expresión de genes en el *Tripanosoma cruzi*, *brucei* y *Leishmania major*. Con este fin se diseñaron "custom microarrays" de expresión de Agilent utilizando la herramienta online eArray.

20 horas semanales

IP Mon, Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , C. ROBELLO , G. GREIFF , SPANGENBERG L

Palabras clave: microarrays design

Áreas de conocimiento:

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

#### **Desarrollo de software para el análisis de datos obtenidos de citómetros de flujo high throughput (10/2009 - 04/2010 )**

El citómetro de flujo absorbe muestras de células en un fluido, las aísla, las excita a través de varios lasers y mide los efectos de las células sobre la luz. De acuerdo a las dispersiones y fluorescencias de los lasers se pueden derivar características de las células, como ser tamaño, complejidad, anticuerpos, etc. Citómetro de flujo de alto rendimiento (high throughput) combina a los citómetros de flujo con instrumental robótico para su manipulación, permitiendo realizar cientos de miles de análisis por día. La vasta cantidad de información obtenida por esta técnica es actualmente manejada con productos proporcionados por los fabricantes del citómetro de flujo utilizado, lo cual condiciona los procedimientos de análisis a las funcionalidades provistas por los mismos. El objetivo principal de este proyecto es desarrollar una plataforma de software open source en Java para almacenar, visualizar, manipular y estudiar la información proveniente de citómetros de flujo de alto rendimiento.

15 horas semanales

IP Mon, Unidad de Bioinformática , Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA , T. FERNÁNDEZ , EWELINA BAKALA

Áreas de conocimiento:

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

#### **Uso de codones tejido específico en humanos (10/2009 - 04/2010 )**

Codones sinónimos no son usados con la misma frecuencia en todos los organismos. El sesgo del uso de codones ha sido asociado con la regulación génica, el plegado y la función de proteínas. Codones raros por ejemplo generan pausas durante la translación, las cuales son necesarias para el correcto plegado de las proteínas. Existen estudios que avalan que genes expresados en distintos tejidos pueden ser clasificados solamente por su uso de codones. Esto sugiere la existencia de una fuerza selectiva sobre el uso de codones tejido específico. Sin embargo esta idea no ha sido completamente aceptada en la comunidad científica. El tema permanece, por lo tanto, en debate. Con las grandes cantidades de nuevos datos publicados en la web la idea es describir los patrones de uso de codones tejido específico y descubrir las fuerzas selectivas detrás de este fenómeno. El análisis se basa en datos de microarreglos y la herramienta principal para el análisis es el lenguaje estadístico R. Para guardar y manejar la gran cantidad de datos se realizó una base de datos SQL.

5 horas semanales  
IPMon, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA, T. FERNÁNDEZ

Áreas de conocimiento:

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

#### **Anotación del genoma mitocondrial del tomate (01/2010 - 03/2010)**

El objetivo de este proyecto es utilizando las tecnologías "next generation" de secuenciado masivo anotar el genoma mitocondrial del tomate. El mismo es particular, ya que contiene, por un lado, intrones y por otro presenta estructuras cíclicas, denominadas "Master Cycles". Los reads obtenidos con la tecnología 454 de Roche se ensamblaron formando contigs. A su vez, se secuenció en el laboratorio del Instituto de Biotecnología INTA de Argentina, el genoma mitocondrial del tomate de la forma tradicional (método Sanger), generando otros varios contigs. El objetivo principal es obtener un mapa completo del genoma a partir de estos datos.

5 horas semanales

IPMon, Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: H. NAYA, N. REGO, MARIANA CONTE

Áreas de conocimiento:

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

#### **PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO**

##### **BIOESPINN (12/2014 - a la fecha)**

Se obtuvo una beca de pre-incubación para una start-up que se desarrollará en el marco del convenio BIOESPINN entre el Institut Pasteur de Montevideo y la ANII. La pre-incubación es de un período de 6 meses recibiendo un total de 6000 dólares.

10 horas semanales

ANII, Unidad de Bioinformática

Desarrollo

Coordinador o Responsable

En Marcha

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: SPANGENBERG E, J. P. BANCHERO

Palabras clave: BIOESPINN

Áreas de conocimiento:

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

##### **GenLives (07/2015 - a la fecha)**

Se obtuvo el apoyo de la BIOESPINN para la incubación de la empresa GenLives creada en 2014, preincubada en BIOESPINN. La empresa se dedica a los servicios genómicos.

10 horas semanales

Desarrollo

Coordinador o Responsable

En Marcha

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: H. NAYA, SPANGENBERG E, J. P. BANCHERO, RAGGIO V

Palabras clave: genómica

Áreas de conocimiento:

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

## DOCENCIA

### PEDECIBA - Maestría en Bioinformática (06/2014 - a la fecha)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Bioinformática 1 (Algoritmos de la bioinformática), 6 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

### Institut Pasteur (03/2016 - 04/2016 )

Especialización

Responsable

Asignaturas:

Human Genome Tour 2016, 9 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

### Institut Pasteur (12/2014 - 12/2014 )

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Hands-on course on High-Throughput Sequencing data analysis, 40 horas

Areas de conocimiento:

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

### PEDECIBA - Maestría en Bioinformática (06/2010 - 09/2013 )

Maestría

Asistente

Asignaturas:

Bioinformática 1 (Algoritmos de la bioinformática), 6 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

### PEDECIBA - Maestría en Bioinformática (12/2010 - 12/2010 )

Especialización

Asistente

Asignaturas:

INTRODUCCIÓN A LA GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA EN SALTO, 16 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

### Maestría por PEDECIBA (10/2010 - 10/2010 )

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Computational Methods for Next-generation Sequencing Data and Transcriptomics, 30 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

## SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - BRASIL

Instituto Carlos Chagas

[VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN](#)

**Colaborador (09/2010 - a la fecha)**

Colaboradora en el marco de mi tesis de docto ,4 horas semanales

**Becario (03/2010 - 09/2010)**

,4 horas semanales

**ACTIVIDADES**

**PASANTÍAS**

**(09/2010 - a la fecha)**

ICC-Fiocruz, Laboratorio de Biología Basica de Células-Tronco, PR

4 horas semanales

Areas de conocimiento:

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

**SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PRIVADO - UNIVERSIDAD ORT URUGUAY - URUGUAY**

Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería

**VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

**Funcionario/Empleado (08/2017 - 12/2017)**

Docente Bioinfo 1 ,4 horas semanales

**Funcionario/Empleado (08/2014 - 12/2014)**

Docente de bioinformática II ,4 horas semanales

**Funcionario/Empleado (03/2014 - 08/2014)**

docente de bioinformática I ,4 horas semanales

**Funcionario/Empleado (03/2012 - 08/2012)**

Docente de bioinformática I ,4 horas semanales

**ACTIVIDADES**

**DOCENCIA**

**Ingeniería en Sistemas (03/2014 - a la fecha)**

Grado

Asistente

Asignaturas:

Bioinformática 1, 4 horas, Teórico-Práctico

Bioinformática 2, 4 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

**Ingeniería en Sistemas (03/2012 - 08/2012)**

Grado

Asistente

Asignaturas:

Bioinformática 1, 4 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

**SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - BRASIL**



# Universidad Federal da Bahia

## VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

**Colaborador (11/2012 - 04/2015)**

,4 horas semanales

## ACTIVIDADES

### PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

**INVESTIGAÇÃO DOS MECANISMOS GENÉTICOS E MOLECULARES EM BIOFILMES DE LEPTOSPIRA (11/2012 - a la fecha)**

Los biofilmes son considerados como el principal modo de vida de procariotas y participan en la patogenicidad de varias enfermedades infecciosas. Los mecanismos genéticos de la producción de biofilmes y su regulación son conocidos para algunas bacterias, sin embargo poco se sabe de los mismos en *Leptospira*. Este proyecto intenta aportar en la dilucidación de los mecanismos responsables de la formación y regulación de biofilm en *Leptospira*.

4 horas semanales

UFBA, Biología Molecular

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Financiación:

CAPES/CNPq/MEC, Brasil, Apoyo financiero

Equipo:

Palabras clave: biofilm

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

### DOCENCIA

**(05/2013 - 05/2013)**

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Herramientas bioinformáticas para el análisis de expresión génica, 30 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

**(11/2012 - 11/2012)**

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Herramientas bioinformáticas para el análisis de expresión génica, 40 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

### SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ALEMANIA

Universitat Tuebingen (Eberhard-Karls)

## VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

**Colaborador (02/2011 - 03/2011)**

Investigador ,40 horas semanales

**Funcionario/Empleado (12/2007 - 06/2008)**

Ayudante de cátedra ,10 horas semanales

## ACTIVIDADES

### LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

#### Desarrollo de software para la inferencia de redes de señales de transducción (02/2007 - 06/2008 )

Las proteínas sensoriales reaccionan a los cambios del exterior transduciendo señales hacia el interior de la célula. Estas señales se van integrando hasta activar un pequeño grupo de células "core", las cuales activan a proteínas blanco como factores de transcripción. Esta estructura se denomina bow tie y les permite a las células responder apropiadamente a condiciones ambientales complejas. Se desarrolló una herramienta en Java llamada BowTieBuilder que infiere las redes de señales a partir de múltiples proteínas fuente (p. ej. receptores en la superficie celular) y proteínas blanco (p. ej. factores de transcripción). Dadas las interacciones proteína-proteína de un organismo y las proteínas fuente y blanco que provea el usuario, se van ensamblando pathways agregando la proteínas intermedias que maximicen la probabilidad del pathway. A su vez para validar el resultado obtenido se implementaron distintas heurísticas y medidas de calidad.

30 horas semanales

Universität Tübingen (Karl-Eberhard), Arquitectura de sistemas , Integrante del equipo

Equipo: JOCHEN SUPPER, ANDREAS ZELL

Áreas de conocimiento:

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

### PASANTÍAS

#### (02/2011 - 03/2011 )

Eberhard Karls Universität Tübingen, Integrative Transkriptomik

40 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

### CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 10 horas

Carga horaria de investigación: 40 horas

Carga horaria de formación RRHH: Sin horas

Carga horaria de extensión: Sin horas

Carga horaria de gestión: Sin horas

## Producción científica/tecnológica

Mi trabajo en el área de bioinformática utiliza las tecnologías de secuenciación masiva (o NGS; Next Generation Sequencing) para comprender eventos genómicos en diferentes escenarios como ser expresión diferencial de genes/ARN no codificantes/seudogenes en diferentes condiciones. Mi enfoque principal en este contexto es estudiar los procesos de diferenciación de células madre (mayormente células madre mesenquimales) a diferentes tipos celulares como ser adipocitos, condrocitos, cardiomiocitos, etc.

Este tipo de proceso es muy complejo desde el punto de vista de la regulación transcriptional y sobre todo post-transcriptional.

Los ARN no codificantes se revelaron como actores importantes en este proceso de regulación.

Con las

tecnologías de RNA-seq hemos logrado avances en dilucidar los mecanismos de ambos tipos de regulación involucrados en la diferenciación, sobre todo en la adipogénesis. Futuros trabajos (ya en marcha) se centrarán en otros procesos de diferenciación, incluso partiendo de células iPS (induced pluripotent stem cells).

En otro contexto utilizamos las tecnologías de secuenciación masiva para el resecuenciado del genoma humano. Estamos desarrollando metodologías y estrategias para el análisis de variantes alélicas de individuos, con el fin de poner a punto un "pipeline de análisis" para analizar la variabilidad de la población uruguaya. La información obtenida de este proyecto de interés nacional es el punto de partida para diferentes aplicaciones en el área de la farmacogenómica, genética de poblaciones y bioinformática.

Por otro lado, el costo y complejidad de los experimentos y análisis de datos de NGS y la disponibilidad de dichos experimentos en bases de datos públicas, indican que una buena estrategia de optimización pasaría por el análisis de los resultados obtenidos en estudios previos, mejorando el diseño experimental para nuevos análisis e integrando los nuevos resultados a los existentes (meta-análisis centrado en datos de secuenciación masiva). A esto se agrega las capacidades de generación de nuevas hipótesis a partir de los resultados obtenidos por minería de datos. En este

sentido, hemos investigado las relaciones entre expresión génica (tanto de microarrays como de RNA-seq), modificaciones en histonas (ChIP-seq) y además hemos incluido datos de redes de regulación basados en datos de NGS.

Por otro lado, se está poniendo a punto la técnica para resecuenciar con tecnologías de NGS genes específicos relacionados a fenotipos de interés para poder caracterizar a la población uruguaya. Nuestro particular interés en este caso son los genes BRCA1 y BRCA2 relacionados con el cancer de mama hereditario. A raíz de un estudio preliminar se determina la existencia de ciertas variantes alélicas/mutaciones presentes en las mujeres uruguayas con alta frecuencia. Para lograr caracterizar la población total se ampliará el estudio a varias pacientes.

## Producción bibliográfica

### ARTÍCULOS PUBLICADOS

#### ARBITRADOS

##### **lncRNAs are associated with polysomes during adipose-derived stem cell differentiation (Completo, 2017)**

B. DALLAGIOVANNA, ISABELA T. PEREIRA, ANA CAROLINA ORIGA-ALVES, P. SHIGUNOV, H. NAYA, LUCIA SPANGENBERG

Gene, v.: 17 p.:30082 - 30083, 2017

Palabras clave: adipogenesis lncRNA RNA-seq stem cell

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /

Lugar de publicación: web

ISSN: 03781119

DOI: [j.gene.2017.02.004](https://doi.org/10.1093/gene/17.02.004)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

##### **3697G > A in MT-ND1 is a causative mutation in mitochondrial disease (Completo, 2016)**

LUCIA SPANGENBERG, M. GRAÑA, G. GREIF, SUAREZ-RIVERO JM, KRYSZTAL K, TAPIÉ A, BOIDI M, FRAGA V, LEMES A, GUEÇAIMBURÚ R, CERISOLA A, SÁNCHEZ-ALCÁZAR JA, C. ROBELLO, RAGGIO V, H. NAYA

Mitochondrion, v.: 24 28, p.:54 - 59, 2016

Palabras clave: Next Generation Sequencing leigh disease mitochondrial disease

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15677249

DOI: [10.1016/j.mito.2016.03.006](https://doi.org/10.1016/j.mito.2016.03.006)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

##### **Transcriptome Sequencing Reveals Wide Expression Reprogramming of Basal and Unknown Genes in Leptospira biflexa Biofilms (Completo, 2016)**

G IRAOLA, LUCIA SPANGENBERG, BRUNO LOPES BASTOS, M. GRAÑA, LARISSA VASCONCELOS, ÁUREA ALMEIDA, G. GREIF, C. ROBELLO, PAULA RISTOW, H. NAYA

mSphere, v.: 1 2, 2016

Palabras clave: Transcriptomics biofilm Leptospira

Areas de conocimiento:

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

ISSN: 23795042

##### **Polysome profiling shows the identity of human adipose-derived stromal/stem cells in detail and clearly distinguishes them from dermal fibroblasts. (Completo, 2014)**

J. ZYCH, LUCIA SPANGENBERG, M. STIMAMIGLIO, A. ABUD, P. SHIGUNOV, MARCHINI F, C. KULIGOVSKI1, AXEL R. COFRÉ, A. SCHITTINI, AGUIAR A M, SENEGAGLIA A, PAULO R.S. BROFMAN, S. GOLDENBERG, B. DALLAGIOVANNA, H. NAYA, A. CORREA

Stem Cells and Development, 2014

Palabras clave: Transcriptomics Mesenchymal stem cell fibroblast NGS

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15473287

Scopus' WEB OF SCIENCE™

**Role of alternative polyadenylation during adipogenic differentiation: an in silico approach. (Completo, 2013)**

LUCIA SPANGENBERG , A. CORREA , B. DALLAGIOVANNA , H. NAYA

PLoS ONE, v.: 8 10 , 2013

Palabras clave: Alternative polyadenylation miRNA linear models

Areas de conocimiento:

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

ISSN: 19326203

Scopus' WEB OF SCIENCE™

**How does evolutionary variation in Basal metabolic rates arise? A statistical assessment and a mechanistic model. (Completo, 2013)**

DANIEL E. NAYA , LUCIA SPANGENBERG , H. NAYA , FRANCISCO BOZINOVIC

Evolution, v.: 67 5 , p.:1463 - 1476, 2013

Palabras clave: Phylogenetic mixed models metabolic rate

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 00143820

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

Scopus' WEB OF SCIENCE™

**Polysome profiling shows extensive posttranscriptional regulation during human adipocyte stem cells differentiation into adipocytes (Completo, 2013)**

LUCIA SPANGENBERG , P. SHIGUNOV , A. ABUD , AXEL R. COFRÉ , M. STIMAMIGLIO , C. KULIGOVSKI1 , J. ZYCH , A. SCHITTINI , A. TAVARES COSTA , C. REBELATTO , PAULO R.S. BROFMAN , S. GOLDENBERG , A. CORREA , H. NAYA , B. DALLAGIOVANNA

Stem Cell Research, 2013

Palabras clave: Stem cell differentiation adipogenesis post-transcriptional regulation

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 18735061

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

Scopus' WEB OF SCIENCE™

**Thermal conductance and basal metabolic rate are part of a coordinated system for heat transfer regulation. (Completo, 2013)**

DANIEL E. NAYA , LUCIA SPANGENBERG , H. NAYA , FRANCISCO BOZINOVIC

Proceedings of The Royal Society B: Biological Sciences, v.: 280 1767 , p.:2013162 - 2013162, 2013

Palabras clave: endothermy macrophysiology bayesian models

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14712954

DOI: [10.1098](https://doi.org/10.1098)

**Reduced set of virulence genes allows high accuracy prediction of bacterial pathogenicity in humans (Completo, 2012)**

G IRAOLA , G VAZQUEZ , LUCIA SPANGENBERG , H. NAYA

PLoS ONE, 2012

Palabras clave: SVM classifier Pathogenicity prediction

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19326203

Scopus® WEB OF SCIENCE™

#### **Latitudinal Patterns in Rodent Metabolic Flexibility (Completo, 2012)**

DANIEL E. NAYA , LUCIA SPANGENBERG , H. NAYA , FRANCISCO BOZINOVIC

American Naturalist, v.: 179 p.:172 - 179, 2012

Palabras clave: metabolic flexibility

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología /

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

Información y Bioinformática / Bioinformática

ISSN: 00030147

Scopus® WEB OF SCIENCE™

#### **Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments (Completo, 2011)**

LUCIA SPANGENBERG , BATTKE F , M. GRAÑA , NIESELT K , H. NAYA

Bioinformatics (Oxford, England), 2011

Palabras clave: amino acid properties phylogenetic mixed model

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 13674803

Scopus® WEB OF SCIENCE™

#### **BowTieBuilder: modeling signal transduction pathways (Completo, 2009)**

JOCHEN SUPPER , LUCIA SPANGENBERG , HANNES PLANATSCHER , ANDREAS DRÄGER ,

ADRIAN SCHRÖDER , ANDREAS ZELL

BMC Systems Biology, v.: 3 67 , p.:1 - 13, 2009

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 17520509

DOI: [10.1186/1752-0509-3-67](https://doi.org/10.1186/1752-0509-3-67)

Este artículo fue uno de los top ten mas leído de la editorial

Scopus® WEB OF SCIENCE™

#### **NO ARBITRADOS**

#### **Farmacogenómica: aportes de las nuevas tecnologías hacia una medicina personalizada (Completo, 2013)**

H. NAYA , LUCIA SPANGENBERG

Tendencias en Medicina, v.: 43 p.:157 - 162, 2013

Palabras clave: farmacogenómica bioinformática aplicada a la medicina

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática /

Medio de divulgación: Papel

Escrito por invitación

ISSN: 07977271

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

#### **Post-transcriptional regulation during adipogenic differentiation via RNAseq data (SOLiD) (2013)**

Completo

LUCIA SPANGENBERG , A. CORREA , B. DALLAGIOVANNA , H. NAYA

Evento: Internacional

Descripción: Workshop em Regulação Pós Transcricional em Eucariotos

Ciudad: Curitiba

Año del evento: 2013

Palabras clave: Stem cell differentiation NGS SOLiD

Áreas de conocimiento:

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

**Estudios bioinformáticos de la diferenciación de CÉLULAS MADRE mesenquimales con tecnologías de nueva generación (2012)**

Resumen

LUCIA SPANGENBERG , A. ABUD , P. SHIGUNOV , A. COFRE , M. STIMAMIGLIO , C. KULIGOVSKI1 , J. ZYCH , A. SCHITTINI , A. TAVARES COSTA , C. REBELATTO , P. BROFMAN , S. GOLDENBERG , A. CORREA , H. NAYA , B. DALLAGIOVANNA

Evento: Nacional

Descripción: Sociedad Uruguaya de Biociencias

Ciudad: Piriápolis

Año del evento: 2012

Palabras clave: células madre mesenquimales diferenciación

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

**Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments (2012)**

Resumen

LUCIA SPANGENBERG , BATTKE F , M. GRAÑA , NIESELT K , H. NAYA

Evento: Internacional

Descripción: ISCB

Ciudad: Santiago de Chile

Año del evento: 2012

Palabras clave: Bioinformatics Amino acid changes in alignments

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

**A comparative study of CLL transcriptomic: Microarrays and NGS (2011)**

Resumen

LUCIA SPANGENBERG , BIANCHI S , N. REGO , PRITSCH O , DIGHIRO G , H. NAYA

Evento: Internacional

Descripción: Escuela Latinoamericana de Genética Humana

Ciudad: Caxias do Sul (Brasil)

Año del evento: 2011

Palabras clave: Chronic Lymphocytic Leukemia Microarrays Next Generation Sequencing

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

**An easy way to incorporate phylogenetic uncertainty in the comparative model (2010)**

Resumen

LUCIA SPANGENBERG , N. REGO , HECTOR ROMERO , H. NAYA

Evento: Internacional

Descripción: ISCB - LA 2010

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2010

Palabras clave: phylogenetic mixed model bayesian model average

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

**Evaluando la robustez del metodo comparativo (2010)**

Resumen

LUCIA SPANGENBERG , N. REGO , HECTOR ROMERO , H. NAYA

Evento: Internacional

Descripción: Congreso de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Año del evento: 2010

Palabras clave: phylogenetic mixed model bayesian model average

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: CD-Rom

## Producción técnica

### PRODUCTOS

#### MyATGC (2017)

Software, Otra

LUCIA SPANGENBERG , RAGGIO V , HERRERA G , ROJAS M , VAZQUEZ L , H. NAYA , LOPEZ F

País: Uruguay

Disponibilidad: Restringida

Institución financiadora: ANII

Palabras clave: interpretacion mutaciones medicina genomica Procesamiento de lenguaje natural

Medio de divulgación: Otros

Plataforma para la interpretación de variantes humanas encontradas por NGS.

#### bacfier (2013)

Software, Otra

LUCIA SPANGENBERG , G IRAOLA , H. NAYA

Un programa escrito en Java para la predicción de la patogenicidad en bacterias. El paper asociado "Reduced set of virulence genes allows high accuracy prediction of bacterial pathogenicity in humans"

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: Institut Pasteur de Montevideo

Palabras clave: patogenicidad predicción

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

<https://code.google.com/p/bacfier/>

#### bcool: Bringing to light significant Columns correlated with Organism Labels (2011)

Software, Obra

LUCIA SPANGENBERG , H. NAYA

Paquete de R para la identificación de columnas de alineamientos asociados a meta data

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: Instituto Pasteur de Montevideo

Palabras clave: amino acid properties phylogenetic mixed model R packages

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

<http://cran.r-project.org/web/packages/bcool/index.html>

#### BowtieBuilder (programa para la inferencia de redes de señales en la célula) (2009)

Software, Otra

LUCIA SPANGENBERG

Programa que calcula redes de señales de transducción en la célula con la ayuda de estructuras bow tie

País: Alemania

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: German Federal Ministry of Education and Research  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación /  
Medio de divulgación: Internet

## Formación de RRHH

### TUTORÍAS CONCLUIDAS

#### GRADO

##### **Estudio de 41 marcadores genéticos de riesgo para la enfermedad de Alzheimer de inicio tardío en 20 genomas uruguayos y 26 del mundo (2017)**

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay  
Programa: Licenciatura en Biología Humana  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad  
Nombre del orientado: Melanie Nuesch  
Medio de divulgación: Otros  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: genómica medica Alzheimer  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

##### **BioWiz: Una suite informática enfocada al laboratorio (2014)**

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Privado / Universidad ORT Uruguay / Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería , Uruguay  
Programa: Licenciatura en Biotecnología  
Nombre del orientado: Federico Machado, Roque Giordano  
Medio de divulgación: Papel  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: suite informatica.java  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

##### **Plataforma de Integración de aplicaciones biológicas basada en ESB (2011)**

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay  
Programa: Ingeniería en Computación  
Nombre del orientado: Javier Deferrari, Santiago Lopez, Jorge Sosa  
Medio de divulgación: Internet  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: webservers taverna  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### OTRAS

##### **Análisis de regiones intergénicas de espiroquetas (2013)**

Otras tutorías/orientaciones  
Sector Educación Superior/Público / / , Uruguay  
Nombre del orientado: Elma Leite  
Medio de divulgación: Otros  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: Leptospira BLAST  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática



### **miRNAs en la diferenciación de células madre (2013)**

Otras tutorías/orientaciones  
Sector Educación Superior/Público / , Brasil  
Tipo de orientación: Asesor/Orientador  
Nombre del orientado: Carol Origa  
Medio de divulgación: Internet  
País/Idioma: Brasil, Portugués  
Palabras Clave: células madre mesenquimales diferenciación miRNAs  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

### **TUTORÍAS EN MARCHA**

#### **POSGRADO**

#### **Diseño e implementación de un software para el análisis clínico y poblacional de los genes BRCA a partir de resultados de secuenciación masiva (2016)**

Tesis de maestría  
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay  
Programa: PEDECIBA - Maestría en Bioinformática  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad  
Nombre del orientado: Roque Giordano  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: cancer de mama secuenciacion masiva  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **OTRAS**

#### **Analisis de RIP-seq en tripanosomátidos (2014)**

Otras tutorías/orientaciones  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Instituto Carlos Chagas , Uruguay  
Nombre del orientado: Saloe Bispo  
Medio de divulgación: Otros  
País/Idioma: Uruguay, Español  
Palabras Clave: NGS SOLiD RIP-seq  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

## **Otros datos relevantes**

### **PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS**

#### **seedstars for emerging countries (2017)**

(Internacional)  
Seedstars  
Premio a emprendedores innovadores para competir en Suiza por una inversión de 500.000 dólares. Ganamos la fase regional (Uruguay) lo que nos permite ir a competir contra los otros ganadores regionales en Suiza.

#### **MIT Technology Review under 35 (Uruguay-Argentina) (2016)**

(Internacional)  
MIT Technology Review  
Obtuve un premio de innovación por el desarrollo de un algoritmo de determinación de patogenicidad de mutaciones en el marco de mi start-up GenLives incubada en BIOESPINN en el área de genómica médica. El premio fue otorgado por MIT-TR. Ganaban 10 participantes de todo Uruguay y Argentina. Fuimos 3 uruguayos y 7 Argentinos los ganadores.

### **PRESENTACIONES EN EVENTOS**

**Seminario Fiocruz pos graduação (2017)**

Seminario  
Seminario para los estudiantes e investigadores del Fiocruz Curitiba  
Brasil  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 1  
Nombre de la institución promotora: Fiocruz  
Palabras Clave: genómica genómica médica genómica de poblaciones

**Workshop in Cancer Perspectives (2017)**

Simposio  
Simposio de estudiantes de doctorado del IBIOBA (Institución partner del Max-Planck Institut)  
Argentina  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 18  
Nombre de la institución promotora: IBIOBA  
Palabras Clave: genómica médica cáncer

**SmartTalent (2017)**

Simposio  
Evento motivacional para estudiantes  
Uruguay  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 1  
Palabras Clave: emprendedores motivacional

**ANII10(2017)**

Encuentro  
Charla para los 10 años de ANII  
Uruguay  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 5  
Palabras Clave: emprendedores ciencia

**XXII Congreso Latinoamericano de Patología Clínica (2014)**

Congreso  
Aportes del secuenciado masivo al análisis genómico en Medicina  
Uruguay  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 2  
Nombre de la institución promotora: alpac/personas  
Palabras Clave: Bioinformática Secuenciado masivo  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

**Workshop em Regulação Pós Transcricional em Eucariotos (2013)**

Congreso  
Post-transcriptional regulation during adipogenic differentiation via RNAseq data (SOLiD)  
Uruguay  
Tipo de participación: Poster  
Carga horaria: 16  
Nombre de la institución promotora: ICC-Fiocruz  
Palabras Clave: Stem cell differentiation NGS SOLiD  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

**Novos e velhos saberes (2013)**

Seminario  
Diferenciação de células tronco mesenquimais: uma perspectiva de bioinformática. - Uma jornada controlada pela expressão e regulação -

Brasil  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 1  
Nombre de la institución promotora: UFBA  
Palabras Clave: Stem cell differentiation Transcriptomics NGS SOLiD  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **Seminario Pasteur (2013)**

Seminario  
Stem cells differentiation mechanisms from a bioinformatics perspective - gene expression and post transcriptional regulation  
Uruguay  
Tipo de participación: Expositor oral  
Carga horaria: 1  
Palabras Clave: Stem cell differentiation Transcriptomics NGS SOLiD  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **SUB (2012)**

Congreso  
Estudios bioinformáticos de la diferenciación de CÉLULAS MADRE mesenquimales con tecnologías de nueva generación  
Uruguay  
Tipo de participación: Poster  
Carga horaria: 16  
Palabras Clave: NGS SOLiD  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **ISCB-LA (2012)**

Congreso  
Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments . ISCB  
Chile  
Tipo de participación: Poster  
Carga horaria: 24  
Palabras Clave: R programming Alignments  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **ELAG Caxias do Sul (2011)**

Congreso  
A comparative study of CLL transcriptomic: Microarrays and NGS Escuela Latinoamericana de Genética Humana  
Brasil  
Tipo de participación: Poster  
Carga horaria: 40  
Nombre de la institución promotora: ELAG  
Palabras Clave: Transcriptomics  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

#### **ISCB-LA (2010)**

Congreso  
An easy way to incorporate phylogenetic uncertainty in the comparative model  
Uruguay  
Tipo de participación: Poster  
Nombre de la institución promotora: International Society for Computational Biology  
Palabras Clave: Comparative phylogenetic model Bayesian model averaging

Áreas de conocimiento:

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

SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H

#### XIII Jornadas de la SUB (2010)

Congreso

Evaluando la robustez del método comparativo

Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Biociencias

Palabras Clave: Modelo filogenético comparativo Promediado bayesiano de modelos

Áreas de conocimiento:

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

SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H

## Indicadores de producción

<b>PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>19</b>
<b>Artículos publicados en revistas científicas</b>	13
Completo	13
<b>Trabajos en eventos</b>	6
<b>PRODUCCIÓN TÉCNICA</b>	<b>4</b>
<b>Productos tecnológicos</b>	4
<b>FORMACIÓN RRHH</b>	<b>7</b>
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</b>	5
Tesis/Monografía de grado	3
Otras tutorías/orientaciones	2
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</b>	2
Otras tutorías/orientaciones	1
Tesis de maestría	1