



HUGO MARIO NAYA
MONTEVERDE

Dr

naya@pasteur.edu.uy

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información

Categorización actual: Nivel II (Activo)

Fecha de publicación: 24/12/2018
Última actualización SNI: 24/12/2018

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Institut Pasteur de Montevideo/ Institut Pasteur de Montevideo / Unidad de Bioinformática / 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: (5982) 5220910 / 122

Correo electrónico/Sitio Web: naya@pasteur.edu.uy www.pasteur.edu.uy

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

Doctorado en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (2000 - 2004)

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

Título de la disertación/tesis: Aspectos evolutivos del contenido en guanina y citosina (G+C) de los genomas procariontas

Tutor/es: Héctor Musto

Obtención del título: 2004

Palabras Clave: procariontas contenido GC evolución

Áreas de conocimiento:

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

GRADO

Licenciatura en Ciencias Biológicas (1995 - 1999)

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

Título de la disertación/tesis: Factores de corrección en extensión de lactancias

Tutor/es: Jorge Ignacio Urioste Aguerre

Obtención del título: 1999

Palabras Clave: extensión de lactancias genética lechera

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Mejoramiento Genético Animal

Formación complementaria

CONCLUIDA

POSDOCTORADOS

(2005 - 2005)

Sector Extranjero/Internacional/Enseñanza superior / University of Wisconsin - Madison , Estados Unidos

Palabras Clave: métodos Bayesianos MCMC modelo filogenético

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

(2004 - 2004)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Stazione Zoológica de Napoli , Italia

Palabras Clave: contenido G+C

Áreas de conocimiento:

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

Idiomas

Inglés

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

Francés

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

Portugués

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

Español

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

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Otros Tópicos Biológicos/Bioinformática

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Otros Tópicos Biológicos/Genómica Computacional

CIENCIAS AGRÍCOLAS

Producción Animal y Lechería/Cría Animal/Genética Cuantitativa

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 (01/2006 - a la fecha)

Responsable de la Unidad de Bioinformática / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Análisis transcripcional en *Leptospiras* formadoras de biofilms (06/2012 - a la fecha)

La leptospirosis es una infección causada por diferentes especies del género *Leptospira*. Es una enfermedad endémica que afecta a humanos y animales de producción. Recientemente, se describió la capacidad formadora de biofilms en diferentes cepas de *Leptospira*. Esta capacidad es un reconocido factor de virulencia en muchas especies bacterianas, de las cuales se conocen casi en su mayoría los mecanismos genéticos involucrados en el desarrollo de este fenotipo. Sin embargo,

en *Leptospira* la identidad y función de los genes involucrados en la formación de biofilms es prácticamente desconocida. Haciendo uso de herramientas de genómica comparativa y de la gran cantidad de información genómica que recientemente ha sido generada para diversas cepas de *Leptospira*, determinaremos el conjunto de genes asociados a la formación de biofilms. Además, mediante secuenciación masiva del transcriptoma, determinaremos el perfil de expresión de genes en diferentes etapas de formación de biofilms. Esta aproximación brindará información acerca de la funcionalidad de los genes responsables de la generación de este fenotipo y permitirá encontrar nuevos genes involucrados. Finalmente, la información obtenida será utilizada para reconstruir las vías metabólicas más importantes relacionadas a la formación de biofilms en *Leptospira* y compararla con otras especies bacterianas, lo que proporcionará información acerca de la evolución de los determinantes genéticos de este factor de virulencia. Los resultados de este Proyecto tendrán gran impacto en el conocimiento de las bases genéticas de la leptospirosis, el cual en un futuro podrá ser utilizado para mejorar los métodos terapéuticos y planes de contingencia de la enfermedad.

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática, Coordinador o Responsable

Equipo: SPANGENBERG L, IRAOLA G, RISTOW P

Palabras clave: *Leptospira* Biofilms Transcriptómica

Areas de conocimiento:

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

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Generación de capacidad de anotación de genomas (01/2007 - a la fecha)

20 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Equipo:

Strengthening technical and human capacities for genomic services exports (URUGENOMES) (11/2014 - a la fecha)

The general objective of the project is to develop local capacity in Uruguay for the analysis of human genomic sequences, both in research and support for genomic medicine and scientific development of new products and technologies. The project will have two main components: (i) the strengthening of human capacities, and; (ii) the sequencing and analysis of human genomes in Uruguay. Component I: Strengthening Human Capacities in Uruguay for genomic services exports. The goal of this component is the formation of a group of researchers, whose training will end in a specialization in human genomics, and whom will form the core group of a new multidisciplinary laboratory on human genome based at IP Montevideo in Uruguay. This group of highly qualified technologists will be composed by graduate students (preferably PhDs) and recent postdocs with extensive expertise in genomics, bioinformatics, human genetics, population, quantitative, biological anthropology, biostatistics or other disciplines related to human genomics. In a first stage, each member of the core group will have an individual training plan comprised by general courses to be taken in Uruguay, so as to allow a leveling base that will ensure the success of a second stage, in which the researchers will participate in a set of specific tailored-made courses on the latest advances in human genomics and personalized medicine in South Korea. It is expected that this core group will in turn train at least 50 other students and technologists from Uruguay in the areas of bioinformatics, genomics and personalized medicine, as well as 15 researchers from the Latin American region. Component II: Sequencing of Human Genomes for genomic services exports. The goal of this component is to produce scientific and technical advancements in the sequencing and analysis of 80 human genomes, which will generate genome information able to unveil ancestral origins of both Amerindian and African ancestry in Uruguay, as well as to generate a series of scientific results in personalized medicine and lung cancer genomics and treatment that will be groundbreaking for the development of the field in the country. This component will be divided in 3 different stages; 1) Ancestry Sequencing Program (8 months): In this first stage, there will be a characterization at the genomic level of key individuals with (admixed) Amerindian and African ancestry in Uruguay. In this stage, a number of 20 genomes will be sequenced and the bioinformatics analysis will be performed at the IP Montevideo; 2) General Uruguayan Population Sequencing (12 months). During this second stage, the pilot-sequencing program will be extended to 30 more genomes using the validated protocols from the first stage, but now with the aim of covering the genomic variability of the whole country; 3) Genome Sequencing Medical Interest (12

months): In this third and final stage, a comprehensive program for medical genomics will be established, starting with the sequencing of 30 additional genomes, targeting cases with medical interest and high impact in Uruguay. These genomes will be solved with a much higher coverage in order to include low frequency variants

10 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Equipo: SPANGENBERG L , ROBELLO C , FARIELLO MI

Palabras clave: Genoma Humano Antropología genética Genómica médica

Areas de conocimiento:

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

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica médica

Análisis transcripcional en Leptospiras formadoras de biofilms (02/2013 - 02/2015)

15 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Investigación

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:2

Maestría/Magister:1

Equipo: SPANGENBERG L , IRAOLA G , RISTOW P

Palabras clave: Leptospira Biofilms Transcriptómica

Areas de conocimiento:

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

High-Content High-Throughput Flow cytometry: Development of a multi-application technical platform (01/2008 - 01/2010)

5 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Desarrollo

Coordinador o Responsable

Concluido

Financiación:

Institución del exterior, Apoyo financiero

Equipo: GARCÍA JM (Responsable) , VIDALAIN PO (Responsable) , SALL A (Responsable)

Desarrollo de capacidades bioinformáticas en el área de anotación genómica (01/2007 - 01/2009)

5 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Investigación

En Marcha

Equipo: ALVAREZ-VALIN F (Responsable) , CAPDEVIELLE F

Areas de conocimiento:

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

Data Quality Management for Model Improvement in GWAS (01/2008 - 01/2009)

10 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Institución del exterior, Apoyo financiero

Equipo: RUGGIA R (Responsable)

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Integración de información heterogénea

Merging, InduCing and Reasoning with Ontologies in BIOinformatics The MICROBIO Project (01/2007 - 01/2009)

20 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

Equipo:

Dominancia de un único genotipo de especies apomícticas: deriva genética o genotipos generalistas en Paspalum dilatatum (01/2007 - 07/2008)

4 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Desarrollo

En Marcha

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:1

Equipo: SPERANZA P (Responsable)

Análisis de herramientas informáticas disponibles para la implementación de un LIMS en el IP - Montevideo (10/2005 - 11/2005)

Estudio de diferentes alternativas para la implementación de un sistema de manejo de la información de laboratorio en el Institut Pasteur de Montevideo

Institut Pasteur de Montevideo

Desarrollo

Concluido

Equipo:

DOCENCIA

PEDECIBA - Maestría en Bioinformática (06/2012 - 09/2012)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Bioinformática I (Algorítmica en 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 (06/2011 - 09/2011)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Bioinformática I (Algorítmica en 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

CP - FAgro (03/2011 - 05/2011)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Introducción a la Genética Cuantitativa, 6 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

PEDECIBA - Maestría en Bioinformática (10/2010 - 12/2010)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Taller de Bioinformática, 5 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Maestría por PEDECIBA (06/2010 - 09/2010)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Bioinformática I (Algorítmica en Bioinformática), 6 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

CP - FAgro (03/2010 - 05/2010)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Introducción a los Modelos Lineales en Genética Cuantitativa, 4 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

PEDECIBA (10/2009 - 12/2009)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Taller de Bioinformática, 5 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

CP - FAgro (08/2009 - 10/2009)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Bases de la Genética Cuantitativa, 4 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Maestría en Ciencias Biológicas (PEDECIBA) (09/2008 - 11/2008)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Introducción a la Genómica Computacional, 6 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

EMBO (06/2008 - 07/2008)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Advanced Course on Bioinformatics and Comparative Genome Analysis, 10 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

INTA (05/2008 - 06/2008)

Doctorado
Responsable
Asignaturas:
Alineamiento de secuencias, 50 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

INTA (05/2008 - 05/2008)

Doctorado
Responsable
Asignaturas:
Alineamiento de secuencias, 60 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

PEDECIBA (08/2007 - 11/2007)

Maestría
Organizador/Coordinador
Asignaturas:
Introducción a la Genómica Computacional, 6 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Maestría en Ciencias Biológicas (PEDECIBA) (06/2007 - 07/2007)

Maestría
Responsable
Asignaturas:
Introducción a la programación de aplicaciones bioinformáticas en bash, 6 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

CP - FAgro (05/2007 - 06/2007)

Maestría
Responsable
Asignaturas:
Linear Models in Quantitative Genetics, 8 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

INTA (04/2007 - 04/2007)

Doctorado

Asignaturas:
Herramientas bioinformáticas para genómica comparativa de procariotas, 60 horas, Teórico-Práctico
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

INTA (04/2007 - 04/2007)

Doctorado
Responsable
Asignaturas:
Herramientas bioinformáticas para genómica comparativa de procariotas, 60 horas, Teórico-

Práctico

Areas de conocimiento:

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

(06/2006 - 06/2006)

Doctorado

Asignaturas:

The first joint Pasteur/Wellcome Trust course on genomics in South America, horas

Areas de conocimiento:

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

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

OTRA ACTIVIDAD TÉCNICO-CIENTÍFICA RELEVANTE

Escuela Latinoamericana de Genética Humana (Caxias do Sul - Brasil) (04/2011 - 04/2011)

60 horas semanales

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Third Meeting STIC-AMSUD, Taller de Bioinformática y Sistemas de Información Biológica (11/2007 - 11/2007)

30 horas semanales

Areas de conocimiento:

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

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

Facultad de Agronomía - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (08/2018 - a la fecha)

Profesor Agregado (Grupo de Mejoramiento Genético Animal) ,20 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 4

Cargo: Efectivo

Funcionario/Empleado (11/2011 - 07/2018)

Profesor Agregado ,5 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 4

Cargo: Efectivo

Funcionario/Empleado (11/2001 - 12/2006)

Asistente. Grupo Mejoramiento Genético Animal ,40 horas semanales

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Genómica Cuantitativa (11/2011 - a la fecha)

La línea de trabajo que comenzamos a desarrollar pretende incorporar el uso de información genómica en la selección de animales domésticos. Para ello se trabaja en las metodologías que permiten el uso de la información obtenida a través de las tecnologías de marcadores densos (SNPs) o de secuenciación masiva. Al mismo tiempo se desarrolla la formación de un grupo especializado en bioinformática de animales domésticos.

5 horas semanales , Coordinador o Responsable

Equipo:
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genómica funcional

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Disminución de fibras pigmentadas en Corriedale por vías genéticas (03/2005 - 03/2008)

2 horas semanales
PDT
Investigación
Integrante del Equipo
En Marcha
Alumnos encargados en el proyecto:
Pregrado:1
Maestría/Magister:1
Equipo: KREMER R (Responsable) , URIOSTE JI (Responsable)

Fibras coloreadas en Corriedale (03/2002 - 03/2004)

5 horas semanales
Facultad de Agronomía - Facultad de Veterinaria. CSIC
Investigación
Integrante del Equipo
Concluido
Financiación:
Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Apoyo financiero
Equipo: KREMER R (Responsable) , URIOSTE JI (Responsable)

Evaluación genética de reproductores ABERDEEN ANGUS (03/2002 - 03/2004)

ARU - SCAAU - Fac. Agronomía - INIA
Desarrollo
En Marcha
Equipo: URIOSTE JI (Responsable)

Mejoras al modelo de evaluación de leche en la raza Holando en Uruguay, corrección por heterogeneidad de varianzas (01/2002 - 12/2002)

10 horas semanales
ARU - SCHU - Fac. Agronomía - INML - INIA
Desarrollo
Integrante del Equipo
Concluido
Equipo: URIOSTE JI (Responsable)

DOCENCIA

Ingeniero Agrónomo (09/2018 - a la fecha)

Grado
Asistente
Asignaturas:
Zootecnia, 60 horas, Teórico-Práctico
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético Animal

Maestría en Ciencia Animal (03/2012 - 05/2012)

Maestría
Organizador/Coordinador
Asignaturas:
Introducción a los Modelos Lineales en Genética Cuantitativa, 6 horas, Teórico-Práctico
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Modelos lineales

(03/2001 - 12/2005)

Grado

Asignaturas:

Zootecnia, horas

Mejoramiento Genético en Bovinos de Carne. EEMAC, horas

Bovinos de Carne. EEMAC, horas

CAPACITACIÓN/ENTRENAMIENTOS DICTADOS

Facultad de Agronomía, Departamento de Producción Animal y Pasturas (01/2003 - 03/2004)

Descripción de diferentes tipos de pigmentación en la zona del vellón y no vellón en una majada experimental Corriedale

GESTIÓN ACADÉMICA

Miembro (03/2004 - a la fecha)

Colegio de Posgrados

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - PROGRAMA DE DESARROLLO DE LAS CIENCIAS BÁSICAS - URUGUAY

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (10/2013 - a la fecha)

Area Biología, Docente Grado 4 ,60 horas semanales

ACTIVIDADES

DOCENCIA

(06/2007 - 07/2007)

Doctorado

Asignaturas:

Introducción a la programación de aplicaciones bioinformáticas en bash, 8 horas, Teórico-Práctico

(08/2006 - 11/2006)

Doctorado

Asignaturas:

Introducción a la Genómica Computacional, 4 horas, Teórico-Práctico

(03/2000 - 12/2005)

Maestría

Asignaturas:

Genómica e introducción a las herramientas de bioinformática, horas

Genética molecular, aspectos básicos y aplicados, horas

GESTIÓN ACADÉMICA

Consejo Científico del Área Biología (Suplente) (04/2009 - a la fecha)

PEDECIBA

Participación en consejos y comisiones

Coordinador (02/2010 - a la fecha)

Maestría en Bioinformática

Gestión de la Enseñanza

Áreas de conocimiento:

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

Coordinador alterno (03/2009 - 02/2010)

Maestría en Bioinformática

Gestión de la Enseñanza

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PRIVADO - UNIVERSIDAD ORT URUGUAY - URUGUAY

Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**Funcionario/Empleado (03/2012 - a la fecha)**

Profesor titular ,4 horas semanales

ACTIVIDADES**DOCENCIA****Licenciatura en Biotecnología (03/2012 - a la fecha)**

Grado

Asignaturas:

Bioinformática I, 4 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Licenciatura en Biotecnología (07/2012 - 08/2012)

Grado

Asignaturas:

Bioinformática II, 4 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - BRASIL

Universidade Federal da Bahia

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**Profesor visitante (06/2012 - 06/2015)**

Profesor Visitante Especial ,5 horas semanales

ACTIVIDADES**LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN****Formación de biofilms en Leptospiras (03/2012 - a la fecha)**

La leptospirosis es una infección causada por diferentes especies del género *Leptospira*. Es una enfermedad endémica que afecta a humanos y animales de producción. Recientemente, se describió la capacidad formadora de biofilms en diferentes cepas de *Leptospira*. Esta capacidad es un reconocido factor de virulencia en muchas especies bacterianas, de las cuales se conocen casi en su mayoría los mecanismos genéticos involucrados en el desarrollo de este fenotipo. Sin embargo, en *Leptospira* la identidad y función de los genes involucrados en la formación de biofilms es prácticamente desconocida. Haciendo uso de herramientas de genómica comparativa y de la gran cantidad de información genómica que recientemente ha sido generada para diversas cepas de *Leptospira*, procuramos determinar el conjunto de genes asociados a la formación de biofilms. El conocimiento de los genes que son diferencialmente expresados durante la formación de biofilms

en leptospiras tendrá implicaciones importantes en el conocimiento de los mecanismos que confieren el fenotipo patogénico, además de aportar información básica acerca de las bases moleculares implicadas en la formación de biofilms bacterianos. También puede tener derivaciones en el desarrollo de biotecnologías, a través del desarrollo de nuevas estrategias de inmunoprotección y biofarmacológicas.

20 horas semanales

UFBA-Salvador, Instituto de Biología, Integrante del equipo

Equipo: SPANGENBERG L, IRAOLA G, RISTOW P

Palabras clave: Leptospira Biofilms

Áreas de conocimiento:

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

DOCENCIA

Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade (10/2014 - 11/2014)

Doctorado

Responsable

Asignaturas:

Curso Teórico-Práctico em Genômica e Evolução, 40 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade (10/2013 - 11/2013)

Doctorado

Responsable

Asignaturas:

BIOINFORMÁTICA PARA ANÁLISE DE GENOMAS DE PROCARIOTOS, 51 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade (06/2013 - 06/2013)

Perfeccionamiento

Responsable

Asignaturas:

INTRODUÇÃO À BIOINFORMÁTICA PARA ANÁLISE DE GENOMAS DE PROCARIOTOS, 20 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade (11/2012 - 11/2012)

Especialización

Responsable

Asignaturas:

Ferramentas bioinformáticas para análises de expressão gênica, 40 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

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

Facultad de Ciencias - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (05/2000 - 07/2000)

Asist. Lab Org. y Evolución del Genoma, 20 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

ACTIVIDADES

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Dinámica evolutiva de la maquinaria traduccional de nuevos aminoácidos (06/2006 - 06/2008)

2 horas semanales
PDT
Investigación
Integrante del Equipo
En Marcha
Equipo: ROMERO H (Responsable) , GRAÑA M

Estudio sobre la relación entre el contenido en GC genómico y la respiración aerobia y anaerobia en organismos procariotas y eucariotas (01/2001 - 12/2001)

Laboratorio de Organización y Evolución del Genoma. DINACYT
Investigación
Concluido
Financiación:
Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Apoyo financiero
Equipo: MUSTO H (Responsable) , ROMERO H

DOCENCIA

(03/2000 - 12/2003)

Grado

Asignaturas:
Biología Molecular, horas

PASANTÍAS

(08/2002 - 09/2002)

Univ. Pierre et Marie Curie, Paris VI, Atelier Bio Informatique
40 horas semanales

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 4 horas
Carga horaria de investigación: 30 horas
Carga horaria de formación RRHH: 20 horas
Carga horaria de extensión: Sin horas
Carga horaria de gestión: 6 horas

Producción científica/tecnológica

Nuestra área de trabajo se centra en el análisis de datos biológicos. Las nuevas tecnologías en el área de biología molecular han llevado a enormes desafíos en el manejo de la información, producto del volumen de la misma y su heterogeneidad. En este contexto, los métodos de análisis y de integración de la información constituyen un área muy activa de la biología computacional. En particular, resulta de nuestro interés la información generada mediante chips de SNPs de alta densidad, los métodos de análisis de estos datos, el tratamiento de los datos faltantes, el registro de metadatos y posibilidades de integración de diferentes estudios a través de propiedades de calidad definidas sobre los mismos. Otras áreas de trabajo incluyen análisis de datos en Citometría de Flujo de Alto Rendimiento, y genómica funcional, particularmente algoritmos de predicción de genes blanco para microRNAs.

Una línea de trabajo relativamente marginal, involucra la genómica evolutiva. Parte importante de nuestro trabajo anterior consistió en la búsqueda de posible factores eco-fisiológicos que afectan el contenido G+C de los organismos procariotas. En este sentido, mostramos la asociación existente entre aerobiosis y alto contenido G+C y aportamos tres posibles hipótesis seleccionistas que los podrían estar explicando. Contribuimos además con algunos manuscritos al debate alrededor de la importancia de la temperatura óptima de crecimiento en el contenido G+C de los procariotas, tanto

a nivel general como de algún grupo específico. En este contexto, en lo metodológico, aportamos el modelo mixto filogenético bayesiano como forma de estimar correlaciones filogenéticas entre caracteres, además de la estimación de la incidencia de otros factores evolutivos. Otros aportes en esta línea de trabajo incluyen análisis composicionales de genomas particulares, la descripción de posibles artefactos metodológicos y dos métodos para predecir el contenido G+C genómico en procariotas a partir de una muestra de genes.

Otros trabajos comprenden el análisis de información y estimación de parámetros genéticos en el área de mejoramiento genético animal. En particular, recientemente describimos y comparamos el uso de modelos Poisson y Poisson con Exceso de Ceros (ZIP) en el modelado del número de lunares en ovinos como variable Proxy del número de fibras pigmentadas por animal. A pesar de la dificultad en el tratamiento genético/estadístico del número de lunares su medición es mucho más sencilla y barata que la medición del número de fibras por lo que podría integrarse fácilmente en programas de mejora.

En la actualidad, como responsable de la Unidad de Bioinformática del Institut Pasteur de Montevideo, nuestras responsabilidades incluyen brindar servicios en bioinformática a la comunidad científica y especialmente el análisis de datos de las plataformas de microarrays y secuenciación masiva.

Recientemente comenzamos a ejecutar (como responsable del mismo) el proyecto Genoma Humano Uruguay (URUGENOMES), el que tiene como objetivos el desarrollo de capacidades nacionales en el área de genómica humana, tanto a nivel de antropología biológica como en el área de genómica médica. Al mismo tiempo, intensificamos nuestro trabajo en genómica de patógenos bacterianos, desarrollando métodos de predicción y evolución de la patogenicidad.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

Whole genome sequencing of the monomorphic pathogen *Mycobacterium bovis* reveals local differentiation of cattle clinical isolates (Completo, 2018)

Laserre M, Fresia P, GREIF, G., IRAOLA G., Castro-Ramos M, Juanbeltz A, Alvaro NÚÑEZ FERNANDEZ, NAYA H, ROBELLO, C., BERNA, L.

BMC Genomics, v.: 19 1, 2018

Palabras clave: Bovine tuberculosis Comparative genomics Phylogenetics Genetically monomorphic bacteria

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Microbiología

ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/s12864-017-4249-6](https://doi.org/10.1186/s12864-017-4249-6)

<https://www.scopus.com/inward/record.url?eid=2-s2.0-85039847133&partnerID=40&md5=bc9b6efdd4e3373dc82>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Gene expression analysis of human adipose tissue-derived stem cells during the initial steps of in vitro osteogenesis (Completo, 2018)

Waloski-Robert A, Batti Angulski AB, LUCIA SPANGENBERG, Shigunov P, Tiemy Pereira I, Loiacono Bettas PS, NAYA H, Correa A, DALLAGIOVANNA, B., Stimamiglio MA

Scientific Reports, v.: 8 1, 2018

Palabras clave: adipose tissue-derived stem cells in vitro osteogenesis

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología del Desarrollo / Genética de la diferenciación

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 20452322

DOI: [10.1038/s41598-018-22991-6](https://doi.org/10.1038/s41598-018-22991-6)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

On the interplay among ambient temperature, basal metabolic rate and body mass (Completo, 2018)

NAYA, D.E., NAYA H, White CR

American Naturalist, 2018
Palabras clave: basal metabolic rate body mass
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución /
Ecofisiología
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 00030147
DOI: <https://doi.org/10.1086/698372>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Prediction of Complex Traits: Robust Alternatives to Best Linear Unbiased Prediction (Completo, 2018)

Gianola D, Cecchinato A, NAYA H, Schön CC
Frontiers in Genetics, 2018
Palabras clave: Best Linear Prediction Robust Linear Models
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Estadística
Medio de divulgación: Internet
Escrito por invitación
ISSN: 16648021
DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00195>
Scopus®

Deep sequencing discovery of causal mtDNA mutations in a patient with unspecific neurological disease (Completo, 2018)

Raggio V, GRAÑA, M., Mansilla, S., JENNYFER MARTÍNEZ, Tapié A, GREIF, G., Montano N, VAGLIO A, Gueçaimburu R, ROBELLO, C., CASTRO, L.; Castro, L.A., CELIA QUIJANO, NAYA H
Mitochondrion, 2018
Palabras clave: Mitocondria Mutaciones Enfermedades raras
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica Médica
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 15677249
DOI: [10.1016/j.mito.2018.09.004](https://doi.org/10.1016/j.mito.2018.09.004)
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Sequencing and Annotation of the Genome of Mycobacterium tuberculosis MYC004, a Strain Causing Meningitis in Mexico (Completo, 2018)

Guillén-Nepita AL, Negrete-Paz AM, Vázquez-Marrufo G, Cruz-Hernández A, Fresia P, NAYA H, Vázquez-Garcidueñas MS
Genome Announcements, 2018
Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis Meningitis Secuenciación genoma
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 21698287
DOI: [10.1128/genomeA.00523-18](https://doi.org/10.1128/genomeA.00523-18)
Scopus®

Climate change and body size trends in aquatic and terrestrial endotherms: does habitat matter? (Completo, 2017)

NAYA, D.E., NAYA H, Cook J
PLoS ONE, v.: 12 8, 2017
Palabras clave: Climate change Ecophysiology
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología / Ecofisiología
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología / Ecofisiología
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 19326203
DOI: [10.1371/journal.pone.0183051](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183051)
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Distinct Campylobacter fetus lineages adapted as livestock pathogens and human pathobionts in the

intestinal microbiota (Completo, 2017)

Iraola G , Forster SC , Kumar N , Lehours P , Bekal S , García-Peña FJ , Paolicchi F , Morsella C , Hotzel H , Hsueh PR , Vidal A , Lévesque S , Yamazaki W , Balzan C , Vargas A , Piccirillo A , Chaban B , Hill JE , BETANCOR L , Collado L , Truysers I , Midwinter AC , Dagi HT , Mégraud F , CALLEROS L , Pérez R , NAYA H , Lawley TD

Nature Communications, 2017

Palabras clave: Campylobacter

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Microbiología

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Microbiología

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 20411723

DOI: [10.1038/s41467-017-01449-9](https://doi.org/10.1038/s41467-017-01449-9)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Modelling female fertility traits in beef cattle using linear and non-linear models (Completo, 2017)

NAYA H , PEÑAGARICANO F , URIOSTE JI

Journal of Animal Breeding and Genetics (E), 2017

Palabras clave: beef cattle fertility non-linear models

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Internet

Escrito por invitación

ISSN: 14390388

Understanding evolutionary variation in basal metabolic rate: An analysis in subterranean rodents (Completo, 2017)

LUNA F , NAYA H , NAYA DE

Comparative Biochemistry and Physiology A-Molecular and Integrative Physiology, v.: 206 p.:87 - 94, 2017

Palabras clave: basal metabolic rate subterranean rodents

Areas de conocimiento:

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

Ecofisiología

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 10956433

DOI: [10.1016/j.cbpa.2017.02.002](https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2017.02.002)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

DALLAGIOVANNA B , PEREIRA IT , ORIGA-ALVES AC , SHIGUNOV P , NAYA H , SPANGENBERG L

Gene, v.: 610 p.:103 - 111, 2017

Palabras clave: polysomes long non-coding RNA adipose-derived

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 03781119

DOI: [10.1016/j.gene.2017.02.004](https://doi.org/10.1016/j.gene.2017.02.004)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Brain size and thermoregulation during the evolution of the genus Homo (Completo, 2016)

NAYA DE , NAYA H , LESSA EP

Comparative Biochemistry and Physiology A-Molecular and Integrative Physiology, 2016

Palabras clave: brain size thermoregulation Homo sapiens

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 10956433

DOI: [10.1016/j.cbpa.2015.09.017](https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2015.09.017)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Transcriptome sequencing reveals wide expression reprogramming of basal and unknown genes in *Leptospira biflexa* biofilms (Completo, 2016)

IRAOLA G , SPANGENBERG L , LOPES-BASTOS B , GRAÑA M , VASCONCELOS L , ALMEIDA A , GREIF G , ROBELLO C , RISTOW P , NAYA H

mSphere, 2016

Palabras clave: *Leptospira biflexa* Transcriptomics

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 23795042

DOI: [10.1128/mSphere.00042-16](https://doi.org/10.1128/mSphere.00042-16)

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

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

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

Palabras clave: mitochondrial genome MT-ND1 3697G>A

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica médica

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15677249

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

Scopus® WEB OF SCIENCE™

***Campylobacter geochelonis* sp. nov. isolated from the western Hermann's tortoise (*Testudo hermanni hermanni*) (Completo, 2016)**

PICCIRILLO A , NIERO G , CALLEROS L , PEREZ R , NAYA H , IRAOLA G

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (E), 2016

Palabras clave: *Campylobacter geochelonis* systematic microbiology

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14665034

DOI: [10.1099/ijssem.0.001219](https://doi.org/10.1099/ijssem.0.001219)

Genome-wide association studies with a genomic relationship matrix: a case study with wheat and *Arabidopsis* (Completo, 2016)

GIANOLA D , FARELLO MI , NAYA H , SCHÖN CC

G3: Genes | Genomes | Genetics , 6 10, p.:3241 - 3256, 2016

Palabras clave: GWAS Relationship matrix

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 21601836

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

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Do Molecular Markers Inform About Pleiotropy? (Completo, 2015)

DE LOS CAMPOS G , GIANOLA D , TORO MA , NAYA H , SCHÖN CC , SORENSEN D

Genetics, 2015

Palabras clave: GWAS Pleiotropy Molecular Markers

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Estadística

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00166731

DOI: [pii:genetics.115.179978](https://doi.org/pii:genetics.115.179978)

Scopus®

Profiling of small RNA cargo of extracellular vesicles shed by *Trypanosoma cruzi* reveals a specific extracellular signature (Completo, 2015)

FERNANDEZ-CALERO T, GARCÍA-SILVA MR, PENAA, ROBELLO C, PERSSON H, ROVIRA C, NAYA H, CAYOTA A

Molecular and Biochemical Parasitology, 2015

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi* small RNAs extracellular vesicles

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 01666851

DOI: [10.1016/j.molbiopara.2015.03.003](https://doi.org/10.1016/j.molbiopara.2015.03.003)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Whole-Genome Sequences of *Mycobacterium bovis* Strain MbURU-001, Isolated from Fresh Bovine Infected Samples (Completo, 2015)

LASERRE M, BERNÁ L, GREIF G, DÍAZ-VIRAQUÉ F, IRAOLA G, NAYA H, CASTRO-RAMOS M, JUANBELTZ A, ROBELLO C

Genome Announcements, 2015

Palabras clave: *Mycobacterium tuberculosis*

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA.01237-15](https://doi.org/10.1128/genomeA.01237-15)

First complete mitochondrial genome of the South American annual fish *Austrolebias charrua* (Cyprinodontiformes: Rivulidae): peculiar features among cyprinodontiforms mitogenomes (Completo, 2015)

GUTIERREZ V, REGO N, NAYA H, GARCÍA G

BMC Genomics, 2015

Palabras clave: mitochondrial genome *Austrolebias charrua* Cyprinodontiformes

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/s12864-015-2090-3](https://doi.org/10.1186/s12864-015-2090-3)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Genetic parameters of objectionable fibers and of their associations with fleece traits in Corriedale sheep (Completo, 2015)

SANCHEZ AL, URIOSTE JI, PEÑAGARICANO F, NEIMAUR K, SIENRA I, NAYA H, KREMER R

Journal of Animal Science, 2015

Palabras clave: fibras pigmentadas Corriedale sheep

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 00218812

DOI: [10.2527/jas.2015-9619](https://doi.org/10.2527/jas.2015-9619)

Scopus®

Incidence and relationships of black skin spots in the fleece area and pigmentation traits in commercial Corriedale flocks (Completo, 2014)

NAYA H, URIOSTE JI, PEÑAGARICANO F, LÓPEZ-CORREA R, KREMER R

Small Ruminant Research, v.: 120 1, p.:64 - 70, 2014

Palabras clave: Sheep pigmentation spots wool

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

ISSN: 09214488

DOI: [10.1016/j.smallrumres.2014.05.002](https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.05.002)

[http://www.smallruminantresearch.com/article/S0921-4488\(14\)00141-2/abstract](http://www.smallruminantresearch.com/article/S0921-4488(14)00141-2/abstract)

Mining of public sequencing datasets supports a non-dietary origin for putative foreign miRNAs: underestimated effects of contamination in NGS (Completo, 2014)

TOSAR ROVIRA JP, ROVIRA C, NAYA H, CAYOTA A

RNA (New York, N.Y.), 2014

Palabras clave: microRNAs

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 13558382

Complete genome sequence of Mycobacterium tuberculosis strain MtURU-001, isolated from a rapidly progressing outbreak in Uruguay (Completo, 2014)

GREIF G, IRAOLA G, BERNÁ L, COITINHO C, RIVAS CM, NAYA H, ROBELLO C

Genome Announcements, v.: 2 1, 2014

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis complete genome

Areas de conocimiento:

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

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

ISSN: 21698287

<http://genomea.asm.org/content/2/1/e01220-13.full>

Liver functional genomics in beef cows on grazing systems: novel genes and pathways revealed (Completo, 2014)

LAPORTA J, ROSA GJM, NAYA H, CARRIQUIRY M

Physiological Genomics, v.: 46 4, p.:138 - 147, 2014

Palabras clave: Microarrays liver functional genomics cows

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Nutrición

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 10948341

Extracellular vesicles shed by Trypanosoma cruzi are linked to small RNA pathways, life cycle regulation, and susceptibility to infection of mammalian cells (Completo, 2014)

GARCÍA-SILVA MR, DAS NEVES RF, CABRERA-CABRERA F, SANGUINETTI J, MEDEIROS LC, ROBELLO C, NAYA H, FERNANDEZ-CALERO T, SOUTO-PADRON T, DE SOUZA W, CAYOTA A

Parasitology Research, v.: 113 1, p.:285 - 304, 2014

Palabras clave: Trypanosoma cruzi small RNAs

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 09320113

Activation of the PI3K/AKT pathway by microRNA-22 results in CLL B-cell proliferation (Completo, 2014)

PALACIOS F, ABREU C, PRIETO D, MORANDE P, RUIZ S, FERNANDEZ-CALERO T, NAYA H, LIBISCH G, ROBELLO C, LANDONI AI, GABUS R, DIGHIRO G, OPPEZZO P

Leukemia, 2014

Palabras clave: microRNAs CLL Leukemia PI3K/AKT pathway

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Ecofisiología

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 08876924

DOI: [10.1038/leu.2014.158](https://doi.org/10.1038/leu.2014.158)

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

ZYCH J , SPANGENBERG L , STIMAMIGLIO M , ABUD AP , SHIGUNOV P , MARCHINI FK , KULIGOVSKY C , COFRÉ AR , SCHITTINI AV , AGUIAR AM , SENEGAGLIA A , BROFMAN PR , GOLDENBERG S , DALLAGIOVANNA B , NAYA H , CORREA A
Stem Cells and Development, v.: 23 22 , p.:2791 - 2802, 2014

Palabras clave: stem cells polysomes

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15473287

DOI: [10.1089/scd.2013.0496](https://doi.org/10.1089/scd.2013.0496)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Whole Genome Sequencing of an isoniazid resistant clinical isolate of Mycobacterium tuberculosis Strain MtURU-002 from Uruguay (Completo, 2014)

BERNÁ L , IRAOLA G , GREIF G , COITINHO C , RIVAS CM , NAYA H , ROBELLO C
Genome Announcements, v.: 2 4 , 2014

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis isoniazid resistance

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Microbiología

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA.00655-14](https://doi.org/10.1128/genomeA.00655-14)

Genomic evidences for the emergence and evolution of pathogenicity and niche preferences in the genus Campylobacter (Completo, 2014)

IRAOLA G , PEREZ R , NAYA H , PAOLICCHI F , PASTOR E , VALENZUELA S , CALLEROS L , VELILLA A , HERNANDEZ M , MORSELLA C
Genome Biology and Evolution, 2014

Palabras clave: Campylobacter pathogenicity evolution

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 17596653

DOI: [10.1093/gbe/evu195](https://doi.org/10.1093/gbe/evu195)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Thermal tolerances in rodents: species that evolved in cold climates exhibit a wider thermoneutral zone (Completo, 2014)

BOZINOVIC F , FERRI-YÁÑEZ FRANCISCO , NAYA H , ARAÚJO MB , NAYA DE
Evolutionary Ecology Research, v.: 16 2014

Palabras clave: Thermal tolerance rodents

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15220613

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

NAYA DE , SPANGENBERG L , NAYA H , BOZINOVIC F

Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, v.: 280 1767 , 2013

Palabras clave: Thermal conductance Metabolic rate

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 09628452

DOI: [10.1098/rspb.2013.1629](https://doi.org/10.1098/rspb.2013.1629)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

SPANGENBERG L, CORREA A, DALLAGIOVANNA B, NAYA H

PLoS ONE, v.: 8 10, 2013

Palabras clave: microRNAs alternative polyadenylation

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

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0075578>

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Complete Genome Sequence of *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* Biovar Intermedius, Isolated from the Prepuce of a Bull (Completo, 2013)

IRAOLA G, PEREZ R, NAYA H, PAOLICCHI F, HARRIS D, LAWLEY TD, REGO N, HERNANDEZ M, CALLEROS L, CARRETTO L, VELILLA A, MORSELLA C, MENDEZ A, GIOFFRE A

Genome Announcements, v.: 1 4, 2013

Palabras clave: complete genome *Campylobacter fetus*

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: 21698287

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

SPANGENBERG L, SHIGUNOV P, ABUD AP, COFRÉ AR, STIMAMIGLIO M, KULIGOVSKY C, ZYCH J, SCHITTINI AV, COSTA AD, REBELATTO CK, BROFMAN PR, GOLDENBERG S, CORREA A, NAYA H, DALLAGIOVANNA B

Stem Cell Research, v.: 11 2, p.:902 - 912, 2013

Palabras clave: Polysome profiling posttranscriptional regulation stem cells

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 18735061

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

FARIELLO MI, BOITARD S, NAYA H, SAN CRISTOBAL M, SERVIN B

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

Palabras clave: selection signatures

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00166731

Scopus®

Genotype x Production Environment Interaction for Weaning Weight in Angus Populations of Brazil and Uruguay (Completo, 2013)

ESPASANDÍN AC, URIOSTE JI, NAYA H, ALENCAR MM

Livestock Science, v.: 151 2, p.:264 - 270, 2013

Palabras clave: Genotype x Environment interaction

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 18711413

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Search for an aetiological virus candidate in chronic lymphocytic leukaemia by extensive transcriptome analysis (Completo, 2012)

REGO N , BIANCHI S , MORENO P , PERSSON H , KVIST A , PENAA , OPPEZZO P , NAYA H , ROVIRA C , DIGHIERO G , PRITSCH O

British Journal of Haematology, v.: 157 6 , p.:709 - 717, 2012

Palabras clave: Leukaemia Transcritomic

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica funcional

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00071048

DOI: [10.1111/j.1365-2141.2012.09116.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2141.2012.09116.x)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Latitudinal patterns in rodent metabolic flexibility (Completo, 2012)

NAYA DE , SPANGENBERG L , NAYA H , BOZINOVIC F

American Naturalist, v.: 179 6 , - 179, 2012

Palabras clave: Metabolic flexibility

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00030147

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Translational selection on codon usage in the genus Aspergillus (Completo, 2012)

IRIARTE A , SANGUINETTI M , FERNANDEZ-CALERO T , NAYA H , RAMÓN A , MUSTO H
Gene, 2012

Palabras clave: codon usage Aspergillus

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 03781119

Scopus® WEB OF SCIENCE™

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

IRAOLA G , VAZQUEZ G , SPANGENBERG L , NAYA H

PLoS ONE, 2012

Palabras clave: Human pathogens 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™

Using high resolution melting analysis to identify variation of NPY, LEP and IGF-1 genes in Angus cattle (Completo, 2012)

TRUJILLO AI , PEÑAGARICANO F , GRIGNOLA MP , NICOLINI P , CASAL A , ESPASANDÍN AC , NAYA H , CARRIQUIRY M , CHILIBROSTE P

Livestock Science, 2012

Palabras clave: Angus cattle energy metabolism

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Ciencia Animal y Lechería / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 18711413

Scopus® WEB OF SCIENCE™

How does evolutionary variation in basal metabolic rates arise? A statistical assessment and a mechanistic model (Completo, 2012)

NAYA DE , SPANGENBERG L , NAYA H , BOZINOVIC F

Evolution, v.: 67 5 , p.:1463 - 1476, 2012

Palabras clave: Metabolic rate

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00143820

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

A Direct Role of Bardet-Biedl Syndrome Proteins in Transcriptional Regulation (Completo, 2011)

GASCUE C , TAN PL , CARDENAS-RODRIGUEZ M , LIBISCH G , FERNANDEZ-CALERO T , LIU YP , ASTRADA S , ROBELLO C , NAYA H , KATSANIS N , BADANO JL

Journal of Cell Science, 2011

Palabras clave: Bardet-Biedl

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00219533

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Identification of new microRNAs in paired normal and tumor breast tissue suggests a dual role for the ERBB2/Her2 gene (Completo, 2011)

PERSSON H , KVIST A , REGO N , STAAF J , VALLON-CHRISTERSSON J , LUTS L , LOMAN N , JONSSON G , NAYA H , HOGLUND M , BORG A , ROVIRA C

Cancer Research, v.: 71 1 , p.:78 - 76, 2011

Palabras clave: microRNAs Breast Cancer

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00085472

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Comparative genomic analysis of dinucleotide repeats in Tritryps (Completo, 2011)

DUHAGON MA , SMIRCICH P , FORTEZA D , NAYA H , WILLIAMS N , GARAT B

Gene, 2011

Palabras clave: TriTryps dinucleotide repeats

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 03781119

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

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

SPANGENBERG L , BATTKE F , GRAÑA M , NIESELT K , NAYA H

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[™]

Gene expression analysis identifies new candidate genes associated with the development of black skin spots in Corriedale sheep (Completo, 2011)

PEÑAGARICANO F , ZORRILLA P , NAYA H , ROBELLO C , URIOSTE JI

Journal of Applied Genetics, 2011

Palabras clave: black spots gene expression Corriedale sheeps

Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genómica funcional
Medio de divulgación: Papel
ISSN: 12341983
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Assessment of Poisson, Probit and linear models for genetic analysis of presence and number of black spots in Corriedale sheep (Completo, 2010)

PEÑAGARICANO F, URIOSTE JI, NAYA H, DE LOS CAMPOS G, GIANOLA D
Journal of Animal Breeding and Genetics-Zeitschrift Für Tierzucht Und Zuchtungsbiologie,
2010
Palabras clave: Generalized linear model Black spots in Corriedale
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa
ISSN: 09312668
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Identification of relations between risk factors and their pathologies or health conditions by mining scientific literature (Completo, 2010)

HAMON T, GRAÑA M, RAGGIO V, GRABAR N, NAYA H
MEDINFO 2010 Proceedings of the 13th World Congress on Medical and Health Informatics, v.:
160 p.:964 - 968, 2010
Palabras clave: Risk factors Natural language processing
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la
Información y Bioinformática / Bioinformática
ISSN: 09269630
DOI: [10.3233/978-1-60750-588-4-964](https://doi.org/10.3233/978-1-60750-588-4-964)
Scopus®

L2-Boosting algorithm applied to high dimensional problems in genomic selection (Completo, 2010)

GONZALEZ-RECIO O, WEIGEL K, GIANOLA D, NAYA H, ROSA GJM
Genetical Research, v.: 92 p.:227 - 237, 2010
Palabras clave: dense markers L2-boosting algorithm
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa
Medio de divulgación: Papel
ISSN: 00166723
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Immunoglobulin heavy chain V-D-J gene rearrangement and mutational status in Uruguayan patients with chronic lymphocytic leukemia (Completo, 2010)

BIANCHI S, MORENO P, LANDONI AI, NAYA H, OPPEZZO P, DIGHIRO G, GABUS R,
PRITSCH O
Leukemia and Lymphoma, v.: 51 11 , p.:2070 - 2078, 2010
Palabras clave: Chronic Lymphocytic Leukemia
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /
Medio de divulgación: Papel
ISSN: 10428194
Scopus® WEB OF SCIENCE™

High-throughput screening using pseudotyped lentiviral particles: a strategy for the identification of HIV-1 inhibitors in a cell-based assay (Completo, 2009)

GARCÍA JM, GAO A, HE PL, CHOI J, TANG W, BRUZZONE R, SCHWARTZ O, NAYA H, NAN FJ,
LI J, ALTMAYER R, ZUO JP
Antiviral Research, v.: 81 3 , p.:239 - 247, 2009
Palabras clave: HIV Pseudotyped lentiviral particles High-throughput screening HTS Cocktail
library NNRTI
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / HIV
Medio de divulgación: Papel
ISSN: 01663542

Predicting Quantitative Traits with Regression Models for Dense Molecular Markers and Pedigrees (Completo, 2009)

DE LOS CAMPOS G, NAYA H, GIANOLA D, CROSSA J, LEGARRA A, MANFREDI E, WEIGEL K, COTES JM

Genetics, v.: 182 p.:375 - 385, 2009

Palabras clave: dense markers

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Estadística

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00166731

DOI: [10.1534/genetics.109.101501](https://doi.org/10.1534/genetics.109.101501)

Scopus®

Oxygen and GC profiles in marine environments (Completo, 2009)

ROMERO H, PEREIRA E, NAYA H, MUSTO H

Journal of Molecular Evolution, v.: 69 p.:203 - 206, 2009

Palabras clave: GC content aerobiosis Metagenomics

Areas de conocimiento:

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

Computacional

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00222844

DOI: [10.1007/s00239-009-9230-9](https://doi.org/10.1007/s00239-009-9230-9)

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Predictive ability of direct genomic values for Lifetime Net Merit of Holstein sires using selected subsets of single nucleotide polymorphism markers (Completo, 2009)

WEIGEL K, DE LOS CAMPOS G, GONZALEZ-RECIO O, NAYA H, WU XL, LONG N, ROSA GJM, GIANOLA D

Journal of Dairy Science, v.: 92 p.:5248 - 5257, 2009

Palabras clave: dense markers predictive ability

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00220302

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Composition profile of the human genome at the chromosome level (Completo, 2009)

SABBIA V, ROMERO H, MUSTO H, NAYA H

Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, v.: 27 p.:361 - 370, 2009

Palabras clave: GC content human genome compositional profile

Areas de conocimiento:

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

Computacional

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 07391102

Scopus® WEB OF SCIENCE™

A comparison between Poisson and Zero-inflated Poisson regression models with an application to number of black spots in Corriedale sheep (Completo, 2008)

NAYA H, URIOSTE JI, CHANG YM, RODRIGUES-MOTTA M, KREMER R, GIANOLA D

Genetics Selection Evolution, v.: 40 p.:379 - 394, 2008

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 0999193X

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Toward a global database for the molecular typing of Saccharomyces cerevisiae strains (Completo,

2008)

JUBANY S , TOMASCO I , PONCE DE LEÓN I , MEDINA K , CARRAU F , ARRAMBIDE N , NAYA H , GAGGERO C

Fems Yeast Research, v.: 8 p.:472 - 484, 2008

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Biología Molecular

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

Información y Bioinformática / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15671356

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Small RNAs analysis in CLL reveals a deregulation of miRNA expression and novel miRNA candidates of putative relevance in CLL pathogenesis (Completo, 2008)

MARTON S , GARCIA MR , ROBELLO C , PERSSON H , TRAJTENBERG F , PRITSCH O , ROVIRA C , NAYA H , DIGHIRO H , CAYOTA A

Leukemia, v.: 22 p.:330 - 338, 2008

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática / Bioinformática

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica Funcional del

Cáncer

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 08876924

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Genetic variability in calving success in Aberdeen Angus cows under extensive recording (Completo, 2007)

URIOSTE JI , CHANG YM , NAYA H , GIANOLA D

Animal, v.: 1 p.:1081 - 1088, 2007

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 17517311

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Trends of amino acid usage in the proteins from the human genome (Completo, 2007)

SABBIA V , PIOVANI R , RODRÍGUEZ-MASEDA H , NAYA H , ROMERO H , MUSTO H

Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, v.: 25 p.:55 - 59, 2007

Areas de conocimiento:

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

Evolutiva

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 07391102

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Genomic GC level, optimal growth temperature, and genome size in prokaryotes. (Completo, 2006)

MUSTO H , NAYA H , ZAVALA A , ROMERO H , ALVAREZ-VALIN F , BERNARDI G

Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 347 1 , p.:1 - 3, 2006

Palabras clave: prokaryotes genome evolution genome size GC level optimal growth temperature

Areas de conocimiento:

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

Evolutiva

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 0006291X

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Inferring parameters shaping amino acid usage in prokaryotic genomes via Bayesian MCMC methods. (Completo, 2006)

NAYA H , GIANOLA D , ROMERO H , URIOSTE JI , MUSTO H

Molecular Biology and Evolution, v.: 23 1 , p.:203 - 211, 2006

Palabras clave: genome evolution Bayesian methods MCMC amino acid usage linear models GC content

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 07374038

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Genomic GC content prediction in prokaryotes from a sample of genes. (Completo, 2005)

ZAVALA A , NAYA H , ROMERO H , SABBIA V , PIOVANI R , MUSTO H

Gene, v.: 357 2 , p.:137 - 143, 2005

Palabras clave: Genome Bacteria Estimator Prediction

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 03781119

Scopus® WEB OF SCIENCE™

The correlation between genomic G+C and optimal growth temperature of prokaryotes is robust: a reply to Marashi and Ghalanbor. (Completo, 2005)

MUSTO H , NAYA H , ZAVALA A , ROMERO H , ALVAREZ-VALIN F , BERNARDI G

Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 330 2 , p.:357 - 360, 2005

Palabras clave: genome evolution isochores DNA thermodynamic stability

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 0006291X

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Correspondence analysis of amino acid usage within the family Bacillaceae. (Completo, 2004)

NAYA H , ZAVALA A , ROMERO H , RODRÍGUEZ-MASEDA H , MUSTO H

Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 325 4 , p.:1252 - 1257, 2004

Palabras clave: genome evolution optimal growth temperature genomic GC proteome multivariate analysis

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 0006291X

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Correlations between genomic GC levels and optimal growth temperatures in prokaryotes. (Completo, 2004)

MUSTO H , NAYA H , ZAVALA A , ROMERO H , ALVAREZ-VALIN F , BERNARDI G

FEBS Letters, v.: 573 1 3, p.:73 - 77, 2004

Palabras clave: genome evolution isochores DNA thermodynamic stability

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00145793

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Aerobiosis increases the genomic guanine plus cytosine content (GC%) in prokaryotes. (Completo, 2002)

NAYA H , ROMERO H , ZAVALA A , ALVAREZ B , MUSTO H

Journal of Molecular Evolution, v.: 55 3 , p.:260 - 264, 2002

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00222844

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Trends in codon and amino acid usage in *Thermotoga maritima*. (Completo, 2002)

ZAVALA A, NAYA H, ROMERO H, MUSTO H

Journal of Molecular Evolution, v.: 54 5 , p.:563 - 568, 2002

Palabras clave: amino acid usage codon usage amino acid frequency *Thermotoga maritima* GC3 content

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00222844

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Translational selection shapes codon usage in the GC-rich genome of *Chlamydomonas reinhardtii*. (Completo, 2001)

NAYA H, ROMERO H, CARELS N, ZAVALA A, MUSTO H

Febs Letters, v.: 501 2 3, p.:127 - 130, 2001

Palabras clave: codon usage translational selection mutational bias *Chlamydomonas reinhardtii*

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 00145793

Scopus® WEB OF SCIENCE™

NO ARBITRADOS

Evolutionary and comparative genomics of *leptospira* (Completo, 2007)

REGO N, NAYA H, LAMOLLE G, ALVAREZ-VALIN F

Electronic Journal of Communication Information and Innovation in Health, v.: 1 2 , 2007

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19816286

10.3395/reciis.v1i2.Sup.103en

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Base de datos del genero *Eucalyptus*; respuesta para garantizar su trazabilidad. (2012)

Resumen

VALENZUELA S, TORRES-DINI D, NAYA H

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Ciudad: Balneario Solís

Año del evento: 2012

Palabras clave: *Eucalyptus*

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Estudio metagenómico en suelos forestados con *Eucalyptus* (2012)

Resumen

VALENZUELA S , TORRES-DINI D , CARRASCO-LETELIER L , NAYA H

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: Metagenómica

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Predicción de patogenicidad bacteriana en humanos (2012)

Resumen

IRAOLA G , VAZQUEZ G , SPANGENBERG L , NAYA H

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: patogenicidad

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Estudios bioinformáticos de la diferenciación de células madre mesenquimales con tecnologías de nueva generación (2012)

Resumen

SPANGENBERG L , ABUD AP , SHIGUNOV P , COFRE A , KULIGOVSKY C , STIMAMIGLIO M , CORREA A , NAYA H , DALLAGIOVANNA B

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: Células madre

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

¿Somos lo que comemos? ARNs pequeños de origen bacteriano, vegetal y animal presentan una amplia distribución en tejidos humanos (2012)

Resumen

TOSAR ROVIRA JP , BONILLA B , SANGUINETTI J , NAYA H , CAYOTA A

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: pequeños ARNs

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Selección contra fibras pigmentadas en ovinos corriedale: estudio de la expresión de genes candidatos asociados a la melanogénesis (2012)

Resumen

ALONSO N , ZORRILLA P , PEÑAGARICANO F , NAYA H , URIOSTE JI , ROBELLO C

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: fibras pigmentadas

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Trypanosoma cruzi secreta microvesículas al medio con relevancia en la comunicación celular (2012)

Resumen

GARCÍA-SILVA MR, CABRERA-CABRERA F, SANGUINETTI J, GÜIDA MC, ROBELLO C, FERNANDEZ-CALERO T, NAYA H, CAYOTA A

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: Trypanosoma cruzi

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Un modelo para explicar la evolución reciente de la tasa metabólica basal (2012)

Resumen

NAYA DE, SPANGENBERG L, NAYA H, BOZINOVIC F

Evento: Nacional

Descripción: XIV Jornadas de la SUB

Año del evento: 2012

Palabras clave: tasa de metabolismo basal

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología / Ecofisiología

Medio de divulgación: Papel

Genes de inmunoglobulinas en el genoma bovino (2012)

Resumen

MEGRIAN D, NAYA H, PRITSCH O

Evento: Nacional

Año del evento: 2012

Palabras clave: inmunoglobulinas

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Impactos físicos en el suelo por cerdos en pastoreo (2012)

Resumen

MONTEVERDE S, DEL PINO A, PIAGGIO J, NAYA H

Evento: Nacional

Descripción: 7as. Jornadas Técnicas de Veterinaria

Año del evento: 2012

Palabras clave: producción de cerdos a campo impacto físico en suelo

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel

Correlaciones genéticas entre definiciones alternativas de fibras pigmentadas en ovinos corriedale (2012)

Resumen

SANCHEZ AL, URIOSTE JI, NAYA H, NEIMAUR K, SIENRA I, KREMER R

Evento: Regional

Descripción: XXXVII Congreso de la Sociedad Chilena de Producción Animal

Año del evento: 2012

Palabras clave: fibras pigmentadas

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel

<http://www.sochipa.cl/congreso/ocs/index.php/congreso2012/Congreso2012/paper/view/40>

Metales pesados en la producción de cerdos a campo (2011)

Resumen

MONTEVERDE S, DEL PINO A, PIAGGIO J, NAYA H

Evento: Nacional

Descripción: 7as. Jornadas Técnicas de Veterinaria

Año del evento: 2011

Palabras clave: metales pesados producción de cerdos a campo

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel

Something like a needle in a haystack: Search for an etiological virus candidate in chronic lymphocytic leukaemia by extensive transcriptome analysis (2011)

Resumen

NAYA H, REGO N

Evento: Regional

Descripción: Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional

Ciudad: Córdoba

Año del evento: 2011

Palabras clave: Chronic Lymphocytic Leukemia Viral etiology Next Generation Sequencing

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

Revisiting the GC content aerobiosis hypothesis (2011)

Resumen

VALENZUELA S, SPANGENBERG L, REGO N, ROMERO H, NAYA H

Evento: Regional

Descripción: Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional

Ciudad: Córdoba

Año del evento: 2011

Palabras clave: GC content aerobiosis 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 / Genómica evolutiva

Medio de divulgación: Internet

Process automation system for bioinformatics tasks using pipelines database (2011)

Resumen

ELÍAS WR, POYAY L, NAYA H

Evento: Regional

Descripción: Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional

Ciudad: Córdoba

Año del evento: 2011

Palabras clave: bioinformatics pipelines

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática / Bioinformática

Genetic parameter estimation of black spots and fleece traits in Corriedale sheep (2011)

Resumen

SANCHEZ AL, URIOSTE JI, PEÑAGARICANO F, NAYA H, NEIMAUR K, SIENRA I, KREMER R

Evento: Regional

Descripción: XXXVI Congreso de la Sociedad Chilena de Producción Animal

Ciudad: Punta Arenas, Chile

Año del evento: 2011

Palabras clave: fibras pigmentadas

Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia
Medio de divulgación: Papel

Identification of relations between risk factors and their pathologies or health conditions by mining scientific literature (2010)

Completo
HAMON T , GRAÑA M , RAGGIO V , GRABAR N , NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: 13th World Congress on Medical and Health Informatics
Ciudad: Cape Town, South Africa
Año del evento: 2010
Palabras clave: Text mining
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática
Medio de divulgación: Papel

Genetic Analysis of Black Spots in Corriedale Sheep Using Poisson, Probit and Linear Models (2010)

Completo
PEÑAGARICANO F , URIOSTE JI , NAYA H , DE LOS CAMPOS G , GIANOLA D

Evento: Internacional
Descripción: 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.
Ciudad: Leipzig, Germany
Año del evento: 2010
Palabras clave: Generalized Linear Models Dark spots in sheep
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa
Medio de divulgación: Papel

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

Resumen
SPANGENBERG L , REGO N , ROMERO H , NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: ISCB-LA 2010
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2010
Palabras clave: Comparative model
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución
Medio de divulgación: CD-Rom

Understanding implications of tissue-specific codon usage in human (2010)

Resumen
FERNANDEZ T , SPANGENBERG L , CHAPARRO A , REGO N , MARIN M , NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: ISCB-LA 2010
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2010
Palabras clave: codon usage
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Computacional
Medio de divulgación: CD-Rom

Lifestyle, gene repertory and base composition bias in spirochetes (2010)

Resumen
REGO N , GRAÑA M , LAMOLLE G , ALVAREZ-VALIN F , NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: ISCB-LA 2010
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2010
Palabras clave: Leptospira comparative genomics
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Computacional
Medio de divulgación: CD-Rom

Integrated in silico-wet biology approach for improving the annotation of Babesia bigemina perforin family (2010)

Resumen
NAYA H, PETRIGH R, REGO N, VALENTINI B, ECHAIDE I, FARBER M

Evento: Internacional
Descripción: ISCB-LA 2010
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2010
Palabras clave: Babesia perforins
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Computacional
Medio de divulgación: CD-Rom

Improving Meta-Analysis based GWAS through data quality management (2009)

Resumen
RUGGIA R, NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: Microsoft Research Conference
Ciudad: Seattle
Año del evento: 2009
Palabras clave: GWAS
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática
Medio de divulgación: Papel

Simulación de la estructuración geográfica de la variabilidad genética en especies del género Paspalum: Deriva Genética o Dominancia Genotípica (2009)

Resumen
GONZALEZ-REYMÚNDEZ A, NAYA H, SPERANZA P

Evento: Nacional
Descripción: XIV Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias
Año del evento: 2009
Palabras clave: simulaciones espaciales de genotipos
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Computacional
Medio de divulgación: CD-Rom

Scaling properties of biopolymers assessed through protein crystal structures (2009)

Resumen
GRAÑA M, ROMERO H, DANS P, NAYA H

Evento: Internacional
Descripción: ISMB/ECCB 2009
Ciudad: Estocolmo
Año del evento: 2009
Palabras clave: comparative genomics
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Computacional

Medio de divulgación: Papel

REGRESIÓN DE POISSON Y POISSON CON EXCESO DE CEROS APLICADA AL MODELADO DE LUNARES EN OVEJAS CORRIEDALE (2007)

Resumen

NAYA H, URIOSTE JI, CHANG YM, RODRIGUES-MOTTA M, KREMER R, GIANOLA D

Evento: Nacional

Descripción: XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Año del evento: 2007

Palabras clave: Poisson con exceso de ceros ZIP

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Bioestadística

Medio de divulgación: Papel

REDUCCIÓN GENÓMICA EN ESPIROQUETAS PATÓGENAS (2007)

Resumen

REGO N, NAYA H, ALVAREZ-VALIN F

Evento: Nacional

Año del evento: 2007

Palabras clave: genómica comparativa Leptospira

Areas de conocimiento:

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

Computacional

Medio de divulgación: Papel

Variability in pigmentation levels on Corriedale sheep: Preliminary results. 2. Pigmentation in non-fleece areas (2007)

Resumen

PEÑAGARICANO F, URIOSTE JI, LOPEZ R, LLANEZA F, LAFUENTE C, LOPEZ MASS C, NAYA H, KREMER R

Evento: Internacional

Descripción: XX Congreso de ALPA

Ciudad: Cusco

Año del evento: 2007

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: CD-Rom

Variability in pigmentation levels on Corriedale sheep: Preliminary results. 2. Pigmentation in non-fleece areas (2007)

Resumen

URIOSTE JI, PEÑAGARICANO F, LOPEZ R, LLANEZA F, LAFUENTE C, LOPEZ MASS C, NAYA H, KREMER R

Evento: Internacional

Descripción: XX Congreso de ALPA

Ciudad: Cusco

Año del evento: 2007

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Scaling in Biology: Exploring Surface-to-Volume Ratios and other Properties within Thousands of X-ray Structures (2007)

Resumen

ROMERO H, GRAÑA M, DANS P, NAYA H

Evento: Internacional

Descripción: ECCB2006

Ciudad: Eilat

Año del evento: 2007

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: CD-Rom

An heuristic approach to incorporate prior information into prokaryotic genomic GC prediction (2006)

Resumen

NAYA H , ROMERO H

Evento: Internacional

Descripción: ISMB, 2006

Ciudad: Fortaleza

Año del evento: 2006

Áreas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Otros

Comparative Methods in Genomics from a Bayesian MCMC Perspective (2006)

Completo

NAYA H

Evento: Internacional

Descripción: Global Dialogues on Emerging Science and Technology

Ciudad: Petrópolis

Año del evento: 2006

Palabras clave: métodos Bayesianos MCMC

Áreas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Otros

Codon instability at high GC level in the comparison between Human and Chimpanzee (2006)

Resumen

PIOVANI R , NAYA H , SABBIA V , MUSTO H

Evento: Internacional

Descripción: ISMB, 2006

Ciudad: Fortaleza

Año del evento: 2006

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: CD-Rom

Estimación del contenido G+C genómico a partir de una muestra de genes (2006)

Completo

NAYA H , ROMERO H , REGO N , ARRAMBIDE N

Evento: Internacional

Descripción: 2das. Jornadas de la Red Iberoamericana de Bioinformática

Ciudad: Buenos Aires

Año del evento: 2006

Palabras clave: contenido G+C algoritmos heurísticos

Áreas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Internet

Characterization of homogeneous and heterogeneous regions in the human genome and compositional features of individual chromosomes (2006)

Resumen

SABBIA V , PIOVANI R , NAYA H , MUSTO H

Evento: Internacional

Descripción: ISMB, 2006

Ciudad: Fortaleza

Año del evento: 2006

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: CD-Rom

Poisson and Zero-Inflated Poisson regression applied to the modeling of black spots in corriedale sheep (2006)

Resumen

NAYA H , URIOSTE JI , CHANG YM , RODRÍGUEZ-MOTTA M , KREMER R , GIANOLA D

Evento: Internacional

Descripción: 8th WCGALP

Año del evento: 2006

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros

Selective forces driving Guanine+Cytosine (GC%) content in prokaryotes (2004)

Resumen

ROMERO H , NAYA H , ZAVALA A , MUSTO H , ALVAREZ-VALIN F , BERNARDI G

Evento: Internacional

Descripción: ECCB/ISMB

Ciudad: Glasgow

Año del evento: 2004

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Otros

Selective forces and GC% content in prokaryotes (2004)

Resumen

ROMERO H , NAYA H , ZAVALA A , MUSTO H , ALVAREZ-VALIN F , BERNARDI G

Evento: Internacional

Descripción: Gordon Conference on Theoretical Biology and Biomathematics

Ciudad: Tilton, NH

Año del evento: 2004

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Otros

Codon usage in Cyprinidae fishes, evidence of translational selection (2003)

Resumen

ZAVALA A , ROMERO H , NAYA H , MUSTO H

Evento: Internacional

Descripción: XIX International Congress of Biochemistry and Molecular Biology

Ciudad: Toronto

Año del evento: 2003

Areas de conocimiento:

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

Evolutiva
Medio de divulgación: Otros

Presencia de fibras pigmentadas en una majada experimental Corriedale (2003)

Resumen
PEREIRA GI , DE MIQUELERENA JM , URIOSTE JI , NAYA H , LÓPEZ C , SURRACO L

Evento: Internacional
Descripción: 12º Congreso Mundial Corriedale
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2003
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Medio de divulgación: Otros

Incidence of skin spot and pigmentation in Corriedale sheep (2003)

Resumen
KREMER R , URIOSTE JI , NAYA H , ROSÉS L , RISTA L , LÓPEZ C

Evento: Internacional
Descripción: IX World Congress in Animal Production
Ciudad: Porto Alegre
Año del evento: 2003
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Medio de divulgación: Otros

Identification of production environments in Angus populations of Brazil and Uruguay using cluster analysis (2003)

Resumen
ESPASANDÍN AC , URIOSTE JI , NAYA H , ROSÉS L , RISTA L , LÓPEZ C

Evento: Internacional
Descripción: IX World Congress in Animal Production
Ciudad: Porto Alegre
Año del evento: 2003
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Medio de divulgación: Otros

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. I Descripción de la población (2002)

Resumen
URIOSTE JI , NAYA H , CHILIBROSTE P

Evento: Regional
Descripción: Congreso de AAPA
Ciudad: Buenos Aires
Año del evento: 2002
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Medio de divulgación: Otros

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. II Ajuste de un modelo bifásico (2002)

Resumen
NAYA H , URIOSTE JI , CHILIBROSTE P

Evento: Regional
Descripción: Congreso de AAPA
Ciudad: Buenos Aires
Año del evento: 2002
Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Medio de divulgación: Otros

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. III Implicancias biológicas de las curvas de lactancia multifásicas (2002)

Resumen

CHILIBROSTE P , NAYA H , URIOSTE JI

Evento: Regional

Descripción: Congreso de AAPA

Ciudad: Buenos Aires

Año del evento: 2002

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros

Identification of production environment and presence of GxE interaction in Uruguay using Holstein Herds records (2002)

Resumen

NAYA H , URIOSTE JI , FRANCO J

Evento: Internacional

Descripción: 7th WCGALP

Ciudad: Montpellier

Año del evento: 2002

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros

Rearrangement and the (2001)

Resumen

ROMERO H , ZAVALA A , NAYA H , MUSTO H

Evento: Internacional

Descripción: 27th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies

Ciudad: Lisboa

Año del evento: 2001

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Otros

Uso de codones sinónimos en *Oncorhynchus mykiss*: evidencias de selección (2000)

Resumen

ZAVALA A , NAYA H , ROMERO H , MUSTO H

Evento: Nacional

Descripción: Congreso de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2000

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Otros

Hidrofobicidad, propiedades composicionales, uso de codones sinónimos y frecuencia de aminoácidos en los genomas completamente secuenciados de las bacterias *Neisseria meningitidis* y *Thermotoga maritima* (2000)

Resumen

NAYA H , MUSTO H , ROMERO H , ZAVALA A

Evento: Nacional

Descripción: 2º Encuentro de Jóvenes Biólogos

Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2000
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva
Medio de divulgación: Otros

Producción técnica

PRODUCTOS

BacFier: a Java software for the classification of bacterial pathogenesis (2012)

Software, Obra

NAYA H, SPANGENBERG L

BacFier es un software para predecir si una bacteria es patógena para los humanos basado en su composición genómica

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: Parcialmente ANII a través de beca de doctorado a Lucía Spangenberg

Palabras clave: patogenicidad bacteriana

Áreas 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

NAYA H, SPANGENBERG L

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: ANII parcialmente (beca de doctorado a Lucía Spangenberg)

Palabras clave: amino acid properties phylogenetic mixed model R packages

Áreas 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>

TRABAJOS TÉCNICOS

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus (2004)

Informe o Pericia técnica

URIESTE JI, NAYA H, RAVAGNOLO O, AGUILAR I

País: Uruguay

Idioma: Español

Palabras clave: Evaluación Genética

Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus (2003)

Informe o Pericia técnica

URIESTE JI, DE MATTOS D, NAYA H, RAVAGNOLO O, SOARES DE LIMA JM, CALISTRO A

País: Uruguay

Idioma: Español

Disponibilidad: Irrestringida

Palabras clave: Evaluación Genética

Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa
Medio de divulgación: Papel

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus (2002)

Informe o Pericia técnica
URIOSTE JI, NAYA H
Catálogo para la selección de reproductores de la raza Aberdeen Angus
País: Uruguay
Idioma: Español
Disponibilidad: Irrestringida

Palabras clave: Evaluación Genética
Áreas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa
Medio de divulgación: Papel

Otras Producciones

CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

Introducción a la Genómica Médica (2018)

NAYA H
Otro
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 1 semanas
Lugar: Institut Pasteur de Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur de Montevideo
Palabras clave: Genómica Médica
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica Médica

Human Genome Tour 2016. From NGS technologies to Evolutionary and Medical Genomics (2016)

NAYA H
Otro
País: Uruguay
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 3 semanas
Lugar: Institut Pasteur de Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur de Montevideo
Palabras clave: Human Genome Bioinformatics Biological Anthropology Medical Genomics
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Analysis & Prediction of Complex Traits Using Whole-Genome Regression Methods (2015)

NAYA H, Gianola D, FARIELLO, M.I.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 1 semanas
Lugar: Institut Pasteur de Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur de Montevideo
Palabras clave: Prediction Whole-Genome Regression

Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Estadística

INDA Hands-on NGS-GWS course (2015)

NAYA H , Fontes M , Loucoubar C
Otro
País: Senegal
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 2 semanas
Lugar: Université Gaston Berger
Ciudad: Saint Louis
Institución Promotora/Financiadora: Réseau International des Instituts Pasteur
Palabras clave: Bioinformatics Next Generation Sequencing
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

First Tripartite Course in Bioinformatics (2015)

NAYA H , Fontes M , Araújo da Silva W
Otro
País: Brasil
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 2 semanas
Lugar: Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto-USP
Ciudad: Ribeirão Preto
Institución Promotora/Financiadora: Réseau International des Instituts Pasteur
Palabras clave: Bioinformatics Next Generation Sequencing Genomics
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Hands on course on High Through-put Technologies on Sequencing data (2014)

NAYA H , Fontes M
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Organizador
Duración: 2 semanas
Lugar: Institut Pasteur de Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Réseau International des Instituts Pasteur
Palabras clave: Bioinformatics Genomics Next Generation Sequencing
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

II International Workshop on Molecular Biology and Evolution of Viruses Bioinformatics in the Tropics

III: Bayesian Analysis (2014)

NAYA H
Otro
País: Brasil
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Docente
Duración: 1 semanas
Lugar: FIOCRUZ-Salvador
Ciudad: Salvador
Institución Promotora/Financiadora: FIOCRUZ
Palabras clave: Bayesian Analysis Phylogenetics

Áreas de conocimiento:

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

Curso Teórico-Práctico em Genômica e Evolução (2014)

NAYA H , ROMERO H

Otro

País: Brasil

Idioma: Portugués

Medio divulgación: Internet

Tipo de participación: Organizador

Duración: 1 semanas

Lugar: Universidade Federal da Bahia

Ciudad: Salvador

Institución Promotora/Financiadora: Posgraduação em Genetica, Universidade Federal da Bahia

Palabras clave: Genómica Evolución

Áreas de conocimiento:

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

Análise de dados de NGS e suas aplicações em vírus e procariontes (2013)

NAYA H , ROMERO H

Otro

País: Brasil

Idioma: Portugués

Medio divulgación: Internet

Tipo de participación: Docente

Duración: 2 semanas

Lugar: Instituto Oswaldo Cruz

Ciudad: Río de Janeiro

Institución Promotora/Financiadora: Posgraduação em Biología Computacional, Instituto Oswaldo Cruz

Palabras clave: Bioinformática Virus Procariontes

Áreas de conocimiento:

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

Genômica de procariontes (2013)

NAYA H , LUCIA SPANGENBERG

Otro

País: Brasil

Idioma: Portugués

Medio divulgación: Internet

Tipo de participación: Organizador

Duración: 4 semanas

Lugar: Universidade Federal da Bahia

Ciudad: Salvador

Institución Promotora/Financiadora: Posgraduação em Genetica, Universidade Federal da Bahia

Palabras clave: Bioinformática Procariontes Next Generation Sequencing

Áreas de conocimiento:

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

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

COMITÉ EDITORIAL

Computers in Biology and Medicine (2011 / 2011)

Cantidad: Menos de 5

Frontiers in Genetics (2011 / 2011)

Cantidad: Menos de 5

Miembro del Review Editorial Board para Frontiers in Livestock Genomics

Biomathematics (2011 / 2011)

Cantidad: Menos de 5

Miembro del Editorial Board

Journal of Molecular Evolution (2007 / 2008)

Cantidad: Menos de 5

Gene (2006 / 2011)

Cantidad: De 5 a 20

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

POSGRADO

Optimización de metodologías para la reconstrucción de vías metabólicas a partir de datos genómicos en el phylum Spirochaetes (2018)

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Maestría en Bioinformática (Institut Pasteur de Montevideo) , Uruguay

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Ignacio Ferrés

Medio de divulgación: Papel

País/Idioma: Uruguay, Español

Palabras Clave: Spirochaetes ortólogos

Areas de conocimiento:

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

Patrones de evolución molecular en genes del eje hormona de crecimiento / factor de crecimiento relacionado a insulina en caviomorfos y platirrininos neotropicales (2017)

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Natalia Rego

Medio de divulgación: Papel

País/Idioma: Uruguay, Español

Areas de conocimiento:

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

Desarrollo y aplicación de herramientas computacionales para el análisis taxonómico y patogenómico de procariotas (2016)

Tesis de doctorado

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Gregorio Iraola

Medio de divulgación: Papel

País/Idioma: Uruguay, Español

Palabras Clave: bioinformática patogenómica

Areas de conocimiento:

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

Plataformas de workflows científicos basadas en tecnologías avanzadas de middleware (2013)

Tesis de maestría
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Programa: PEDECIBA
Tipo de orientación: Asesor/Orientador
Nombre del orientado: Guzmán Llambías
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Workflows científicos
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Aspectos bioinformáticos de pequeños ARNs no codificantes (2012)

Tesis de maestría
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas // , Uruguay
Programa: PEDECIBA
Nombre del orientado: Álvaro Pena
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: microRNAs Algoritmos de predicción de genes blanco
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Detección de loci bajo selección en poblaciones subdivididas utilizando marcadores SNP densos (2012)

Tesis de doctorado
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay
Programa: Doctorado en Ciencias Biológicas
Nombre del orientado: María Inés Fariello
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: test de selección marcadores SNPs densos
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de poblaciones

Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación y autorenovación de las células madre adultas (2010)

Tesis de doctorado
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Programa: PEDECIBA
Nombre del orientado: Lucía Spangenberg
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Bioinformática Integración de información Células madre
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Caracterización genética de la presencia de lunares en la raza Corriedale mediante enfoques cuantitativos y moleculares (2009)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay
Programa: Maestría en Ciencias Agrarias
Nombre del orientado: Francisco Peñaricano
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: análisis de expresión por microarrays fibras pigmentadas comparación de modelos
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

GRADO

Genes de inmunoglobulinas en el genoma bovino (2012)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay
Programa: Licenciatura en Bioquímica
Nombre del orientado: Daniela Megrian
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: inmunoglobulinas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Caracterización de presencia de ortólogos y parálogos en diferentes especies del género *Leptospira*, con reconstrucción de diferentes vías (2012)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay
Programa: Licenciatura en Bioquímica
Nombre del orientado: Gabriel Martínez
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: *Leptospira* ortólogos / parálogos
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Caracterización de una familia de metiltransferasas hipotéticas de función desconocida de *Mycobacterium tuberculosis* mediante el uso de herramientas bioinformáticas y análisis de Microarrays (2009)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay
Programa: Licenciatura en Bioquímica
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Leonardo Delgado
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: predicción de función metiltransferasas *Mycobacterium tuberculosis*
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Sistema de Recuperación de Evidencia Experimental (2009)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay
Programa: Ingeniería en Computación
Nombre del orientado: Gabriela Romero
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Procesamiento de Lenguaje Natural evidencia experimental
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Aerobiosis, evolución del contenido GC en procariontes y la explosión de datos genómicos: varios años después (2009)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay
Programa: Licenciatura en Ciencias Biológicas
Nombre del orientado: Sebastián Valenzuela
Medio de divulgación: Papel

País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: procariotas contenido GC aerobiosis
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Computacional

Diseño e implementación de base de datos y pipelines flexibles de análisis para genómica comparativa de espiroquetas (2009)

Tesis/Monografía de grado
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Entre Ríos, Argentina
Programa: Licenciatura en Bioinformática
Nombre del orientado: Luisina Pocay, Walter Elía
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Argentina, Español
Palabras Clave: genómica comparativa pipelines de análisis
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Aspectos bioinformáticos de pequeños ARNs (2008)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR, Uruguay
Programa: Licenciatura en Ciencias Biológicas
Nombre del orientado: Álvaro Pena
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: microRNAs Leucemia Linfocítica Crónica
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática
Defensa acordada para el 20 de diciembre 2011

Análisis de Información en Citometría de Flujo (2008)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay
Programa: Ingeniería en Computación
Nombre del orientado: Germán Viera, Gastón Pirez, Julián Magnone
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: High Throughput Flow Cytometry Análisis de datos multidimensionales
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Buscando relaciones entre enfermedades y genes a partir de la literatura biomédica (2008)

Tesis/Monografía de grado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR, Uruguay
Programa: Ingeniería en Computación
Nombre del orientado: Federico Romero, Helena Muñoz
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Procesamiento de Lenguaje Natural relación gen-enfermedad
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

OTRAS

Actividad tejida específica del Receptor de Estrógenos: herramientas bioinformáticas para el análisis comparativo de expresión génica (2009)

Iniciación a la investigación

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Nombre del orientado: Tamara Fernandez
Medio de divulgación: Papel
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: genómica comparativa uso de codones análisis de expresión por microarrays
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformática

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Clasificación de variantes en el genoma humano mediante aprendizaje automático y redes de expertos, con énfasis en enfermedades raras (2018)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Maestría en Bioinformática (Institut Pasteur de Montevideo) , Uruguay
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Camila Simoes
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Bioinformática Genómica Médica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Análisis Metagenómico de suelos bajo cultivo de Eucalyptus grandis (2012)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay
Programa: Maestría en Bioinformática
Nombre del orientado: Sebastián Valenzuela
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Metagenómica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Caracterización tejida específica de expresión de tRNAs y componentes de la maquinaria traduccional humana: integración de datos masivos de perfiles de expresión con ensayos cuantitativos (2010)

Tesis de maestría
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Programa: PEDECIBA
Nombre del orientado: Tamara Fernandez
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: Bioinformática tRNAs
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Otros datos relevantes

JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS

Heredabilidades y correlaciones entre características de longevidad y reproducción en ganado Aberdeen Angus en Uruguay (2018)

Candidato: Andrea Larracharte
Tipo Jurado: Tesis de Maestría
NAYA H, I. AGUILAR, BALDI F.
Maestría en Ciencias Agrarias / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR / Uruguay

País: Uruguay
Idioma: Español
Palabras Clave: Mejoramiento Genético Animal Carne
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético Animal

Polymorphisme érythrocytaire : approche anthropologique et interprétation de patterns de diversité génétique, entre peuplement et sélection (2018)

Candidato: Florence Petit
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado
NAYA H , Noizat-Pirenne F , Baragatti M , Mazières S
ECOLE DOCTORALE 251 Sciences de l'Environnement / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Université Aix-Marseille / Francia
País: Francia
Idioma: Francés
Palabras Clave: Bioinformática Antropología Biológica Grupos Sanguíneos
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Antropología Biológica

Herramientas bioinformáticas para el análisis estructural de proteínas a escala genómica (2017)

Candidato: Leandro Gabriel Radusky
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado
NAYA H , Durán FJ , Davio CA
Licenciatura en Ciencias Químicas / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Facultad de Ciencias Exactas y Naturales Universidad de Buenos Aires / Argentina
País: Argentina
Idioma: Español
Palabras Clave: Bioinformática Proteómica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Estimación de parámetros genéticos en características reproductivas y productivas para la raza Holando en Uruguay (2016)

Candidato: Nicolás Frioni
Tipo Jurado: Tesis de Maestría
NAYA H , ESPASANDIN, ANA C. , O. RAVAGNOLO
Maestría en Ciencias Agrarias / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
Palabras Clave: Mejoramiento Genético Animal Leche
Areas de conocimiento:
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético Animal

Caracterización del Transcriptoma de Riñón del Ratón Oliváceo Sudamericano *Abrothrix olivacea* (2014)

Candidato: Facundo Giorello
Tipo Jurado: Tesis de Maestría
NAYA H , ROMERO H , GUERBEROFF G. R.
Maestría en Bioinformática / Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
Palabras Clave: Bioinformática Transcriptómica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Plataforma para la evaluación de calidad de datos: aplicación a experimentos con Microarrays (2010)

Candidato: Lorena Etcheverry
Tipo Jurado: Tesis de Maestría

CANCELA H, CABALLERO I, MAROTTA A, NAYA H
Maestría en Informática (UDELAR-PEDECIBA) / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
Palabras Clave: Calidad de datos Microarrays
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Algoritmos de predicción de la estructura secundaria en proteínas (2006)

Candidato: Elisa Budelli
Tipo Jurado: Pregrado
WONSEBER D, TESTURI C, CANCELA H, NAYA H
Ingeniería en Computación / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
orientadores: Alfredo Viola y Fernando Álvarez-Valín

La mutación, la función y la evolución (2006)

Candidato: Guillermo Lamolle
Tipo Jurado: Tesis de Maestría
MUSTO H, NUNES E, NAYA H
Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
PEDECIBA - Genética orientador: Fernando Álvarez-Valín

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes (2005)

Candidato: Diego Espinosa
Tipo Jurado: Pregrado
CANCELA H, MOTZ R, NAYA H
Ingeniería en Computación / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
orientador: Carlos Testuri

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes (2005)

Candidato: Pablo Gallo
Tipo Jurado: Pregrado
CANCELA H, MOTZ R, NAYA H
Ingeniería en Computación / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
orientador: Carlos Testuri

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes (2005)

Candidato: Federico Sotto
Tipo Jurado: Pregrado
CANCELA H, MOTZ R, NAYA H
Ingeniería en Computación / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
orientador: Carlos Testuri

Descripción de diferentes tipos de pigmentación en la zona de vellón y no vellón en una majada experimental Corriedale (2004)

Candidato: Gonzalo Pereira

Tipo Jurado: Pregrado
 URIOSTE JI, KREMER R, NAYA H
 Ingeniería Agronómica / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República /
 Facultad de Agronomía - UDeLaR / Uruguay
 País: Uruguay
 Idioma: Español
 orientador: José I. Urioste

Información adicional

Miembro del Editorial Board de Frontiers in Livestock Genomics (Frontiers in Genetics).
 Miembro del Editorial Board de ISRN Biomathematics.

Miembro del Steering Committee, ISCB-LA 2010, Montevideo.
 Miembro del Steering Committee, ISCB-LA 2012, Santiago de Chile.
 Chair de la sesión "Systems Biology", Symposium on Statistical Genetics of Livestock for the Post-Genomic Era, Madison (WI), 2009. (10/02/2010).
 Coordinador de la Maestría en Bioinformática – PEDECIBA. 2010–2011.
 Coordinador Alternativo de la Maestría en Bioinformática – PEDECIBA. 2009–2010.
 Miembro suplente del Comité Científico del Área (Biología) PEDECIBA. 2009–2010.

Electo representante (suplente) a la ASAMBLEA del CLAUSTRO de Facultad de Ciencias por el orden Egresados. Período 2004-2005.

Electo representante (titular) a la ASAMBLEA del CLAUSTRO de Facultad de Ciencias por el orden Egresados. Período 2002-2004.
 (14/12/2011)

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	121
Artículos publicados en revistas científicas	72
Completo	72
Trabajos en eventos	49
PRODUCCIÓN TÉCNICA	15
Productos tecnológicos	2
Trabajos técnicos	3
Otros tipos	10
EVALUACIONES	5
Evaluación de publicaciones	5
FORMACIÓN RRHH	21
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	18
Tesis de maestría	5
Tesis/Monografía de grado	9
Iniciación a la investigación	1
Tesis de doctorado	3
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	3
Tesis de maestría	3

