



NATALIA REGO DO MATO

Dra.



natalia@pasteur.edu.uy

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas

Categorización actual: Iniciación (Activo)

Fecha de publicación: 16/03/2026
Última actualización: 16/03/2026

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 / Unidad de Bioinformática

Dirección: Mataojo 2020 / 11400

País: Uruguay / Montevideo / Montevideo

Teléfono: (598) 25220910 / 121

Correo electrónico/Sitio Web: natalia@pasteur.edu.uy

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

Biología Celular y Molecular (2018 - 2024)

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas - Área Biología (PEDECIBA), Uruguay
Título de la disertación/tesis/defensa: Regulación post-transcripcional por microRNAs en respuesta a la infección por Trypanosoma cruzi
Tutor/es: Carlos Robello - Carlos Rovira - Juan Pablo Tosar
Obtención del título: 2024

MAESTRÍA

Maestría en Ciencias Biológicas (2007 - 2017)

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas - Área Biología (PEDECIBA), Uruguay
Título de la disertación/tesis/defensa: Evolución de las vías de señalización INS-IGFs en mamíferos: aproximación genómica para el estudio de sus receptores
Tutor/es: Hugo Naya - Enrique P. Lessa
Obtención del título: 2017

GRADO

Licenciatura en Ciencias Biológicas (1992 - 2006)

Universidad de la República - Facultad de Ciencias, Uruguay
Título de la disertación/tesis/defensa: Filogeografía e historia demográfica de *Oligoryzomys flavescens* (Rodentia: Sigmodontinae) con implicancia en la epidemiología de hantavirus en la cuenca del Río de la Plata
Tutor/es: Guillermo D Elía Vargas
Obtención del título: 2007

Formación complementaria

CONCLUIDA

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Wellcome Connecting Science: Single Cell Technologies: Practical Approaches Advancing Research - Latin America and the Caribbean (07/2025 - 07/2025)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Costa Rica / Universidad de Costa Rica y Wellcome Connecting Science , Costa Rica
40 horas

SincellTE 2024 - 5th Workshop in single cell data analyses : Transcriptomics, Spatial and Long-reads (10/2024 - 10/2024)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS) , Francia
32 horas

Glasgow Bioinformatics Summer School: bioinformatics of advanced single-cell transcriptomics (08/2024 - 08/2024)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / University of Glasgow , Escocia
45 horas

Capacitación: 10X Genomics, Chromium Next GEM Single Cell 3? Library Preparation; dictado por BioSystems y 10X Genomics (07/2023 - 07/2023)

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

International Training Workshop on Single Cell Transcriptomics (01/2022 - 01/2022)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / National Institute of Biomedical Genomics , India
40 horas

Bioinformatics Workshop on Virus Evolution and Molecular Epidemiology COVEME 2021 (08/2021 - 09/2021)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz - RJ / Fiocruz y Ku Leuven , Brasil
31 horas

Tópicos avanzados de biología celular del ARN (11/2020 - 12/2020)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Facultad de Ciencias Exactas y Naturales Universidad de Buenos Aires , Argentina
56 horas

Computational Systems Immunology Course (12/2019 - 12/2019)

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

Behind the trees: maths and methods in phylogenetics (by Olivier Gascuel) (10/2019 - 10/2019)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Réseau international des instituts Pasteur , Uruguay
40 horas

Assembly and annotation of genomes (02/2019 - 02/2019)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Freie Universität Berlin / Physalia Courses , Alemania
45 horas

Entrenamiento en secuenciación de tercera generación (long reads) (04/2018 - 04/2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Macrogen Korea , Corea del Sur
40 horas

Innate immunity and infectious diseases (03/2017 - 03/2017)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institut Pasteur Paris , Francia
66 horas

V Curso internacional de biología molecular de tripanosmátidos (11/2016 - 11/2016)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Rosario , Argentina
68 horas

III Escuela Latinoamericana de Evolución: Genómica Evolutiva y Aplicada (11/2013 - 11/2013)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Buenos Aires , Argentina
60 horas

Escola de estudos avançados em Genômica: Decodificando o DNA não-codificador (08/2013 - 09/2013)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Centro Argentino- Brasileiro de Biotecnología , Brasil
77 horas

Scientific databases y manejo de datos (big data) (09/2013 - 09/2013)

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

EMBO Practical Course: Computational Molecular Evolution (04/2012 - 05/2012)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Hellenic Centre for Marine Research , Grecia
95 horas

Entrenamiento en secuenciación en Illumina GAIx (por Illumina Inc, EEUU) (06/2011 - 06/2011)

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

Next Generation Sequencing (NGS) data analysis (11/2010 - 11/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Organismos internacionales / Organismos Internacionales / United Nations University , Uruguay
39 horas

Temas en Análisis de secuencias (por Gastón Gonnet; Maestría Bioinformática) (09/2010 - 09/2010)

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

Cladística: métodos cuantitativos de clasificación (08/2010 - 08/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Nacional de Tucumán , Argentina
45 horas

I Escuela Latinoamericana de Evolucion (09/2009 - 09/2009)

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

Machine Learning and Statistical Learning for Bioinformatics and Genetics (12/2008 - 12/2008)

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

Instituto de Higiene - Wellcome Trust: Working with Pathogen Genomes (11/2008 - 11/2008)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Medicina , Uruguay
40 horas

Instituto de Higiene - Wellcome Trust: Working with the Human Genome Sequence (12/2007 - 12/2007)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Medicina , Uruguay
20 horas

Modelos lineales en genética cuantitativa y mejoramiento animal (curso de postgrado) (05/2007 - 06/2007)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía , Uruguay
35 horas

Curso de Posgrado: Modelos lineales en genética cuantitativa y mejoramiento animal (05/2007 - 06/2007)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Agronomía ,
Uruguay
35 horas

EMBO Practical Course: Bioinformatics and Comparative Genome Analysis (03/2007 - 03/2007)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institut Pasteur de Tunis , Túnez
124 horas

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

Latin American Cell Map Project and Single-Cell Sequencing Workshop (LatinCells - Chan Zuckerberg Initiative grant CZI-2021-240108) (2026)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Aging Research Center of Cinvestav, Mexico, México, México
Alcance geográfico: Internacional

Latin American Cell Map Project and Single-Cell Sequencing Workshop (LatinCells - Chan Zuckerberg Initiative grant CZI-2021-240108) (2025)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Aging Research Center of Cinvestav, Mexico, México
Alcance geográfico: Internacional

2025 Human Cell Atlas General Meeting (2025)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: Human Cell Atlas, Singapur
Alcance geográfico: Internacional

Institut Roche & Roche research sprint event -multi-agent AI driven data analytics (2025)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Roche Institut, Brasil
Alcance geográfico: Internacional

CZI Workshop: Community-Based Microglial Taxonomy Working Group (2025)

Tipo: Simposio
Institución organizadora: Chan Zuckerberg Initiative, Estados Unidos
Alcance geográfico: Internacional

Insights Lab Research Camp & Pre-Camp 2024 (2024)

Tipo: Otro
Institución organizadora: Institut Roche, Uruguay
Alcance geográfico: Internacional

Single Cell LATAM Symposium: Connecting Communities and Advancing Research (2024)

Tipo: Simposio
Institución organizadora: Brazilian National Institute of Cancer(INCA) y Wellcome Connecting Science (WCS), Brasil
Alcance geográfico: Internacional

EMBO Workshop: The molecular and cellular basis of regeneration and tissue repair (2024)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: EMBO, Francia
Alcance geográfico: Internacional

SARS-CoV-2 two years on: science meets the challenge (2021)

Tipo: Simposio
Institución organizadora: EMBL, Alemania

Segundo encuentro bienal de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular (2020)

Tipo: Encuentro

Institución organizadora: Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular del Uruguay, SBBM, Uruguay

II Reunión Argentina de Biología de ARNs no codificantes (2018)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Universidad Nacional de Quilmes, CONICET, RNA Society, Argentina

V Simposio internacional de biología celular y molecular de enfermedad de Chagas (2016)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Universidad Nacional de Rosario y UNU-BIOLAC, Argentina

OTRAS INSTANCIAS

Taller de Comunicación Asertiva, organizado por PEDECIBA (2024)

Uruguay

Taller Herramientas para el Manejo del Estrés Laboral, organizado por PEDECIBA (2024)

Uruguay

IDB45x: Liderazgo femenino: potencia tus habilidades e impulsa el cambio (IDBx, iniciativa de aprendizaje en línea del Banco Interamericano de Desarrollo mediante edX) (2022)

Estados Unidos

Idiomas

Inglés

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

Francés

Entiende regular / Habla regular / Lee regular /

Portugués

Entiende regular / Lee regular /

Español

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

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

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

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

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

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Inflamación y regeneración

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica evolutiva

Actuación profesional

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

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (12/2024 - a la fecha) Trabajo relevante

Investigador Adjunto 40 horas semanales

Desde diciembre 2024 adquiero la posición de Investigadora Adjunta en la Unidad de Bioinformática del IPMon, lugar en el que trabajo desde 2006. Esto se vincula a mi desarrollo reciente en la investigación de mecanismos moleculares e inmunológicos que regulan la inflamación, regeneración y respuesta celular en el contexto de enfermedades neurodegenerativas, autoinmunes, infecciosas y cáncer, los cuales concentran la mayor parte de mis horas de trabajo. Metodológicamente, me especializo en análisis de datos transcriptómicos de célula única, con varios de este tipo de experimentos realizándose o por ser realizados en los nuevos proyectos en los que estoy involucrada.

Funcionario/Empleado (01/2022 - 11/2024)

Técnico Adjunto Senior 40 horas semanales

A partir del programa de nivelación institucional que ocurrió en IPMon, a partir de enero de 2022 mi cargo se establece como "Técnico Adjunto Senior". Durante dos años consolidé la concentración de las temáticas de los proyectos en los que me involucré, con un foco principal en inmunoregulación y neuroinflamación. En 2021, inicié mi entrenamiento en el análisis de datos transcriptómicos/genómicos de tipo de célula única, los cuales logré incorporar en varias de las líneas de investigación que integro, incluyendo un FCE modalidad II del cual soy responsable.

Funcionario/Empleado (09/2006 - 12/2021)

Asistente Técnico 40 horas semanales / Dedicación total

Integro la Unidad de Bioinformática (responsable Dr. Hugo Naya) desde 2006 realizando principalmente análisis de datos de secuenciación masiva (transcriptómica y genómica) en colaboración con otros investigadores, principalmente del IPMon pero también de UdelaR, otras instituciones nacionales como INIA y múltiples internacionales. Si bien este cargo técnico me permitió involucrarme en proyectos muy diversos, desde 2018 empecé a concentrar buena parte de mi carga horaria en el estudio de la interfase ARN, estrés celular, respuesta a infección de parásitos y virus, inflamación e inmunidad innata. Durante buena parte de la pandemia de COVID-19 hubo un paréntesis en el que desarrollé tareas de vigilancia genómica de SARS-CoV-2 y análisis de la difusión, transmisión y evolución del virus en el país. Asociado al cargo participé del dictado de numerosos cursos nacionales e internacionales, así como intervine en el entrenamiento de pasantes y estudiantes que se formaron en mi Unidad.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Análisis de datos transcriptómicos y desarrollo de capacidades para el análisis de datos de RNAseq de célula única (01/2008 - a la fecha)

Análisis de datos transcriptómicos, Illumina principalmente, pero antes también en 454 y más recientemente con tecnologías de reads ultra largos como PacBio y Oxford Nanopore. Análisis de perfiles de pequeños ARNs, así como predicción de nuevos genes (especialmente miRNAs). Análisis de splicing alternativo y regulación de la expresión génica; redes de interacción. Desde 2021 me entreno y analizo datos de single cell RNA-seq. A partir de distintos proyectos que integro o dirijo, estoy teniendo la oportunidad de involucrarme desde las etapas del diseño de la estrategia experimental, haciéndose algunos de los experimentos con el 10X Chromium existente en el instituto. También tengo experiencia en el análisis de datos de célula única obtenidos con otras tecnologías como ser Parse Biosciences. En un sentido más amplio, a corto plazo estaré involucrada también en el análisis de datos transcriptómicos espaciales y también multi-modales, con lo que podré contribuir ampliamente a la cultura bioinformática para el análisis de estas ómicas de vanguardia. En paralelo apuesto a la formación de estudiantes, subrayando el dictado de cursos de grado y posgrado sobre scRNAseq (y también RNAseq) en Facultad de Ciencias y para PEDECIBA Biología y Bioinformática. También dirijo tesis de Maestría en Bioinformática donde el objetivo es el desarrollo de métodos para el análisis de datos de single-cell RNA-seq.

15 horas semanales , Coordinador o Responsable

Equipo: REGO N., MARCELO HILL , H. PELUFFO , ÁLVAREZ-VALÍN, F , OTTO, TD , SEGOVIA, RUSSO, RE

Mecanismos inmunológicos y moleculares en la inflamación y regeneración del sistema nervioso central (01/2022 - a la fecha)

Esta línea de investigación se centra en comprender los mecanismos moleculares e inmunológicos que regulan la inflamación y la regeneración del sistema nervioso central (SNC) en diversos contextos patológicos. Aborda la regeneración funcional tras lesiones traumáticas de médula espinal, comparando especies con capacidad regenerativa (como la tortuga *Trachemys scripta*) con modelos murinos, y explora la contribución de inmunoreceptores como CD300f en la resolución de la inflamación y la eliminación de restos celulares y lipídicos. Además, incluye el estudio de fenotipos microgliales en enfermedades neurodegenerativas, como el Alzheimer y también en el envejecimiento, así como los fenotipos astrogiales y su vínculo con la esclerosis lateral amiotrófica (ELA). Metodológicamente, incorpora el uso de tecnologías avanzadas como single cell RNA-seq y transcriptómica espacial. Otra impronta es el análisis de los resultados en contextos evolutivos y comparativos. Por otra parte, la línea se complementa con las colaboraciones establecidas con el Laboratorio de Inmunorregulación e Inflamación del IPMon, donde se abordan preguntas similares pero focalizadas en TMEM176B y en células inmunes (células T Th17, células T CD8 exhaustas, células dendríticas y también macrófagos y microglía) lo que potencia el desarrollo metodológico y conceptual. A mediano y largo plazo, los resultados apuntan a identificar nuevas dianas terapéuticas y vías moleculares implicadas en la modulación de la inflamación, el metabolismo celular y la reparación tisular.

Fundamental

20 horas semanales , Coordinador o Responsable

Equipo: REGO N. , ALVAREZ-VALIN, F , RUSSO, RE , FALCO M.V , Gabriela FABBIANI , H. PELUFFO , LAGO, N. , LÓPEZ VALES R , OTTO T.D. , MARCELO HILL , SEGOVIA , RUSSO S

Impacto de la diversidad genética en el fenotipo molecular de las células inmunes (scRNA-seq en LatinCells) (01/2025 - a la fecha)

LatinCells es una iniciativa latinoamericana financiada por la Chan Zuckerberg Initiative (programa "Ancestry Networks for the Human Cell Atlas", grant CZI-2021-240108) que genera un atlas de referencia de células inmunes sanguíneas y tejido de vesícula biliar de poblaciones indígenas y mestizas de Brasil, Chile, Colombia, México, Perú, Uruguay. Estos datos, junto con un portal abierto de capacitación y análisis, ampliarán la representación regional en el Human Cell Atlas y sentarán las bases para estrategias de medicina de precisión adaptadas a la diversidad genética latinoamericana. En este proyecto participo en el grupo bioinformático que analiza los datos de transcriptomas de PBMCs del consorcio y, en particular, en el análisis más específico de los datos obtenidos de los donantes uruguayos.

Fundamental

5 horas semanales , Integrante del equipo

Equipo: REGO N. , LUCIA SPANGENBERG , Camila Simoes , NAYA H

Inmunotranscriptómica de controladores de elite de VIH (01/2024 - a la fecha)

Esta línea de investigación explora los mecanismos de control natural del VIH analizando los cambios transcripcionales en PBMCs de una cohorte de controladores de elite brasileños. Al comparar sus perfiles de expresión génica con los de personas no infectadas e infectadas no controladoras, buscamos identificar factores antivirales intrínsecos y moduladores inmunitarios clave que permiten suprimir la replicación viral en ausencia de terapia antirretroviral. Los hallazgos pretenden revelar dianas terapéuticas para impulsar estrategias de cura funcional del VIH.

Fundamental

5 horas semanales , Integrante del equipo

Equipo: REGO N. , BELLO G

Estudio de la respuesta de células hospederas a la infección temprana por *Trypanosoma cruzi* (06/2015 - 03/2024)

Esta línea se inició con mi doctorado, siendo el Dr. Carlos Robello mi tutor principal, con co-tutoría del Dr. Carlos Rovira inicialmente y del Dr. Juan Pablo Tosar posteriormente. Esta línea tuvo como objetivo aportar al conocimiento sobre la interacción humano-parásito, así como evaluar el rol y la contribución de los diferentes mecanismos de regulación de la expresión génica en dicha interacción. La investigación se focalizó en el estudio del rol que los ARNs no codificantes tienen en la infección temprana, en particular el rol de los microRNAs y otros pequeños ARNs de interés. Algunos resultados interesantes obtenidos condujeron a que en 2020 incorporáramos el estudio de los patrones de splicing que se modifican con la infección. Otra área de trabajo corresponde al estudio de la respuesta de la placenta murina a la infección por aislados especializados en la transmisión vertical.

Fundamental

3 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo
Equipo: REGO N., ROBELLO, C., GREIF, G., TOSAR, J.P.

Estudio de los genes macpf-perforina en Babesia (Apicomplexa) (03/2008 - 06/2015)

Supuso la anotación de los genes para proteínas con dominio macpf-perforina-like en los contigs de Babesia bigemina (genoma secuenciado en el Sanger Institute), así como el estudio de la evolución de esta familia génica en los protozoarios del phylum Apicomplexa. El trabajo se realizó en colaboración con el INTA-Castelar, Argentina.

Fundamental

5 horas semanales

Unidad de Bioinformática, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: NAYA H., PETRIGH R., FARBER M.

Genómica comparativa en Leptospiras (01/2007 - 12/2009)

Genómica comparativa en espiroquetas del género Leptospira, con énfasis en el estudio del incremento en el contenido G+C genómico que ocurriría en algunas especies, cuando reducen su tamaño genómico en paralelo a la reducción en el rango de huésped. Este fenómeno estaría en aparente contradicción con los paradigmas sobre minimalismo en microorganismos, reducción genómica y cambio en el contenido G+C. Se describió el cambio del tamaño genómico, contenido GC y uso de codones y aminoácidos, contenido génico y transferencia horizontal de genes, así como cambios en los ritmos de evolución molecular.

5 horas semanales

Unidad de Bioinformática, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: NAYA H., ALVAREZ-VALIN, F., LAMOLLE G., GRAÑA, M.

Anotación automática y manual de contigs de Trypanosoma congolense y T. vivax (06/2008 - 03/2009)

Anotación automática y manual de contigs de Trypanosoma congolense y T. vivax, en el marco del proyecto FPTA N730_124 (FCIEN-INIA-IPMON), "Desarrollo de capacidades bioinformáticas en el área de anotación genómica", que coordinaron los doctores Fernando Álvarez-Valín, Fabián Capdeville y Hugo Naya.

Fundamental

10 horas semanales

Red de Anotación Genómica, Unidad de Bioinformática, Integrante del equipo

Equipo: NAYA H., ALVAREZ-VALIN, F., LAMOLLE G., CAPDEVILLE F., PONCE DE LEÓN M., S. GARAYCOCHEA, ARRAMBIDE N., BERNA, L., PIOVANI R., RUÉTALO N.

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Enhancing microglial immunometabolic phenotype in Alzheimer's Disease by targeting human CD300f immune receptor (2023 - 2026) (11/2023 - a la fecha)

Basados en la hipótesis de que el inmurreceptor CD300f contribuye a establecer un fenotipo microglial neuroprotector durante el envejecimiento, el proyecto evaluará el efecto del CD300f humano en dos modelos de ratón clínicamente relevantes y correlacionará su función con la progresión de la enfermedad mediante el seguimiento del CD300f soluble en el líquido cefalorraquídeo humano. Complementariamente, el efecto de un alelo particular del CD300f será evaluado mediante transcriptómica espacial de muestras de cerebro de pacientes con enfermedad de Alzheimer's de inicio tardío, para entender el papel del CD300f in vivo en el fenotipo microglial. Proyecto financiado por Fundació Pasqual Maragall (Pasqual Maragall Researchers Programme-PMRP-2022), España

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Equipo: REGO N., H. PELUFFO (Responsable), HENEKA, M (Responsable)

Unraveling the mechanisms of action underlying the therapeutic effects of Maresin-1 in Amyotrophic Lateral Sclerosis (2024-2027) (10/2024 - a la fecha)

Este es un proyecto coordinado por Ruben López Vales, investigador de la Universidad Autónoma de Barcelona, con financiamiento de Fundación Luzón - Unidos contra la ELA, España. En este proyecto mi rol se define como "líder de equipo" y me haré cargo del diseño y análisis de experimentos de scRNA-seq. La esclerosis lateral amiotrófica (ELA) es una enfermedad neurodegenerativa mortal como resultado de la degeneración de motoneuronas. La inflamación juega un papel clave en ELA; estudios de vanguardia han identificado una familia de lípidos,

conocidos como mediadores especializados en la resolución de la inflamación, como la Maresina-1 (MaR1), que promueven activamente la resolución de la inflamación. López Vales ha descubierto que la producción de MaR1 es defectuosa en pacientes y roedores con ELA, y su administración muestra efectos terapéuticos superiores al Riluzol. El objetivo principal de esta propuesta es elucidar los mecanismos terapéuticos de la MaR1 en la ELA, incluida la identificación de su receptor, las vías moleculares por las cuales actúa, y sus efectos sobre la inflamación. Mi participación involucra el diseño y análisis de experimentos de scRNA-seq (suspensiones de células de médula espinal de ratones con modelo de ELA de genotipo wild type o carentes del receptor de MaR1) los cuales, combinados con estudios de gliosis, aportarán a elucidar el mecanismo molecular por el cual MaR1 media su efecto protector.

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:4

Financiación:

Fundación Francisco Luzón, España, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., LÓPEZ VALES R. (Responsable), H. PELUFFO, RUBBO, H., LAGO, N.

Descifrando el papel del inmuno receptor CD300f en la inflamación y el metabolismo lipídico en lesión medular y otras condiciones desmielinizantes (2024-2026) (09/2024 - a la fecha)

Proyecto liderado por la Dra. Natalia Lago de la Universidad Autónoma de Barcelona y financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España. Mi rol en este proyecto está relacionado al diseño y análisis de experimentos de scRNAseq. La inflamación crónica tras lesiones medulares traumáticas genera un microambiente proinflamatorio que daña tejidos sanos, siendo clave la eliminación de restos de mielina para permitir la regeneración. El inmuno receptor CD300f, expresado en microglía, actúa como sensor de lípidos asociados a daño y facilita la fagocitosis de restos celulares. Datos recientes sugieren que su ausencia empeora la recuperación funcional tras la lesión medular, debido a la acumulación de lípidos en microglía/macrófagos, destacando su papel esencial en la resolución de la inflamación y la regeneración tisular. El proyecto busca comprender los mecanismos por los cuales CD300f contribuye a la recuperación funcional tras una lesión medular traumática y si puede constituir una posible herramienta terapéutica. Preguntas que se quieren contestar: ¿cuál es el papel del CD300f en la regulación del fenotipo microglial y de células mieloides periféricas tras lesión medular? y ¿qué papel ejerce el CD300f en la fagocitosis y limpieza de mielina y lípidos tóxicos en lesiones desmielinizantes?

3 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (Gobierno de España), España, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., LAGO, N. (Responsable), RUBBO, H

Caracterización de las vías inmunopatogénicas controladas por TMEM176B en las EncefalomiELITIS Autoinmunes (2025-2027) (03/2025 - a la fecha)

Código: FCE_3_2024_1_180768 El canal catiónico TMEM176B ejerce un efecto inmunoprotector en la encefalomiELITIS autoinmune experimental (EAE), el modelo murino de la esclerosis múltiple, mitigando la inflamación y la desmielinización. Partiendo de esta evidencia, el proyecto investiga cómo TMEM176B modula la EAE, mediante análisis transcriptómicos de célula única y modelos computacionales de señalización Th17, con miras a descubrir puntos de intervención terapéutica. En particular participaré del diseño, análisis e interpretación de los datos transcriptómicos.

5 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., SEGOVIA, MARCELO HILL, RUSSO S, D'ANATRO A, NAYA H, LAGO, N., Lucia Gutierrez Aguiar, OLIVERA D (Responsable)

REJOIN-seq: hacia la detección temprana de enfermedades crónicas basada en el uso de ARNs intrínsecamente estables en biofluidos (2024-2026) (05/2024 - a la fecha)

Código: FMV_1_2023_1_176438 El proyecto optimiza y valida REJOIN-seq, una tecnología patentada que repara ARN extracelular dañado para hacer visibles una nueva familia de moléculas de ARN intrínsecamente estables en biofluidos. Al aplicar este método a muestras clínicas, se buscan pruebas de concepto que habiliten biopsias líquidas mínimamente invasivas capaces de detectar tempranamente cáncer de pulmón y Enfermedad de Parkinson, mejorando así el diagnóstico y las opciones terapéuticas.

5 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:2

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., Sofia Dacosta Viotti, Irene Litvan, Alfonso CAYOTA GUZIKOVSKY, Valentina Blanco Camacho, Bruno Alejo Costa Camacho, Sofia Montenegro Fagalde, Juan Pablo TOSAR

ROVIRA (Responsable)

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / ARNs circulantes y biotecnología del ARN

Bases genómicas, transcriptómicas y epigenéticas de la cistogénesis espontánea en cepas silvestres de Toxoplasma gondii (03/2026 - a la fecha)

Código: FCE_1_2025_1_186700 Este proyecto investiga los mecanismos genéticos, transcriptómicos y epigenéticos que regulan la cistogénesis espontánea en cepas atípicas silvestres de Toxoplasma gondii aisladas en Brasil y Uruguay. Mediante el análisis de la cinética de formación de quistes, la estructura genómica y perfiles transcriptómicos —incluyendo transcriptómica de célula única— se busca identificar los determinantes moleculares asociados a este proceso. En este proyecto participo en el desarrollo y análisis de los experimentos de transcriptómica de célula única.

5 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., BERNA, L., MARIA E FRANCIA, FARAL-TELLO, P

Mecanismos moleculares de la transmisión vertical en la enfermedad de Chagas FCE_1_2023_1_176477 (2024 - 2026) (03/2024 - 02/2026)

Este proyecto se centra en el estudio de la transmisión vertical (TV) de Trypanosoma cruzi, patógeno causante de la enfermedad de Chagas. Recientemente se aislaron y caracterizaron cepas del parásito especializadas en TV a través de tres generaciones, utilizando un modelo murino para explorar los mecanismos moleculares subyacentes. El proyecto se enfoca en la interfase materno-fetal, investigando tanto las características genéticas de los aislados como la modulación de la respuesta inmune, que controla la infección pero no impide la TV. Este enfoque permite profundizar en cómo el parásito evita el sistema inmune materno y se transmite eficazmente de madre a hijo.

5 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., ROBELLO, C., GREIF, G., PAES-VIEIRA, LISVANE;VIEIRA, LISVANE PAES; PAES, Lisvane Silva (Responsable), ANDRES CABRERA

Atlas de tipos celulares en la médula espinal de la tortuga Trachemys scripta usando transcriptómica de núcleo-único (snRNAseq): implicancias para la regeneración FCE_3_2022_1_172635 (2023 - 2025) (06/2023 - 11/2025)

Elaboración de un atlas celular de médula espinal de la tortuga Trachemys scripta, usando

transcriptómica de núcleo-único (snRNA-seq). El atlas celular contribuirá al entendimiento de la capacidad de recuperación funcional que esta tortuga presenta luego de una lesión de médula espinal, lo cual se comparará con los datos provenientes de estudios en ratón que no recuperan funcionalidad. Este proyecto se realiza en el marco del FCE_3_2022_1_172635 del cual soy responsable (inicio de ejecución: 1 de junio de 2023).

20 horas semanales

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N. (Responsable), ALVAREZ-VALIN, F, Otto TD, RUSSO, RE, FALCO M.V, Gabriela FABBIANI, Guimaraes C

Análisis genómico y funcional de mitocondrias en Apicomplexa: Toxoplasma gondii y Neospora caninum como modelos de estudio de linajes mitocondriales no tradicionales CSIC I+D 2022 (2023 - 2025) (04/2023 - 09/2025)

Este proyecto propone analizar en profundidad el genoma mitocondrial de T. gondii y a modo comparativo, el de N. caninum, a partir de secuenciación genómica y transcriptómica, utilizando tecnologías de tercera generación, sobre fracciones enriquecidas en mitocondrias derivadas de poblaciones clonales. También proponemos la adaptación de metodologías de estudio de célula única para su uso con mitocondrias individuales. Esto permitirá resolver la diversidad de genomas mitocondriales a nivel del parásito y de la población y descifrar la enigmática topología del genoma mitocondrial. Asimismo, nos permitirá evaluar los mecanismos de generación de transcritos funcionales y el grado de plasticidad del genoma mitocondrial frente a estímulos exógenos. El fin último es entender la relevancia biológica de esta peculiar mitocondria y su rol en la patogénesis de estos exitosos y mortíferos parásitos.

3 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., BERNA, L. (Responsable), MARIA E FRANCIA, Luciana CHIRIBAO GARCIA, ALVAREZ-VALIN, F

Role of CD300f immune receptor in Alzheimer's Disease: from microglial immunometabolism to cognitive impairment MICINN 2021 (2022 - 2025) (09/2022 - 08/2025)

El proyecto tiene como objetivo el estudio del rol del inmuno receptor CD300f en la regulación del fenotipo micoglial y su función en la modificación de la patología de la enfermedad de Alzheimer. Mi rol se vincula al análisis de datos transcriptómicos de tipo single-cell, con el objetivo estudiar precisamente los fenotipos inmunometabólicos de la microglía en un modelo de AD (ratón). Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación del Gobierno de España, llamado 2021.

5 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

Equipo: REGO N., H. PELUFFO (Responsable), LAGO, N.

Mecanobiología en la patogénesis de la enfermedad renal: regulación del proceso de ciliogénesis durante el desarrollo de quistes renales. FCE_1_2021_1_167256 (2022 - 2024) (04/2022 - 03/2025)

Mi participación consiste en el diseño y análisis de datos transcriptómicos de túbulos renales aislados del estadio larval de Danio rerio, con objetivo de identificar vías de señalización, factores de transcripción y quinasas que se inducen durante la formación de quistes renales. A partir de estos resultados, identificar los elementos reguladores génicos que median la respuesta al estiramiento epitelial a nivel renal.

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Equipo: REGO N., LUCIA SPANGENBERG, BADANO JL, CÁRDENAS-RODRIGUEZ, M (Responsable), LEPANTO P, IRIGOÍN, F.

Caracterización de virus en murciélagos del Uruguay. Implicancias para la conservación de la biodiversidad e impacto en la salud humana y animal. FCE_1_2019_1_155570 (06/2020 - 05/2023)

Este proyecto exploró las poblaciones virales en murciélagos de Uruguay, enfocándose en virus zoonóticos y emergentes. Se combinó el análisis virológico con modelado ecológico para contribuir a la conservación de colonias portadoras.

8 horas semanales

Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: DELFRARO A. (Responsable), FRABASILE S. (Responsable), REGO N., BOTTO G., MOREIRA L.

Estudio del receptor inmune CD300f como regulador de la inflamación, el metabolismo y la longevidad con énfasis en el sistema nervioso central; CSIC I+D 2020 -184 (04/2021 - 03/2023)

Se investigó el papel del receptor inmune CD300f, crucial en diversos procesos fisiológicos y patologías como alergias, lupus y colitis, focalizando en su expresión en células mieloides y microglía, y su rol en la regulación de la inflamación. El estudio usó ratones con y sin CD300f para examinar su influencia en el envejecimiento, incluyendo alteraciones metabólicas, inflamatorias y neurodegenerativas. Se emplearon técnicas bioquímicas, histológicas y transcriptómicas para dilucidar cómo CD300f podría moderar la inflamación crónica y el metabolismo durante el envejecimiento. El proyecto también exploró tratamientos para mitigar los efectos de la deficiencia de CD300f.

8 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: H. PELUFFO (Responsable), REGO N., CASSINA P., LAGOS V., LAGO, N., PAOLINO A., REYES A.L., SAVIO E., ESCANDE C., EVANS, F., CASTILLO I., KREIMERMANN I.

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Inmunología / Neuroinflamación

Grupo de Trabajo Inter-institucional en vigilancia genómica de SARS-CoV-2 (03/2021 - 01/2022)

El Grupo de Trabajo Inter-Institucional en vigilancia genómica de SARS-CoV-2 (GTI) fue un grupo de más de 30 investigadores pertenecientes a UdelaR, Institut Pasteur de Montevideo, Sanatorio Americano y MSP. Realizó la vigilancia en tiempo real de los linajes y las variantes de SARS-CoV-2 (VOIs y VOCs) que ingresaron y circularon en el país, así como investigó el surgimiento de variantes locales. Además de investigación fundamental, el GTI remitió informes periódicos al Ministro de Salud; fue principalmente financiado por el Institut Pasteur de Montevideo.

4 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Equipo: REGO N., LUCIA SPANGENBERG, FERNÁNDEZ-CALERO T, IRAOLA G., SALAZAR C., FERRÉS I., MORENO P, COSTÁBILE, A, Paz M., Colina R, VNOYA, CECILIA ALONSO, MEDINA J, Medina Presentado J, ALBORNOZ H

Vigilancia epidemiológica del COVID-19 en las fronteras uruguayas y análisis de su transmisión en el interior del país (07/2020 - 12/2020)

El proyecto, financiado por la Fundación Manuel Pérez, Uruguay, colaboró en la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en Uruguay, focalizándose en la circulación viral que ocurre en los departamentos de frontera del país. Para ello, a partir de muestras de ARN obtenidas de los hisopados de pacientes positivos, se amplificó y secuenció el genoma viral (metodología ONT y protocolo ARTIC), para luego realizar los estudios filogeográficos y de epidemiología molecular correspondientes. El equipo describió dos de los principales brotes que ocurrieron en la región de frontera en el período mayo-julio 2020 y luego se analizaron muestras obtenidas en la primera ola COVID-19 (diciembre 2020 a febrero 2021). Se enviaron dos informes completos al GACH y se publicó un primer manuscrito científico sobre la conexión epidemiológica entre la frontera seca uruguaya y la región sureste de Brasil, en el período marzo a julio 2020. Los datos obtenidos sobre la circulación del linaje B.1.1.28, la introducción de la VOI P.2 y el cambio de la variante dominante en Rocha, en el período noviembre 2020 a febrero 2021, fueron incorporados en un manuscrito a nivel país en el cual se describe la variante P.6.

12 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Fundación Manuel Pérez, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: SPANGENBERG L. (Responsable), RODNEY C. (Responsable), NOYA V. (Responsable), REGO N., MIR D., BELLO G., FERNANDEZ-CALERO T., ALONSO C.

Desarrollo de inoculantes para la movilización de fósforo como insumo en la producción agrícola ALI_1_2014_1_5046 (10/2015 - 08/2019)

Este proyecto propuso, con un enfoque de co-innovación, el desarrollo de un inoculante basado en microorganismos del suelo capaces de incrementar la disponibilidad de fósforo para las plantas, a partir de fuentes orgánicas de P inmovilizado. Reunió un consorcio académico-empresarial nacional que involucra a dos de los principales actores en investigación (INIA, Institut Pasteur de Montevideo) y a las empresas de producción comercial de bioinsumos (Calister S.A., Lafoner S.A., Lage&Cia S.A.). Mi participación se vinculó a la obtención de los ensamblados genómicos de las bacterias seleccionadas, y al posterior análisis de su contenido génico y/o variantes nucleotídicas de modo de explicar a nivel genético el fenotipo observado. Además, se analizó in silico la posibilidad de que estas cepas seleccionadas pudiesen tener o no consecuencias en la salud ambiental (e.g. producción de toxinas, alérgenos).

8 horas semanales

INIA Las Brujas / IPMon - Espacio de Innovación, Plataforma de Bioinsumos / Unidad de

Bioinformática

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., ALTIER, N. (Responsable), IRAOLA G., S. GARAYCOCHEA, DALLA-RIZZA, M., ATILIO DEANA, BEYHAUT, E., M. CRISPO

Identificación de marcadores moleculares asociados con la resistencia a la infección por el Virus de la Leucosis Bovina mediante análisis transcriptómico de individuos controladores de la carga viral FSA_1_2013_1_12970 (10/2014 - 11/2017)

En este proyecto estuve a cargo del análisis de datos transcriptómicos provenientes de bovinos controladores y no controladores de la infección por BLV.

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo, Unidad de Bioinformática

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Dirección Nacional, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., PRITSCH, O. (Responsable)

Búsqueda de un agente etiológico viral de la leucemia linfocítica crónica FCE_2009_1_2611 (01/2011 - 06/2012)

Búsqueda de un agente etiológico de origen viral en transcriptomas obtenidos a partir de pacientes con leucemia linfocítica crónica. Se trabajó con datos transcriptómicos obtenidos con 454 e Illumina, en una aproximación de tipo "digital transcriptome subtraction".

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: NAYA H, DIGHIRO, G. (Responsable), PRITSCH, O., ROVIRA C., MORENO P., OPPEZZO P

DOCENCIA

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA) (03/2025 - a la fecha)

Maestría

Invitado

Asignaturas:

Seminarios de Bioinformática 2026, 18 horas, Teórico

Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas (10/2025 - 10/2025)

Doctorado

Responsable

Asignaturas:

Fundamentos y herramientas bioinformáticas para análisis genómicos, 45 horas, Teórico-Práctico

Curso internacional (06/2019 - 06/2019)

Especialización

Invitado

Asignaturas:

II International Course on Bioinformatics Analysis of RNA-Seq Data, Fiocruz Curitiba, Brasil, 40 horas, Teórico-Práctico

Cursos Institut Pasteur de Montevideo (11/2018 - 12/2018)

Especialización

Invitado

Asignaturas:

VII Curso de Biología Molecular de Tripanosomátidos y VII Simposio de Biología Molecular de Enfermedad de Chagas, 48 horas, Teórico-Práctico

Facultad de Ciencias-Licenciatura en Ciencias Biológicas (04/2018 - 06/2018)

Grado

Invitado

Asignaturas:

Genómica estructural y evolutiva, 46 horas, Teórico-Práctico

Cursos Institut Pasteur de Montevideo (09/2017 - 10/2017)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Hands-on metagenomics data analysis: tools for bioprospection in clinical and environmental microbiology, 40 horas, Teórico-Práctico

Cursos Institut Pasteur de Montevideo (03/2016 - 03/2016)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Human Genome Tour 2016, 40 horas, Teórico-Práctico

RIIP-Red Internacional de Institutos Pasteur (09/2015 - 09/2015)

Especialización

Invitado

Asignaturas:

INDA Hands-on NGS-statistics course, Saint Louis, Senegal, 60 horas, Teórico-Práctico

RIIP-Red Internacional de Institutos Pasteur (12/2014 - 12/2014)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

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

PEDECIBA (04/2013 - 05/2013)

Maestría

Asistente

Asignaturas:

Curso de scripting en Bash y Python orientado a la genómica computacional y evolutiva, 5 horas, Teórico-Práctico

PEDECIBA (07/2012 - 08/2012)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Generation of Libraries for Next Generation Sequencing, 40 horas, Teórico-Práctico

Cursos Institut Pasteur de Montevideo (11/2011 - 12/2011)

Especialización

Asistente

Asignaturas:

Functional Genomics in Biomedicine, 40 horas, Teórico-Práctico

PEDECIBA (08/2011 - 09/2011)

Maestría

Asistente

Asignaturas:

Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs, 15 horas, Teórico

EXTENSIÓN

Actividades de divulgación que incluyen: planeamiento y visita guiada de estudiantes escolares y liceales al IPMon, recibidos por la Unidad de Bioinformática (años 2022, 2023 y 2024); participación en Jornadas de Puertas Abiertas 2023 (IPMon); actividades para niños en vacaciones de julio en Montevideo Shopping "Louis Pasteur y la ciencia que nos dejó". (04/2022 - 08/2024)

1 horas

Entrevistas en medios de comunicación, vinculadas a la pandemia de COVID19. Más de tres en televisión (e.g. en Desayunos Informales sobre la detección de SARS-CoV-2 P.2 y el monitoreo en tiempo real de variantes el 8 de febrero), más de tres en radio (e.g. radio Del Sol FM sobre P.1 y la situación epidemiológica en el país el 25 de mayo), más de cinco en la prensa escrita (e.g. entrevista para BBC News Brazil sobre el sistema de vigilancia genómico de SARS-CoV-2 en coordinación con grupos de FioCruz, Brasil y ?Frontera?, Uruguay) (01/2021 - 12/2021)

1 horas

2007, 2008, 2010, 2011, 2013, 2017, 2018, 2019: Participación en el planeamiento y desarrollo de actividades de la Unidad de Bioinformática para las jornadas de Puertas abiertas del Institut Pasteur de Montevideo. (09/2006 - 12/2021)

1 horas

2015, 2013, 2011, 2010, 2009 y 2008: Participación en las visitas guiadas anuales y semestrales que realiza el Institut Pasteur de Montevideo, donde se reciben estudiantes de nivel escolar y liceal. Planificación de actividades específicas vinculadas a Bioinformática en los casos de estudiantes pre-

universitarios. (09/2006 - 12/2021)

1 horas

Participación en el programa de divulgación científica Sobre Ciencia, explicando el sistema de vigilancia genómica de SARS-CoV-2 para el seguimiento de variantes en Uruguay. (08/2021 - 08/2021)

1 horas

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Universidad de Barcelona / Departamento de Biomedicina, Facultad de Medicina

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (09/2024 - a la fecha)

Colaborador 12 horas semanales

Tiempo atrás establecí una colaboración con el Dr. Hugo Peluffo, quien más recientemente se radicó en la Universidad de Barcelona, España. Trabajamos en conjunto en líneas de investigación lideradas por él, como ser la caracterización del rol de los inmunorreceptores CD300F y CD200R1 en neuroinflamación, envejecimiento y enfermedad de Alzheimer, lo mismo que en líneas de investigación que yo lidero como ser la regeneración frente a la lesión traumática de médula espinal. Metodológicamente, estamos incorporando la generación y análisis de datos de transcriptómica de célula única y espacial (en el futuro cercano). Mi primer estadía de investigación a su laboratorio en Barcelona transcurrió en septiembre-octubre de 2024. Menciono además que la Dr. Natalia Lago, de la Universidad Autónoma de Barcelona, también es parte de esta colaboración. Las horas dedicadas a esta colaboración están comprendidas en varios de los proyectos que integro.

ACTIVIDADES

PASANTÍAS

Análisis de datos transcriptómicos bulk y scRNA-seq y discusión de resultados en el marco de las investigaciones sobre el inmunorreceptor CD300F (09/2025 - 09/2025)

60 horas semanales

Análisis de datos transcriptómicos y discusión de resultados en el marco de las investigaciones sobre el inmunorreceptor CD300F y del atlas celular (snRNA-seq) de médula espinal de Trachemys (09/2024 - 10/2024)

60 horas semanales

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

Facultad de Ciencias

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (08/2024 - a la fecha)

G2 Contratado, Docente Asistente en el Laboratorio de Genómica Evolutiva 20 horas semanales
Este cargo corresponde al pasaje de mi cargo G2 interino a uno G2 contratado, en el marco del proyecto CSIC Grupos I+D 2022 #881412, iniciado en octubre de 2023. Este cambio de financiamiento permite la continuidad de las tareas que vengo desarrollando en la unidad. Colaboro en el dictado de cursos, principalmente el curso de grado y posgrado 'Genómica Evolutiva', y desde 2023 soy co-responsable de los cursos de grado/posgrado Transcriptómica I y II, dirigidos a estudiantes avanzados y de posgrado PEDECIBA Biología y Bioinformática. Mis líneas de investigación principales permanecen enfocadas en dos proyectos. El primero, junto al Dr. Fernando Álvarez-Valín, aborda el estudio transcriptómico de la médula espinal de Trachemys scripta, una especie capaz de recuperar funcionalidad tras una lesión. El segundo, junto a la Dra. Luisa Berná, investiga las particularidades de los mitogenomas de Apicomplexa mediante datos genómicos y transcriptómicos. Además, continuo desarrollando estrategias para la generación y análisis de datos ómicos a nivel de célula única, en vinculación con mis actividades en el IPMon, mi institución principal.

Funcionario/Empleado (04/2022 - 08/2024) Trabajo relevante

G2 Interino, Docente Asistente en el Laboratorio de Genómica Evolutiva, Sección Biomatemática.
20 horas semanales

Colaboro en el dictado de cursos de la unidad, siendo el principal el curso de grado y posgrado "Genómica Evolutiva". Desde 2023, soy co-responsable de los cursos de grado/posgrado Transcriptómica I y II, que se dictan para estudiantes avanzados de grado y para posgrado PEDECIBA Biología y Bioinformática. Participo en dos líneas de investigación principales. La primera, junto al Dr. Fernando Álvarez-Valín, consiste en el estudio a nivel transcriptómico de la médula espinal de la tortuga *Trachemys scripta*, la cual es capaz de recuperar funcionalidad luego de lesión. Asimismo, junto a la Dra. Luisa Berná, mediante datos de tipo genómicos y transcriptómicos, estudiamos las peculiaridades que presentan los mitogenomas de Apicomplexa. Parte de este trabajo es desarrollado también dentro de mis actividades en el IPMon, mi institución principal. Además, estamos desarrollando estrategias para el análisis de datos ómicos (y su generación) a nivel de célula única.

Escalafón: Docente

Grado: Grado 2

Cargo: Interino

Otro (06/2007 - 08/2017)

estudiante Maestría en Ciencias Biológicas - PEDECIBA 5 horas semanales

En el año 2007 inicié mi Maestría en Ciencias Biológicas (PEDECIBA), siendo el Dr. Enrique Lessa mi co-tutor. La tesis se centró en el estudio evolutivo de las vías de señalización INS-IGF en mamíferos, con énfasis en roedores caviomorfos y primates platirrinos. Fui responsable de un proyecto de Iniciación a la Investigación CSIC_2009 asociado a la tesis (Patrones de evolución molecular y análisis de sitios bajo selección positiva en genes de tres ejes hormonales de mamíferos neotropicales).

Escalafón: No Docente

Funcionario/Empleado (04/2010 - 06/2011)

G1, Docente Ayudante 20 horas semanales

El cargo es en el Laboratorio de Evolución y Sistemática que dirige el Dr. Enrique Lessa, Tuvo una duración de 15 meses, asociado y financiado por la ejecución del proyecto CSIC de Iniciación a la Investigación 2009 del cual fui responsable, denominado: Patrones de evolución molecular y análisis de sitios bajo selección positiva en genes de tres ejes hormonales de mamíferos neotropicales.

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

Otro (03/2004 - 12/2006)

Pasante de Grado 20 horas semanales

Realicé mi pasantía de grado en el Laboratorio de Evolución y Sistemática que dirige el Dr. Enrique Lessa (Facultad de Ciencias - UdelaR). La pasantía estuvo bajo la tutoría del Dr. Guillermo DELía y se tituló: "Filogeografía e historia demográfica de *Oligoryzomys flavescens* (Rodentia: Sigmodontinae) con implicancia en la epidemiología de hantavirus en la cuenca del Río de la Plata".

Escalafón: No Docente

ACTIVIDADES**LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN****Estudios transcripcionales en la médula espinal de la tortuga *Trachemys scripta elegans* (04/2022 - a la fecha)**

Luego de una lesión, la tortuga de agua dulce *Trachemys scripta* posee la capacidad de reconectar la médula espinal con una recuperación funcional significativa. Me he incorporado a un grupo de trabajo que ha contribuido al estudio de los mecanismos celulares y moleculares subyacentes a esta capacidad endógena de reparación. Mi aporte fundamental es desde el análisis de datos transcriptómicos, incluyendo aproximaciones transcriptómica de célula única) obtenidos en el contexto de lesión traumática e hipoxia. También intervengo en el desarrollo de estrategias que nos permitan caracterizar a nivel molecular los diferentes tipos celulares presentes en la médula de tortuga, así como evaluar sus cambios asociados a lesión e hipoxia. Esta línea de trabajo se enmarca más recientemente dentro del proyecto CSIC Grupos I+D 2022 #881412 que iniciamos en octubre de 2023 y complementa el FCE_3_2022_1_172635 que obtuve en 2022.

Fundamental

15 horas semanales

Laboratorio de Genómica Evolutiva , Integrante del equipo

Equipo: REGO N. , ALVAREZ-VALIN, F , RUSSO, RE , FALCO-PASTORINO, MV , FABBIANI, G , OTTO, TD , H. PELUFFO

Evolución de las vías de señalización INS/IGFs en Hystricognathi (Rodentia) (06/2007 - 03/2022)

En el marco de mi Maestría PEDECIBA - UdelaR, realicé estudios y análisis evolutivos sobre la familia multigénica de los receptores tirosina-kinasa vinculados a insulina (INSR) en Mammalia, desde una aproximación a nivel genómico (genómica comparativa y funcional). El proyecto tuvo énfasis en el estudio de los patrones moleculares en dos de los principales procesos de diversificación de mamíferos en Sudamérica (roedores caviomorfos y monos del Nuevo Mundo). Ambos grupos de organismos presentan peculiaridades en varios de los ejes hormonales y nuevas o diferentes funciones e interacciones se han propuesto para ellos. El proyecto se desarrolló bajo la dirección de Hugo Naya (tutor) y Enrique P. Lessa (co-tutor). Como consecuencia de haber hallado evidencia de procesos de selección natural en Caviomorpha, luego de finalizada la Maestría, la línea de investigación continuó, con foco en roedores del linaje Hystricognathi y expandida a un mayor número de genes de estas vías de señalización.

Fundamental

10 horas semanales

Facultad de Ciencias, Instituto de Biología, Laboratorio de Evolución , Integrante del equipo

Equipo: REGO N. , LESSA, EP.

Sistemática de hantavirus y sus reservorios oligoryzomynos en Sudamérica (03/2005 - 12/2010)

Resultado de la pasantía de grado, mantuve vínculos con un grupo interdisciplinario enfocado en el estudio conjunto de las variantes de hantavirus que circulan en la región y los roedores sigmodontinos que actúan de reservorio. El trabajo contribuyó a la mejor comprensión de la sistemática y distribución geográfica de las variantes virales y reservorios asociados que presentan mayor importancia epidemiológica en el país y la cuenca del Plata.

1 hora semanales , Integrante del equipo

Equipo: DELFRARO A. , DELÍA G.

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Virus emergentes: descifrando los ciclos naturales a través del estudio de los vectores, hospedadores y el modelado ecológico; CSIC Grupos I+D (2023-2027) (03/2023 - a la fecha)

Esta línea de investigación tiene como antecedentes inmediatos el estudio de virus transmitidos por roedores como hantavirus y arenavirus, así como el monitoreo de arbovirus en mosquitos y vertebrados. A partir de 2014 iniciamos el estudio de los murciélagos como potenciales reservorios virales. El grupo pretende entender la dinámica de enfermedades en fauna silvestre, aportando a responder diferentes preguntas como ser: ¿cuál es la diversidad de virus circulando en fauna silvestre en Uruguay? ¿cuáles son los principales determinantes ambientales asociados con la emergencia de nuevas enfermedades y cuáles son los mecanismos mediante los que actúan estos procesos?

1 hora semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N. , DELFRARO A. (Responsable) , BOTTO, G. (Responsable) , FRABASILE S, Lucia Moreira Marrero , Montaldo N , J. M. Díaz , COSSE, M. , GONZÁLEZ, S. , BOU, N.

Proyecto CSIC I+D de Grupos 2022 - Regeneración de la médula espinal: genómica funcional, biología molecular y celular (#881412) (10/2023 - 09/2027) (10/2023 - a la fecha)

Nuestro grupo investiga lesiones en la médula espinal y su reparación tras un trauma, utilizando como modelos el ratón y la tortuga *Trachemys scripta*. En mamíferos, estas lesiones provocan una respuesta maladaptativa que impide la reconexión funcional de circuitos dañados, causando pérdida de movilidad y sensibilidad. A diferencia, algunas especies de tortugas muestran una notable capacidad de auto-reparación tras la lesión. Estudiamos los mecanismos celulares y moleculares que permiten esta recuperación en las tortugas comparados con los procesos

ineficaces en ratones, lo cual podría informar estrategias terapéuticas para humanos. Nuestro enfoque es pluridimensional, abarcando aspectos fisiológicos, celulares, moleculares y de transcriptómica, incluyendo análisis de RNAseq tanto bulk como de célula única. Hemos caracterizado la respuesta de las tortugas, notando diferencias clave en la gestión de la hipoxia y las conexiones celulares que podrían influir en la regeneración de la médula. Además, la incorporación de tecnologías avanzadas como la secuenciación de núcleos aislados mediante tecnología 10X Genomics, ha atraído colaboradores internacionales, enriqueciendo nuestra investigación.

10 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., Álvarez-Valín F, Russo R, Fabbiani G, Peluffo H, Robello C, Falco Pastorino MV, Otto, TD

Patrones de evolución molecular y análisis de sitios bajo selección positiva en genes de tres ejes hormonales de mamíferos neotropicales (04/2010 - 06/2011)

Proyecto de Iniciación en la Investigación CSIC 2009, centrado en el estudio evolutivo de las vías de señalización INS-IGF en mamíferos, con énfasis en mamíferos sudamericanos: roedores caviomorfos y primates platirrininos, haciendo uso de datos genómicos y transcriptómicos públicos.

20 horas semanales

Facultad de Ciencias, UdelaR, Laboratorio de Evolución y Sistemática

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: NAYA H, LESSA, EP., OPAZO J.C.

DOCENCIA

GRADO: Licenciatura en Ciencias Biológicas y otras Lic. de FCien; Maestría PEDECIBA (04/2022 - a la fecha)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Genómica Evolutiva 2022, 90 horas, Teórico-Práctico

Genómica Evolutiva 2023, 90 horas, Teórico-Práctico

Genómica Evolutiva 2024, 90 horas, Teórico-Práctico

Genómica Evolutiva 2025, 90 horas, Teórico-Práctico

Genómica Evolutiva 2026, 90 horas, Teórico-Práctico

PEDECIBA (10/2023 - a la fecha)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Transcriptómica I, bulk RNA-seq 2023, 18 horas, Teórico-Práctico

Transcriptómica II single cell RNA-seq 2023, 24 horas, Teórico-Práctico

Transcriptómica I bulk RNA-seq 2024, 27 horas, Teórico-Práctico

Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas - PEDECIBA (11/2025 - 11/2025)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Transcriptómica II - single cell RNA-seq 2025, 27 horas, Teórico-Práctico

Licenciaturas de Facultad de Ciencias (08/2025 - 11/2025)

Grado

Asistente

Asignaturas:

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - REINO UNIDO

University of Glasgow / School of Infection and Immunity

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (02/2023 - a la fecha)

Colaborador 8 horas semanales

Entre febrero y mayo de 2023 realicé una pasantía en el laboratorio del Dr. Thomas Otto, especializado en el análisis de datos de single-cell RNA-seq. A raíz de la misma hemos establecido un vínculo de colaboración que se suma a la participación de Otto en el proyecto FCE_3_2022_1_172635 que dirijo y que se inició el primero de junio de 2023, así como en el CSIC Grupos I+D 2022 (#881412) que también integro. En este contexto, en setiembre de 2024 volví a realizar una instancia de investigación en su laboratorio. Al momento las horas asignadas a esta colaboración quedan comprendidas dentro de las horas dedicadas a los proyectos mencionados.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Métodos de análisis de datos transcriptómicos de single-cell RNA-seq (04/2023 - a la fecha)

Grupo de trabajo que estudia los métodos disponibles para el análisis de datos de single-cell RNA-seq, incluyendo desarrollos propios en métodos de análisis de expresión diferencial entre condiciones, análisis a nivel de "metacélulas" y análisis de interacciones célula-célula.

Fundamental

8 horas semanales , Integrante del equipo

Equipo: REGO N. , OTTO T.D.

PASANTÍAS

Estadía de investigación en el laboratorio del Dr. Thomas Otto, en el marco de la colaboración que tenemos según los proyectos FCE_3_2022_1_172635 y Grupos I+D 2022 (#881412). Analizamos y discutimos resultados de single nuclei RNA-seq de estos proyectos, entre otras actividades. (09/2024 - 09/2024)

60 horas semanales

Pasantía para entrenamiento en análisis de datos de single-cell RNA-seq en el laboratorio dirigido por el Dr. Thomas Otto. Pasantía en el marco de la beca de movilidad MOV_CA_2021_1_171713. (02/2023 - 05/2023)

40 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - INGLATERRA

University of York / York Biomedical Research Institute

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (03/2020 - 07/2022)

10 horas semanales

Mi pasantía financiada por la GCRF / Global Network for Neglected Tropical Diseases (Research Bursary obtenida en 2019) estaba planificada como una estadía de tres meses en el laboratorio que el Dr. Jeremy Mottram dirige en la Universidad de York, UK. La pasantía se realizaría en el trimestre marzo-mayo 2020 durante la cual colaboraríamos en el estudio del cambio de los patrones de splicing (a partir de datos públicos ya disponibles) como respuesta a la infección de células de mamífero por diferentes parásitos trypanosomátidos. Dada la situación de pandemia que se generó, debí volverme y, con la aprobación de la GCRF, la pasantía fue extendida y finalizada en forma remota.

ACTIVIDADES

PASANTÍAS

Estudio del rol del splicing alternativo en la regulación de la respuesta a infección por trypanosomátidos (18 días presenciales en marzo 2020 y luego remota hasta el 31 de julio 2022) (03/2020 - 07/2022)

10 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - SUECIA

Lunds Universitet

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (09/2008 - 04/2021) Trabajo relevante

Colaborador 2 horas semanales

Realicé una pasantía en setiembre-octubre 2008 y otra en octubre-noviembre 2009. Esta última fue financiada por una Beca ANII de Movilidad en el campo prioritario "Genómica Integrativa" (BE_MOV_2009_1196). En abril-mayo 2010 en el marco de una colaboración entre el IPMon y el Dr. Carlos Rovira, realicé otra pasantía de entrenamiento en la generación y análisis de datos con Illumina Genome Analyzer. En abril-junio de 2012 realicé otra pasantía en el marco del proyecto FCE_2009_1_2611. En 2015 realicé mi última pasantía, con el objetivo de consolidar mi conocimiento en el análisis de datos de secuenciación de pequeños ARNs, trabajo que derivó posteriormente en mi proyecto de doctorado, bajo la dirección del Dr. Carlos Robello y co-dirección del Dr. Carlos Rovira. Debido al fallecimiento del Dr. Rovira en abril de 2021, finaliza mi vínculo formal con la Universidad de Lund.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Distribución filogenética y patrones de evolución de nuevos miRNAs humanos (10/2009 - 01/2011)

Para más de 300 candidatos como nuevos genes miRNA en humano, detectados a partir del análisis de la fracción de pequeños ncRNAs de transcriptomas de muestras de mama, analicé la distribución filogenética de esos candidatos, así como sus patrones de evolución y su posible clasificación en diferentes familias.

Fundamental

15 horas semanales , Integrante del equipo

Equipo: ROVIRA C. , PERSSON H. , KVIST A. , NAYA H

PASANTÍAS

Perfiles de expresión de pequeños ARNs en células de mamífero infectadas con Trypanosoma cruzi (10/2015 - 12/2015)

Faculty of Medicine and Swegene Centre for Integrative Biology, Dept. of Oncology
60 horas semanales

Entrenamiento en análisis de datos de secuenciación masiva (Illumina): pequeños ARNs, degradoma (04/2012 - 06/2012)

Faculty of Medicine and Swegene Centre for Integrative Biology, Dept. of Oncology
60 horas semanales

Entrenamiento en análisis de datos de secuenciación masiva (Illumina) (04/2010 - 05/2010)

Faculty of Medicine, Swegene Centre for Integrative Biology
60 horas semanales

Entrenamiento en análisis de datos de secuenciación masiva (Illumina) (10/2009 - 11/2009)

Faculty of Medicine, Swegene Centre for Integrative Biology
60 horas semanales

Entrenamiento en análisis de datos de secuenciación masiva (Solexa/Illumina) (09/2008 - 11/2008)

Faculty of Medicine, Swegene Centre for Integrative Biology
40 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - FRANCIA

Institut Pasteur Paris

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (10/2015 - 12/2017)

10 horas semanales

A través del proyecto PTR_521 colaboré con el grupo de investigación dirigido por el Dr. Javier Pizarro-Cerdá. En 2017 tuve la oportunidad de realizar una pasantía en su laboratorio (en ese momento la unidad Bacteria-Cell Interactions del Insitut Pasteur) en un tema derivado de lo investigado en el PTR.

ACTIVIDADES

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Identification of microRNAs regulating infection of human cells by *Listeria monocytogenes* (PTR_521) (10/2015 - 11/2017)

El PTR tuvo como objetivo aportar al conocimiento de interacciones hospedero-bacteria a nivel de microRNAs, en particular usando *Listeria monocytogenes* infectando células humanas como modelo. El equipo liderado por Javier Pizarro-Cerdá realizó experimentos de alto rendimiento basados en microscopía para seguir la infección de *Listeria* en células HeLa frente a diferentes bibliotecas de inhibidores y mimics de microRNAs. A cada inhibidor y mimic de microRNA se le adjudicó un puntaje según su rol regulatorio en la infección. Un grupo importante de microRNAs resultaron importantes en determinar un aumento o disminución de la infección por *Listeria*. Nuestra participación consistió en el análisis conjunto de los resultados de estos experimentos con las bases de datos disponibles de blancos de microRNAs, de modo de predecir cuales blancos (genes y vías) son regulados y utilizados por *Listeria* para proliferar dentro de las células hospederas.

15 horas semanales

Institut Pasteur Paris , Cell Bacteria Interactions Unit

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Institut Pasteur de Paris, Francia, Apoyo financiero

Equipo: REGO N., Pizarro-Cerda, J (Responsable), NAYA H, FERNÁNDEZ-CALERO T

PASANTÍAS

Genome mining of *Listeria monocytogenes*: investigating potential targets of the putative enzyme LlsB (04/2017 - 06/2017)

Department of Cell Biology and Infection, Laboratory of Bacteria-Cell Interactions

40 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - CHILE

Universidad Austral de Chile

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (04/2009 - 05/2009)

Pasante 40 horas semanales

Pasantía en el Laboratorio de Genética-Genómica Evolutiva dirigido por el Dr. Juan C. Opazo (Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, UACH)

ACTIVIDADES

PASANTÍAS

Estudio de la evolución molecular de genes vinculados a INS/INSR en caviomorfos y platirrinios

sudamericanos (04/2009 - 05/2009)

Laboratorio de Genética-Genómica Evolutiva, Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias

40 horas semanales

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 7 horas

Carga horaria de investigación: 40 horas

Carga horaria de formación RRHH: 13 horas

Carga horaria de extensión: Sin horas

Carga horaria de gestión: Sin horas

Producción científica/tecnológica

Desde diciembre de 2024 me desempeño como Investigadora Adjunta en la Unidad de Bioinformática del Instituto Pasteur de Montevideo (IPMon), donde trabajo desde 2006. Allí he desarrollado capacidades en bioinformática y genómica comparativa y funcional, con énfasis en el análisis de datos generados por tecnologías de secuenciación masiva. Mi trabajo se centra en el desarrollo y aplicación de estrategias de análisis transcriptómico (ARNm, ARN total y pequeños ARN no codificantes) aplicadas a preguntas del área básica y biomédica, incluyendo cáncer, desarrollo de biomarcadores basados en ARNnc e interacción hospedero-patógeno. Durante mi doctorado en PEDECIBA estudié la respuesta del hospedero humano a la infección temprana por *Trypanosoma cruzi*, con énfasis en los mecanismos de regulación transcripcional y post-transcripcional asociados a los cambios de expresión génica.

En los últimos años he concentrado mis esfuerzos en tecnologías de célula única (scRNAseq) y transcriptómica espacial, herramientas clave para estudiar los mecanismos moleculares e inmunológicos que regulan la inflamación, la regeneración y la respuesta celular en enfermedades neurodegenerativas, autoinmunes, infecciosas y cáncer. Mis investigaciones recientes integran preguntas de neuroinflamación e inmunidad con estas tecnologías, con potencial aplicación tanto en investigación básica como traslacional.

Una de mis líneas principales aborda la regeneración funcional tras lesiones traumáticas de médula espinal utilizando como modelo la tortuga *Trachemys scripta*, que posee una capacidad endógena de reparación significativa. En el marco del proyecto FCE_3_2022_1_172635, del cual fui responsable, generamos un atlas celular de la médula espinal mediante snRNAseq y comparamos estos datos con modelos murinos que no recuperan funcionalidad. Este trabajo continúa actualmente en el proyecto CSIC Grupos I+D 2022 (#881412), donde investigamos los mecanismos celulares y moleculares implicados en la respuesta a hipoxia y trauma. Estos estudios han sido presentados internacionalmente, incluyendo una conferencia invitada en Río de Janeiro y un webinar del equipo técnico de 10X Genomics para Latinoamérica.

En paralelo, investigo el papel del inmunorreceptor CD300f en la regulación del fenotipo microglial, la resolución de la inflamación y el metabolismo lipídico en condiciones como enfermedad de Alzheimer y lesiones desmielinizantes. También estudio moléculas relacionadas con la neuroinflamación, como CD200R1 y MaR1, en colaboración con grupos de la Universidad de Barcelona y la Universidad Autónoma de Barcelona, contribuyendo al diseño experimental y al análisis de experimentos de scRNAseq y transcriptómica espacial. Estas líneas se complementan con colaboraciones con el Laboratorio de Inmunorregulación e Inflamación del IPMon, donde se investigan mecanismos regulatorios en células inmunes (células Th17, T CD8 exhaustas, dendríticas, macrófagos y microglía), lo que fortalece el desarrollo metodológico y conceptual de estas aproximaciones.

Desde 2021 he ampliado mi formación en análisis de datos de célula única mediante pasantías en laboratorios especializados, como el del Dr. Thomas Otto en la Universidad de Glasgow, así como a través de cursos y colaboraciones internacionales. Actualmente lidero tesis de maestría orientadas al desarrollo metodológico para scRNAseq y co-dirijo un proyecto de doctorado centrado en el análisis de datos transcriptómicos que incluye el uso de datos de scRNAseq, contribuyendo además a la formación de estudiantes de grado y posgrado en análisis transcriptómico. En el ámbito docente, soy co-responsable de los cursos Transcriptómica I y Transcriptómica II en PEDECIBA Biología y Bioinformática, orientados a la formación en tecnologías transcriptómicas modernas. Más recientemente, participo en iniciativas internacionales orientadas a la integración y estandarización de datos de transcriptómica de célula única. En particular, formo parte del consorcio LatinCells, que busca impulsar atlas celulares de PBMCs y proyectos de célula única en América Latina, y del Microglia Taxonomy Working Group, una iniciativa internacional dedicada a definir marcos comparativos para la clasificación de estados y subtipos de microglía a partir de datos transcriptómicos y multimodales. Estas actividades fortalecen la proyección internacional de mi trabajo y promueven la integración de datos generados en nuestra región en esfuerzos globales

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

Exploring Latin America one cell at a time (Completo, 2025)

PATRICIA A. POSSIK, DAVID J. ADAMS, FLAVIA C. AGUIAR, TAMIRES CAIXETA ALVES, FABÍOLA S. ALVES-HANNA, CARLOS MARIO RESTREPO ARBOLEDA, ERICK ARMINGOL, LIÃ BÁRBARA ARRUDA, YESID CUESTA ASTROZ, JACQUELINE M. BOCCACINO, DANIELLE C. BONFIM, JUAN F. CALDERON, ALEXIS GERMÁN MURILLO CARRASCO, DANIELLE G. CARVALHO, BENILTON S. CARVALHO, PAULO VINÍCIUS SANCHES DALTRO DE CARVALHO, ALEX CASTRO, LIA CHAPPELL, RICARDO CHINCHILLA-MONGE, DANIELA DI BELLA, SANDRA MARTHA GOMES DIAS, RAFAELA FAGUNDES, MARINA L. FERNÁNDEZ, BIANCA BRAGA FRADE, FEDERICO J. GARDE, HUGO GONZALEZ, GABRIELA RAPOZO GUIMARÃES, LUCAS INCHAUSTI, EDITH KORDON, LAURA LEADEN, RAFAEL S. LIMA, ALVARO LLADSER, JULIETH LÓPEZ-CASTIBLANCO, ISABELA MALTA, VINICIUS MARACAJA-COUTINHO, DOMENICA MARCHESI, ALICE MATIMBA, ANDRES MORENO-ESTRADA, MARCELO A. MORI, HELDER NAKAYA, SILVANA PEREYRA, YULYE JESSICA ROMO RAMOS, NATALIA REGO, CARLA DANIELA ROBLES-ESPINOZA, ADOLFO ROJAS-HIDALGO, MARIA NATALIA RUBINSZTAIN, LEANDRO SANTOS, ANITA SCOONES, PATRICIA SEVERINO, ANNIE CRISTHINE M. SOUSA-SQUIAVINATO, LUCIA SPANGENBERG, ANA VICTORIA SUESCÚN, NAYARA GUSMÃO TESSAROLLO, MARTHA ESTEFANIA VÁZQUEZ-CRUZ, MA?N H. ZAWATI, JOAO P.B. VIOLA, MARIANA BORONI

Cell, v.: 188 p.:5790 - 5796, 2025

Lugar de publicación: United states

ISSN: 00928674

E-ISSN: 10974172

DOI: [10.1016/j.cell.2025.09.013](https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.09.013)

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.09.013>



CD300f immune receptor contributes to healthy aging by regulating inflammaging, metabolism, and cognitive decline (Completo, 2023)

FRANCES EVANS, DANIELA ALÍ-RUIZ, NATALIA REGO, MARÍA LUCIANA NEGRO-DEMONTTEL, NATALIA LAGO, FABIO ANDRÉS CAWEN, BRUNO PANNUNZIO, PAULA SANCHEZ-MOLINA, LAURA REYES, ANDREA PAOLINO, JORGE RODRÍGUEZ-DUARTE, VALENTINA PÉREZ-TORRADO, ALMUDENA CHICOTE-GONZÁLEZ, CELIA QUIJANO, INÉS MARMISOLLE, ANA PAULA MULET, GERALDINE SCHLAPP, MARÍA NOEL MEIKLE, MARIANA BRESQUE, MARTINA CRISPO, EDUARDO SAVIO, CRISTINA MALAGELADA, CARLOS ESCANDE, HUGO PELUFFO

Cell Reports, v.: 42 p.:113269 2023

Lugar de publicación: United states

ISSN: 22111247

DOI: [10.1016/j.celrep.2023.113269](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.113269)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.celrep.2023.113269>



Rapid genome functional annotation pipeline anchored to the house sparrow (Passer domesticus, Linnaeus 1758) genome reannotation (Completo, 2023)

MELISA ELIANA MAGALLANES-ALBA, AGUSTÍN BARICALLA, NATALIA REGO, ANTONIO BRUN, WILLIAM H KARASOV, ENRIQUE CAVIEDES-VIDAL

Biology Methods and Protocols, v.: 8 2023

E-ISSN: 23968923

DOI: [10.1093/biomethods/bpad013](https://doi.org/10.1093/biomethods/bpad013)

<http://dx.doi.org/10.1093/biomethods/bpad013>



Comparative microRNA profiling of Trypanosoma cruzi infected human cells (Completo,

2023) Trabajo relevante

NATALIA REGO , MARÍA GABRIELA LIBISCH , CARLOS ROVIRA , JUAN PABLO TOSAR , CARLOS ROBELLO

Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, v.: 13 2023

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 22352988

DOI: [10.3389/fcimb.2023.1187375](https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1187375)

<http://dx.doi.org/10.3389/fcimb.2023.1187375>

WEB OF SCIENCE™ 

Phylogenetic analysis and assessment of the pathogenic potential of the first H9N2 avian influenza viruses isolated from wild birds and Lagoon water in Tunisia (Completo, 2022)

IMEN LARBI , KAIS GHEDIRA , MARWA ARBI , GARY DAVID BUTCHER , NATALIA REGO , HUGO NAYA , HALIMA TOUGORTI , JIHENE LACHHAB , IMEN EL BEHI , JIHENE NSIRI , ABDELJELIL GHARAM

Virus Research, v.: 322 p.:198929 2022

Lugar de publicación: Netherlands

ISSN: 01681702

DOI: [10.1016/j.virusres.2022.198929](https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198929)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198929>

WEB OF SCIENCE™ 

Chaetophractus villosus (Desmarest, 1804) (Xenarthra: Euphractinae) in Uruguay (Upper Pleistocene): Taxon age, biogeography, and paleoclimatic implications (Completo, 2022)

DANIEL PEREA , PABLO TORIÑO , NATALIA REGO , RAÚL I. VEZZOSI , FELIPE MONTENEGRO

Journal of Mammalian Evolution, 2022

Lugar de publicación: United states

ISSN: 10647554

E-ISSN: 15737055

DOI: [10.1007/s10914-022-09630-8](https://doi.org/10.1007/s10914-022-09630-8)

<http://dx.doi.org/10.1007/s10914-022-09630-8>

WEB OF SCIENCE™ 

Transcriptional effects of electroporation on Echinococcus multilocularis primary cell culture (Completo, 2022)

MATÍAS GASTÓN PÉREZ , NATALIA REGO , MARKUS SPILIOTIS , KLAUS BREHM , MARA CECILIA ROSENZVIT

Parasitology Research, 2022

Lugar de publicación: Germany

ISSN: 09320113

E-ISSN: 14321955

DOI: [10.1007/s00436-022-07427-5](https://doi.org/10.1007/s00436-022-07427-5)

<http://dx.doi.org/10.1007/s00436-022-07427-5>

WEB OF SCIENCE™ 

The Elusive Mitochondrial Genomes of Apicomplexa: Where Are We Now? (Completo, 2021)

LUISA BERNÁ , NATALIA REGO , MARÍA E. FRANCIA

Frontiers in Microbiology, v.: 12 2021

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 1664302X

DOI: [10.3389/fmicb.2021.751775](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.751775)

<http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2021.751775>

WEB OF SCIENCE™ 

AID overexpression leads to aggressive murine CLL and non-Ig mutations that mirror human neoplasms. (Completo, 2021)

PABLO ELÍAS MORANDE , XIAO-JIE YAN , JULIETA HAYDEE SEPULVEDA-YANEZ , NOÉ SEIJA , MARIA ELENA MARQUEZ , NATALIA SOLEDAD SOTELO , CECILIA ABREU , MARTINA CRISPO , GABRIEL FERNÁNDEZ-GRANA , NATALIA REGO , THERENCE BOIS , STEPHEN PATRICK METHOT , FLORENCIA PALACIOS , VICTORIA REMEDI , KANTI R RAI , ALEJANDRO BUSCHIAZZO , JAVIER MARCELO DI NOIA , MARCELO ALEJANDRO NAVARRETE , NICHOLAS CHIORAZZI , PABLO OPPEZZO

Blood, 2021

Lugar de publicación: United states

ISSN: 00064971
E-ISSN: 15280020
DOI: [10.1182/blood.2020008654](https://doi.org/10.1182/blood.2020008654)
<http://dx.doi.org/10.1182/blood.2020008654>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Recurrent Dissemination of SARS-CoV-2 Through the Uruguayan?Brazilian Border (Completo, 2021) Trabajo relevante

DAIANA MIR , NATALIA REGO , PAOLA CRISTINA RESENDE , FERNANDO TORT , TAMARA FERNÁNDEZ-CALERO , VERÓNICA NOYA , MARIANA BRANDES , TANIA POSSI , MAILEN ARLEO , NATALIA REYES , MATÍAS VICTORIA , ANDRES LIZASOAIN , MATÍAS CASTELLS , LETICIA MAYA , MATÍAS SALVO , TATIANA SCHÄFFER GREGIANINI , MARILDA TEREZA MAR DA ROSA , LETÍCIA GARAY MARTINS , CECILIA ALONSO , YASSER VEGA , CECILIA SALAZAR , IGNACIO FERRÉS , PABLO SMIRCICH , JOSE SOTELO SILVEIRA , RAFAEL SEBASTIÁN FORT , CECILIA MATHÓ , IGHOR ARANTES , LUCIANA APPOLINARIO , ANA CAROLINA MENDONÇA , MARÍA JOSÉ BENÍTEZ-GALEANO , CAMILA SIMOES , MARTÍN GRAÑA , FERNANDO MOTTA , MARILDA MENDONÇA SIQUEIRA , GONZALO BELLO , RODNEY COLINA , LUCÍA SPANGENBERG

Frontiers in Microbiology, v.: 12 2021

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 1664302X

DOI: [10.3389/fmicb.2021.653986](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.653986)

<http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2021.653986>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Transcriptional Studies on Trypanosoma cruzi ? Host Cell Interactions: A Complex Puzzle of Variables (Completo, 2021)

MARÍA GABRIELA LIBISCH , NATALIA REGO , CARLOS ROBELLO

Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, v.: 11 2021

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 22352988

DOI: [10.3389/fcimb.2021.692134](https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.692134)

<http://dx.doi.org/10.3389/fcimb.2021.692134>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Real-Time Genomic Surveillance for SARS-CoV-2 Variants of Concern, Uruguay (Completo, 2021)

NATALIA REGO , ALICIA COSTÁBILE , MERCEDES PAZ , CECILIA SALAZAR , PAULA PERBOLIANACHIS , LUCÍA SPANGENBERG , IGNACIO FERRÉS , RODRIGO ARCE , ALVARO FAJARDO , MAILEN ARLEO , TANIA POSSI , NATALIA REYES , MA NOEL BENTANCOR , ANDRÉS LIZASOAIN , MARÍA JOSÉ BENÍTEZ , VIVIANA BORTAGARAY , ANA MOLLER , GONZALO BELLO , IGHOR ARANTES , MARIANA BRANDES , PABLO SMIRCICH , ODHILLE CHAPPOS , MELISSA DUQUÍA , BELÉN GONZÁLEZ , LUCIANA GRIFFERO , MAURICIO MÉNDEZ , MA PÍA TECHERA , JUAN ZANETTI , BERNARDINA RIVERA , MATÍAS MAIDANA , MARTINA ALONSO , CECILIA ALONSO , JULIO MEDINA , HENRY ALBORNOZ , RODNEY COLINA , VERONICA NOYA , GREGORIO IRAOLA , TAMARA FERNÁNDEZ-CALERO , GONZALO MORATORIO , PILAR MORENO

Emerging Infectious Diseases, v.: 27 p.:2957 - 2960, 2021

Lugar de publicación: United states

ISSN: 10806040

E-ISSN: 10806059

DOI: [10.3201/eid2711.211198](https://doi.org/10.3201/eid2711.211198)

<http://dx.doi.org/10.3201/eid2711.211198>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Emergence and Spread of a B.1.1.28-Derived P.6 Lineage with Q675H and Q677H Spike Mutations in Uruguay (Completo, 2021) Trabajo relevante

NATALIA REGO , CECILIA SALAZAR , MERCEDES PAZ , ALICIA COSTÁBILE , ALVARO FAJARDO , IGNACIO FERRÉS , PAULA PERBOLIANACHIS , TAMARA FERNÁNDEZ-CALERO , VERONICA NOYA , MATIAS R. MACHADO , MARIANA BRANDES , RODRIGO ARCE , MAILEN ARLEO , TANIA POSSI , NATALIA REYES , MARÍA NOEL BENTANCOR , ANDRÉS LIZASOAIN , VIVIANA BORTAGARAY , ANA MOLLER , ODHILLE CHAPPOS , NICOLAS NIN , JAVIER HURTADO , MELISSA DUQUÍA , MARIA BELÉN GONZÁLEZ , LUCIANA GRIFFERO , MAURICIO MÉNDEZ , MARIA PÍA TECHERA , JUAN ZANETTI , EMILIANO PEREIRA , BERNARDINA RIVERA , MATÍAS

MAIDANA, MARTINA ALONSO, PABLO SMIRCICH, IGHOR ARANTES, DAIANA MIR, CECILIA ALONSO, JULIO MEDINA, HENRY ALBORNOZ, RODNEY COLINA, GONZALO BELLO, PILAR MORENO, GONZALO MORATORIO, GREGORIO IRAOLA, LUCÍA SPANGENBERG
Viruses, v.: 13 p.:1801 2021
Lugar de publicación: Switzerland
E-ISSN: 19994915
DOI: [10.3390/v13091801](https://doi.org/10.3390/v13091801)
<http://dx.doi.org/10.3390/v13091801>

WEB OF SCIENCE™ Scopus® 

CD300f immunoreceptor is associated with major depressive disorder and decreased microglial metabolic fitness (Completo, 2020) Trabajo relevante

LAGO N., KAUFMANN F.N., NEGRO-DEMONTEL M.L., ALI-RUIZ D., GHISLENI G., REGO N., ARCAS-GARCIA A., VITUREIRA N., JANSEN K., SOUZA L.M., SILVA R.A., LARA D.R., PANNUNZIO B., ABIN-CARRIQUIRY J.A., AMO-APARICIO J., MARTIN-OTAL C., NAYA H., McGAVERN D.B., SAYOS J., LOPEZ-VALES R., KASTER M.P., PELUFFO H.
Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v.: 117 12, p.:6651 - 6662, 2020
ISSN: 00278424
E-ISSN: 10916490
DOI: [10.1073/pnas.1911816117](https://doi.org/10.1073/pnas.1911816117)

WEB OF SCIENCE™ Scopus® 

Historical origins and zoonotic potential of avian influenza virus H9N2 in Tunisia revealed by Bayesian analysis and molecular characterization (Completo, 2020)

ARBI M., SOUIAI O., REGO N., LARBI I., NAYA H., GHARAM A., HOUIMEL M.
Archives of Virology, v.: 165 p.:1527 - 1540, 2020
ISSN: 03048608
E-ISSN: 14328798
DOI: [10.1007/s00705-020-04624-4](https://doi.org/10.1007/s00705-020-04624-4)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Host-pathogen transcriptomics: Trypanosoma cruzi as a model for studying RNA contamination (Completo, 2020)

LIBISCH M.G., REGO N., DIAZ-VIRAQUE F., ROBELLO C.
Journal of Proteomics, v.: 223 2020
Escrito por invitación
ISSN: 18743919
DOI: [10.1016/j.jprot.2020.103804](https://doi.org/10.1016/j.jprot.2020.103804)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Deciphering the role of miR-71 in Echinococcus multilocularis early development in vitro (Completo, 2019)

PEREZ M.G., SPILLOTIS M., REGO N., MACCHIAROLI N., KAMENETZKY L., HOLROYD N., CUCHER M.A., BREHM K., ROSENZVIT M.C.
PLoS Neglected Tropical Diseases, v.: 13 12 e0007, 2019
E-ISSN: 19352735
DOI: [10.1371/journal.pntd.0007932](https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007932)

WEB OF SCIENCE™ Scopus® 

Asthma diagnosis using integrated analysis of eosinophil microRNAs (Completo, 2018)

RODRIGO-MUÑOZ J.M., CAÑAS J.A., SASTRE B., REGO N., GREIF G., RIAL M., MAHÍLLO-FERNÁNDEZ I., FERNÁNDEZ-NIETO M., MORA I., BARRANCO P., QUIRCE S., SASTRE J., DEL POZO V.
Allergy, 2018
E-ISSN: 13989995
DOI: [10.1111/all.13570](https://doi.org/10.1111/all.13570)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

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

GUTIÉRREZ V., REGO N., NAYA H., GARCIA, G.
BMC Genomics, v.: 2015 16 879, 2015
Medio de divulgación: Otros
E-ISSN: 14712164
DOI: [10.1186/s12864-015-2090-3](https://doi.org/10.1186/s12864-015-2090-3)
<http://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-015-2090-3>
WEB OF SCIENCE™ Scopus 

The HER2-encoded miR-4728-3p regulates ESR1 through a non-canonical internal seed interaction (Completo, 2014)

NEWIE I., SOKILDE R., PERSSON H., GRABAU D., REGO N., KVIKST A., VON STEDINGK K., AXELSON H., BORG Å., VALLON-CHRISTERSSON J., ROVIRA C.
PLoS ONE, v.: 9 5 e97200, 2014
Medio de divulgación: Internet
E-ISSN: 19326203
DOI: [10.1371/journal.pone.0097200](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097200)
WEB OF SCIENCE™ Scopus 

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 T., REGO N., HERNANDEZ M., CALLEROS L., CARRETTO L., VELILLA A., MORSELLA C., MENDEZA A., GIOFFRE A.
Genome Announcements, v.: 1 4 e00526-13, 2013
Medio de divulgación: Internet
E-ISSN: 21698287
DOI: [10.1128/genomeA.00526-13](https://doi.org/10.1128/genomeA.00526-13)
WEB OF SCIENCE™ Scopus 


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

REGO N., BIANCHI, S., MORENO P., PERSSON H., KVIKST A., PENA A., OPPEZZO P., NAYA H., ROVIRA C., DIGHIRO, G., PRITSCH, O.
British Journal of Haematology, v.: 157 6, p.:709 - 717, 2012
Medio de divulgación: Papel
Lugar de publicación: United Kingdom
ISSN: 00071048
E-ISSN: 13652141
DOI: [10.1111/j.1365-2141.2012.09116.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2141.2012.09116.x)
WEB OF SCIENCE™ Scopus 

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

PERSSON H., KVIKST A., REGO N., STAAF J., VALLON-CHRISTERSSON J., LUTS L., LOMAN N., JONSSON G., NAYA H., HOGLUND M., BORG Å., ROVIRA C.
Cancer Research, v.: 71 1, p.:78 - 86, 2011
ISSN: 00085472
E-ISSN: 15387445
DOI: [10.1158/0008-5472.CAN-10-1869](https://doi.org/10.1158/0008-5472.CAN-10-1869)
WEB OF SCIENCE™ Scopus 

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

REGO N., NAYA H., LAMOLLE G., ALVAREZ, F
Reciis, v.: 1 2 Sup 1, 2007
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Río de Janeiro, Brasil
E-ISSN: 19816286
DOI: [10.3395/reciis.v1i2.Sup.103en](https://doi.org/10.3395/reciis.v1i2.Sup.103en)
<https://www.reciiis.icict.fiocruz.br/index.php/reciis/article/view/928/1626>


LIBROS

Recent Advances in Parasitomics - Implications for Parasite and Vector Research (Participación , 2023)

Publicado

LUISA BERNÁ , NATALIA REGO , PAULA FARAL-TELLO , MARIA E. FRANCIA , Recent Advances in Parasitomics

Editorial: Springer Nature Switzerland , Cham

Tipo de publicación: Investigación

DOI: [10.1007/978-3-031-70591-5_9](https://doi.org/10.1007/978-3-031-70591-5_9)

Referado

Escrito por invitación

Medio de divulgación: Papel

ISSN/ISBN: 9783031705908

https://doi.org/10.1007/978-3-031-70591-5_9

Scopus

Capítulos:

Toxoplasma gondii's Endosymbionts: An Insight into Their Genomic Secrets

Página inicial 157, Página final 171

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Abstract 6548: Bioinformatic characterization of dendritic and T cell subpopulations in the tumor microenvironment across different cancer types by single-cell RNA-Seq analysis (2023)

YAMIL D. MAHMOUD , NATALIA REGO , MARCELA VILARINO , FLORENCIA VEIGAS , MARIA R. GIROTTI , JUAN M. PEREZ SAEZ , GABRIELA. RABINOVICH , MARCELO HILL

Publicado

Resumen

Evento: Internacional

Descripción: AACR ANNUAL MEETING 2023

Ciudad: Orlando, Florida, USA

Año del evento: 2023

Anales/Proceedings: Cancer Research

Publicación arbitrada

Editorial: American Association for Cancer Research (AACR)

DOI: [10.1158/1538-7445.am2023-6548](https://doi.org/10.1158/1538-7445.am2023-6548)

<http://dx.doi.org/10.1158/1538-7445.am2023-6548>

CD300f immune receptor contributes to healthy aging by regulating inflammaging, metabolism and cognitive decline (2021)

EVANS, F , ALÍ-RUIZ , LAGO, N. , REGO N. , NEGRO L. , SANCHEZ-MOLINA P. , CAWEN A. , PANNUZIO B. , REYES L. , PAOLINO A , BRESQUE M. , SAVIO E. , ESCANDE C. , H. PELUFFO

Publicado

Resumen

Evento: Internacional

Descripción: NeuroImmune Interactions in Health and Disease - Virtual Keystone Symposia

Ciudad: virtual

Año del evento: 2021

Publicación arbitrada

Medio de divulgación: Internet

Oligoryzomys flavescens (Sigmodontinae: Oryzomyini): distribución geográfica, estructura filogeográfica y hantavirus asociados (2008)

REGO N. , Guillermo D'Elia , DELFRARO A. , TOMÉ L , CLARA M , ACHAVAL F , ARBIZA J

Publicado

Resumen

Evento: Regional

Descripción: XXII Jornadas Argentinas de Mastozoología

Ciudad: Villa Giardino

Año del evento: 2008

Anales/Proceedings: XXII Jornadas Argentinas de Mastozoología, Libro de Resúmenes

Volumen: 2008

Fascículo: 2008

Página inicial: 134

Página final: 134

Editorial: Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos

Ciudad: Córdoba, Argentina
Medio de divulgación: Papel

Hantavirus reservoir hosts and genotypes circulating in Uruguay (2007)

REGO N. , DELFRARO A. , TOMÉ L. , Guillermo D'Elia , CLARA M. , ACHAVAL F. , ARBIZA J
Publicado
Resumen
Evento: Internacional
Descripción: VII International Conference on HFRS, HPS and hantaviruses
Ciudad: Buenos Aires, Argentina
Año del evento: 2007
Anales/Proceedings: VII International Conference on HFRS, HPS and hantaviruses
Volumen: 2007
Fascículo: 2007
Medio de divulgación: Papel

Chaetophractus villosus (Desmarest, 1804) (Xenarthra: Dasypodidae) en la Formación Dolores (Pleistoceno Tardío, Uruguay): implicancias paleoambientales (2007)

REGO N. , PEREA, D. , TORIÑO P. , SÁNCHEZ A.
Publicado
Resumen
Evento: Nacional
Descripción: V Congreso Uruguayo de Geología
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2007
Anales/Proceedings: V Congreso Uruguayo de Geología
Volumen: 2007
Fascículo: 2007
Editorial: Sociedad Uruguaya de Geología
Ciudad: Montevideo, Uruguay
Medio de divulgación: Papel

Reducción genómica en espiroquetas patógenas (2007)

REGO N. , NAYA H. , ALVAREZ, F
Publicado
Resumen
Evento: Nacional
Descripción: XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias
Ciudad: Minas, Lavalleja
Año del evento: 2007
Anales/Proceedings: Actas de Fisiología, XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias
Volumen: 11
Fascículo: 2007
Página inicial: 125
Página final: 125
Editorial: Universidad de la República
Ciudad: Montevideo, Uruguay
Medio de divulgación: Papel
www.rau.edu.uy/universidad/medicina

Diversidad y distribución de las especies de Characiformes, Siluriformes y Perciformes (Teleostei) en las cuencas de la Laguna Merín y Atlántica (Uruguay) (2005)

TEIXEIRA DE MELLO, F. , VIDAL N. , ZIEGLER L. , OVIEDO S. , REGO N. , BERAZATEGUI M. , VARELA G. , SCASSO F. , LOUREIRO, M.
Publicado
Resumen
Evento: Nacional
Descripción: VIII Jornadas de Zoología del Uruguay
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2005
Anales/Proceedings: Actas de las VII Jornadas de Zoología del Uruguay, II Encuentro de Ecología del Uruguay
Volumen: 2005
Fascículo: 2005

Página inicial: 111
Página final: 111
Editorial: Sociedad Zoológica del Uruguay
Ciudad: Montevideo, Uruguay
Medio de divulgación: Papel

Taxonomía alfa de *Oligoryzomys flavescens* (Rodentia: Cricetidae) en Uruguay: implicaciones epidemiológicas. (2005)

REGO N. , CARLOZZI A. , Guillermo D'Elia , ACHAVAL F. , CLARA M. , DELFRARO A. , TOMÉ L. , ARBIZA J

Publicado

Resumen

Evento: Nacional

Descripción: VIII Jornadas de Zoología del Uruguay

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2005

Anales/Proceedings: Actas de las VII Jornadas de Zoología del Uruguay, II Encuentro de Ecología del Uruguay

Fascículo: 2005

Página inicial: 110

Página final: 110

Editorial: Sociedad Zoológica del Uruguay

Ciudad: Montevideo, Uruguay

Medio de divulgación: Papel

TEXTOS EN PERIÓDICOS O REVISTAS

Desarrollo de un biofertilizante microbiano para aumentar la disponibilidad de fósforo en el cultivo de soja (2020)

Revista INIA N62, setiembre 2020 v: 62, 95, 100

Revista

ALTIER N. , ABREO E. , BEYHAUT E. , GARAYCOCHEA S. , TORRES P. , CERECETTO V. , MARTIN N. , CUITIÑO M.J. , CRISPO M. , AREVALO P. , REGO N. , ARROSPIDE G. , LAGE M. , SUNDBERG G.

ISSN/ISBN: 1510-9011

Lugar de publicación: Montevideo, Uruguay

Producción técnica

OTRAS PRODUCCIONES

CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

Del Genoma al Transcriptoma: Fundamentos y Herramientas Informáticas (2025)

REGO N.

Especialización

País: Argentina

Idioma: Español

Tipo de participación: Docente

Duración: 2 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Escuela de Bio y Nanotecnologías de la Universidad Nacional de San Martín

Deciphering regulator RNA functions by high-throughput sequencing (2017)

REGO N. , CAYOTA, A. , TOSAR, J.P. , Ricardo Ehrlich

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Tipo de participación: Organizador

Duración: 1 semanas

Lugar: Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

Institución Promotora/Financiadora: United Nations University UNU-BIOLAC

Untangling Genomes through bioinformatics using R/Bioconductor and tools for pathway analysis (2015)

REGO N. , BERNA, L.

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Tipo de participación: Organizador

Duración: 2 semanas

Lugar: Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

Institución Promotora/Financiadora: CABBIO - PEDECIBA

Functional Genomics and its applications in biomedicine -Host-Pathogen interactions (2014)

REGO N. , ROBELLO, C.

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Tipo de participación: Organizador

Duración: 1 semanas

Lugar: Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

Institución Promotora/Financiadora: United Nations University UNU-BIOLAC

ORGANIZACIÓN DE EVENTOS

1er Encuentro de los clubes de ARN de Argentina y Uruguay (2-3 diciembre, 2022) (2022)

REGO N. , TOSAR, J.P. , SMIRCICH, P. , RAMON, A. , GEISINGER, A. , SESSA L.

Congreso

Sub Tipo: Organización

Lugar: Uruguay ,Colonia Colonia del Sacramento

Idioma: Español

1er Encuentro de Investigadores de la Biología del ARN (2019) (2019)

REGO N. , TOSAR J.P. , SMIRCICH P. , DUHAGON M.A. , GEISINGER A.

Congreso

Sub Tipo: Organización

Lugar: Uruguay

Idioma: Español

Medio divulgación: Otros

Evento itinerante: SI

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

REVISIONES

Journal of Virology (2025)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

Mammalian Biology (2025)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

Microbiology Spectrum (2025)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

Nature Communications (2025)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

Frontiers in Microbiology (2023)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

PeerJ (2022)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

MethodsX (2022)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Infection, Genetics and Evolution (2021)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Scientific Reports (2021)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Genome Biology and Evolution (2017)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS

Congreso de Biociencias 2025 (2025 / 2025)

Revisiones
Uruguay

Evaluación de pósters.

EVALUACIÓN DE CONVOCATORIAS CONCURSABLES

Fellow Membership Programme, United Nations University - BIOLAC (2023)

Evaluación independiente
Cantidad: De 5 a 20

JURADO DE TESIS

Licenciatura en Ciencias Biológicas (2024)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias , Uruguay
Nivel de formación: Grado
Licenciatura en Ciencias Biológicas de Bch. Shake Sheppard: "Análisis bioinformático de pequeños ARNs derivados de los vault ARNs humanos" (noviembre 2024)

Maestría en Bioinformática - PEDECIBA (2024)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Bioinformática , Uruguay
Nivel de formación: Maestría
Maestría en Bioinformática - PEDECIBA, Nicole Kiedanski: "A machine learning-based classification for Small Cell Lung Cancer subtypes: implications for prognosis and therapy selection" (noviembre 2024)

Maestría en Bioinformática - PEDECIBA (2024)

Jurado de mesa de evaluación de tesis
Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay
Nivel de formación: Maestría
Maestría en Bioinformática - PEDECIBA, Lic. Sofía Dacosta: "Perfiles de pequeños RNAs no

codificantes circulantes en mujeres con Lupus Eritematoso Sistémico" (octubre 2024)

Ingeniería de Sistemas (2010 / 2010)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Educación Superior/Privado / Universidad ORT Uruguay / Facultad de Ingeniería , Uruguay

Nivel de formación: Grado

Formación de RRHH

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Regulación del fenotipo microglial por el inmunorreceptor CD300F: un enfoque transcriptómico integrativo (2026)

Tesis de doctorado

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

Programa: Doctorado en Ciencias Biológicas (PEDECIBA)

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Sofía Zeballos

País/Idioma: Uruguay,

TMEM176B como regulador de la plasticidad en células Th17 y otras células inmunes: enfoques computacionales para el análisis del paisaje transcripcional y metabólico (2025)

Tesis de maestría

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

Programa: Maestría en Bioinformática (PEDECIBA)

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Antonella D'Anatro

País/Idioma: Uruguay,

Edad biológica y CD300F: integrando firmas de envejecimiento y genética entre especies y poblaciones (2025)

Tesis de maestría

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

Programa: Bioinformática

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Felipe Calandra

País/Idioma: Uruguay,

Descifrando la estructura genómica de parásitos coccidios: estrategias computacionales para la identificación de secuencias mitocondriales y sus rearreglos (2024)

Tesis de maestría

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

Programa: PEDECIBA Bioinformática

Tipo de orientación: Cotutor

Nombre del orientado: Joaquín Pereira

País/Idioma: Uruguay,

Papel de TMEM176B en la interacción entre células Th17 y otras células inmunes: estrategias computacionales para el estudio de la comunicación célula-célula (2024)

Tesis de maestría

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

Programa: Maestría en Bioinformática

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Laura Moreno

País/Idioma: Uruguay,

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

PEDECIBA Programa Despegue Científico 2025 (2025)

(Nacional)

PEDECIBA

Programa de apoyo económico a nuevos investigadores PEDECIBA. Postulación aprobada con la propuesta denominada "Fibroblastos: de andamios a reguladores de neuro-homeostasis y el enigma antifibrótico de la tortuga"

Investigadora PEDECIBA Grado 3 (2024)

(Nacional)

PEDECIBA Biología

Movilidad e Intercambios Académicos CSIC (MIA Grupos) (2024)

(Nacional)

CSIC, Udelar

Movilidad e Intercambios Académicos CSIC (MIA) (2023)

(Nacional)

CSIC, Udelar

Beca ANII de Movilidad (MOV_CA_2021_1_171713) (2022)

(Nacional)

ANII

Beca ANII de Movilidad (BE_MOV_2009_1196) para realizar una pasantía de tres meses en el laboratorio del Dr. Thomas Otto de la Universidad de Glasgow, Reino Unido. La misma involucrará el entrenamiento en el análisis avanzado de datos transcriptómicos de célula única y se llevará a cabo en el primer semestre 2023.

Travel bursary GCRF - NTD (2019)

(Internacional)

GCRF - NTD

GCRF - NTD (<https://ntd-network.org/>) otorga financiamiento para una estadía de investigación y entrenamiento en el laboratorio del Dr. Jeremy Mottram, Universidad de York, Reino Unido en 2020. Título de la aplicación: "Identification of host drug targets through the analysis of alternative splicing patterns during host response to trypanosomatid infection".

Beca Calmette et Yersin para asistir al curso "Innate Immunity and Infectious Diseases" (2017)

(Internacional)

Institut Pasteur Paris - Campus France

Apoyo "Calmette et Yersin" (manejado por Campus France) para estadía y seguro en París al asistir al curso "Innate Immunity and Infectious Diseases" que se realizó en el Institut Pasteur de París. Asimismo, el costo de la matrícula del curso, fue cubierto por el Departamento de Asuntos Internacionales de la Red Internacional del Institut Pasteur.

Beca ANII de Movilidad (BE_MOV_2009_1196) (2009)

(Nacional)

ANII

Beca ANII de Movilidad (BE_MOV_2009_1196) para realizar una pasantía de dos meses en el laboratorio del Dr. Carlos Rovira de la Facultad de Medicina de la Universidad de Lund, Suecia.

PRESENTACIONES EN EVENTOS

V Molecular Biosystems Conference (2025)

Congreso

Molecular Biosystems Conference: Eukaryotic Gene Regulation and Functional Genomics; September 29- October 3 2025, Puerto Varas, Chile

Chile
Tipo de participación: Expositor oral

Single Cell LATAM Symposium: Connecting Communities and Advancing Research (2024)

Simposio
Disertación: Regulation of Th17 cells by TMEM176B: implications for immunotherapy and disease
Brasil
Tipo de participación: Conferencista invitado
Carga horaria: 17
Nombre de la institución promotora: Brazilian National Institute of Cancer (INCA) y Wellcome Connecting Science (WCS)
Alcance geográfico: Internacional

EMBO Workshop: The molecular and cellular basis of regeneration and tissue repair (2024)

Congreso
Póster: Molecular and cellular mechanisms underlying spinal cord regeneration in freshwater turtle *Trachemys*
Francia
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: EMBO
Alcance geográfico: Internacional

Insights Lab Research Camp & Pre-Camp 2024 (2024)

Encuentro
Participé como docente invitado en el pre-camp y como investigador durante la semana de trabajo conjunta (research camp). Duración total: dos semanas.
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 50
Nombre de la institución promotora: Institut Roche
Alcance geográfico: Internacional

IV Molecular Biosystems Conference (2023)

Congreso
Molecular Biosystems Conference: Eukaryotic Gene Regulation and Functional Genomics; September 25-29 2023, Puerto Varas, Chile
Chile
Tipo de participación: Poster

Taller Teórico-Práctico. Bases y aplicaciones del scRNA-seq (2023)

Taller
Disertación de 50 minutos: Secuenciación de célula única en la lesión de médula espinal
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: UdelaR e Institut Pasteur de Montevideo
Alcance geográfico: Nacional

SMBE (Society for Molecular Biology and Evolution) Satellite Meeting (2022)

Congreso
SMBE Regional Meeting in South América 2022, Montevideo, Uruguay. October 31 -November 4th 2022
Tipo de participación: Poster

X International Conference on Bioinformatics SolBio (2019)

Congreso
Multi-mapping issues in small RNA-Seq analysis: hsa-miR-1246 versus RNU2 expression
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral

11th International Conference on Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics of Infectious Diseases (2012)

Congreso
From Perforin like Protein (PLP) annotation in Babesia bigemina to evolutionary history of MACPF-DOMAIN in Piroplasmida (Apicomplexa)
Estados Unidos
Tipo de participación: Poster

Fourteenth International Workshop on Chronic Lymphocytic Leukemia (2011)

Congreso
Search for an aetiological virus candidate in chronic lymphocytic leukaemia by extensive transcriptome analysis
Estados Unidos
Tipo de participación: Poster

ISCB Latin America 2010 Conference (2010)

Congreso
Lifestyle, gene repertory and base composition bias in spirochetes
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: ISCB IPMon # Portal Iberoamericano de Bioinformática LATU AB3C UdelaR

ISCB Latin America 2010 Conference (2010)

Congreso
Integrated in silico-wet biology approach for improving the annotation of Babesia bigemina perforin family
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: ISCB IPMon # Portal Iberoamericano de Bioinformática LATU AB3C UdelaR

Genomics, Graduate Education and Museums Genetic Resources Collections (2010)

Simposio
Exploiting low-coverage genomes
Estados Unidos
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: Robert Baker de Texas Tech USA y Enrique Lessa de UdelaR Uruguay

Darwin 200 South American Celebration (2009)

Congreso
Do receptors follow insulin hallmarks in the New World mammals?
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: varios

Primeras Jornadas Uruguayas de Bioinformática Local (JUBiLo 2008) (2008)

Encuentro
Anotación de la familia génica de proteínas con dominio macpf-perforina en B. bigemina (Apicomplexa, Piroplasmida)
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 8
Nombre de la institución promotora: IPMon Palabras Clave: Babesia macpf-perforina

JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS

Integrante de Comisiones de Admisión y Seguimiento al programa de Doctorado en Ciencias Biológicas - PEDECIBA (2025)

Candidato: Agustín Bilat
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado
REGO N., URIEL KOZIOL, Díaz-Viraqué F
Doctorado en Ciencias Biológicas (PEDECIBA) / Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Uruguay

País: Uruguay
Idioma: Español

Integrante de Comisiones de Admisión y Seguimiento al programa de Doctorado en Ciencias Biológicas - PEDECIBA (2025)

Candidato: Emilia Failache Ramón
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado
REGO N. , Daniel PRIETO MENA
Doctorado en Ciencias Biológicas (PEDECIBA) / Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA) / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español

CONSTRUCCIÓN INSTITUCIONAL

2024 - actual: Co-fundadora de la Sociedad Uruguaya de Bioinformática (SUBi), creada como seccional de la Sociedad Uruguaya de Biociencias (SUB). Integré su Comisión Directiva Provisoria y, desde diciembre de 2025, soy integrante electa de la Comisión Fiscal (período 2025-2027), participando en el desarrollo e institucionalización de la sociedad. Co-organicé el Primer Encuentro y Asamblea de la SUBi (28 de marzo de 2025, Facultad de Ciencias) y una mesa temática de SUBi dentro del Congreso de Biociencias (SUB) (28-30 de mayo de 2025, Radisson Victoria Plaza, Montevideo). Durante el período 2026-2027 participo en las actividades de la directiva, fortaleciendo vínculos con sociedades de bioinformática de América Latina y apoyando la organización del Tercer Encuentro de la Sociedad Uruguaya de Bioinformática, previsto para diciembre de 2026.

2019-2023: La organización del 1er Encuentro de Investigadores de la Biología del ARN (2019), dio lugar a la constitución del Club del ARN del Uruguay, un "RNA Salon" auspiciado además por la RNA Society y en estrecho vínculo con el Club Argentino del ARN. Además de este evento en marzo de 2019 y como miembro de la comisión organizadora que funciona desde esa fecha, he participado de la organización de varios de los tres eventos anuales que se realizan (incluyendo un evento bi-nacional anual realizado en 2022) , así como en los pedidos de apoyo económico a la RNA Society que se ha renovado anualmente.

2007 - actual: Como se desprende de los proyectos y publicaciones, he promovido importantemente las instancias de colaboración interdisciplinaria con otros grupos de investigación locales, tanto dentro de IPMon (mi institución principal) como con otras instituciones nacionales, principalmente FCien e IIBCE.

Información adicional

Miembro de la RNA Society desde 2019. Miembro de la ISCB (International Society for Computational Biology) desde 2024. Miembro de la SUB (Sociedad Uruguaya de Biociencias) desde 2024; miembro de Investiga Uy desde 2021. Socia fundadora de la Sociedad Uruguaya de Bioinformática (SUBi) desde 2024 e integrante de la Comisión Directiva Provisional (2024-2025). Integrante de la Comisión Fiscal de la SUBi en el período 2026-2027.

Indicadores de producción

ACTIVIDADES	69
Líneas de investigación	13
Proyectos Investigación Desarrollo	22
Docencia	17
Extensión	5
Pasantía	12
PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	34
Artículos publicados en revistas científicas	24
Completo	24
Trabajos en eventos	8
Libros y Capítulos	1

Capítulos de libro publicado	1
Textos en periódicos	1
Revistas	1
Otros tipos	6
PRODUCCIÓN TÉCNICA	6
EVALUACIONES	16
Evaluación de eventos	1
Evaluación de publicaciones	10
Evaluación de convocatorias concursables	1
Jurado de tesis	4
FORMACIÓN RRHH	5
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	5
Tesis de maestría	4
Tesis de doctorado	1