



MIGUEL PONCE DE LEON
CAPURRO

PhD

miguel.ponce@bsc.es
<https://scholar.google.com/citations?hl=en&user=PEFjeYIAAAAJ>

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas
Categorización actual: Nivel I (Asociado)

Fecha de publicación: 30/06/2020
Última actualización: 23/12/2019

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department / España

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Barcelona Supercomputing Center / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Life Science Department

Dirección: Nexus II Building Carrer Jordi Girona, 29 / 08034 / Barcelona, España

Teléfono: (0034) 934137572

Correo electrónico/Sitio Web: miguel.ponce@bsc.es <https://www.bsc.es/ponce-de-leon-miguel>

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

Doctorado en Bioquímica, Biología Molecular y Biomedicina (2012 - 2016)

Universidad Complutense de Madrid, Grupo de Biofísica, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular I, Facultad de Ciencias Químicas, España

Título de la disertación/tesis/defensa: Reconstrucción y análisis de modelos metabólicos a escala genómica. Aplicación al estudio de bacterias endosimbiontes

Tutor/es: Francisco Montero Carnerero, Juli Peretó Magraner

Obtención del título: 2017

Sitio web de la disertación/tesis/defensa: <https://eprints.ucm.es/48953/>

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

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

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

MAESTRÍA

Maestría en Bioinformática (UDELAR-PEDECIBA) (2009 - 2011)

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

Título de la disertación/tesis/defensa: ANÁLISIS DE ÓPTIMOS ALTERNATIVOS EN REDES METABÓLICAS RECONSTRUÍDAS A ESCALA GENÓMICA

Tutor/es: Dr. Luis Acerenza y Dr. Ing. Hector Cancela

Obtención del título: 2011

Sitio web de la disertación/tesis/defensa: <http://www.pedeciba.edu.uy/bioinformatica/principal.php>

Áreas de conocimiento:

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

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

GRADO

Licenciatura en Ciencias Biológicas (2001 - 2008)

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

Título de la disertación/tesis/defensa: Métodos computacionales aplicables a la anotación de

genomas y reconstrucción de redes metabólicas
Tutor/es: Luis Acerenza
Obtención del título: 2008
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la
Información y Bioinformática / Anotación Genómica

TÉCNICO

Analista de Sistemas (2006 - 2008)

Universidad ORT Uruguay - Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería, Escuela de
Tecnología, Uruguay
Título de la disertación/tesis/defensa: -
Obtención del título: 2008
Palabras Clave: Programación Bases de Datos Análisis de Sistemas
Áreas de conocimiento:
Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /
Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Analista
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la
Computación e Información / Analista Programador

Formación complementaria

CONCLUIDA

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Project Management for Non Project Managers (10/2018 - 10/2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Barcelona Supercomputing Center , España
10 horas
Palabras Clave: Project Management
Áreas de conocimiento:
Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Project
Management

Whole Cell Modeling (09/2017 - 09/2017)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Centro de Regulación Genómica , España
20 horas
Palabras Clave: Biología de sistemas Simulaciones
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Text mining in cancer research (01/2015 - 01/2015)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Bar Ilan University , Israel
25 horas
Palabras Clave: textmining cancer
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la
Información y Bioinformática / Textmining

Advanced Scientific Python (09/2012 - 09/2012)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Christian Albrechts Universität zu Kiel , Alemania
40 horas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la
Computación / Programación científica

Modeling and Analysis in Systems Biology (07/2010 - 07/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad de Chile / Facultad de Ciencias Físicas y
Matemática , Chile

20 horas

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Avances en Genómica funcional (01/2010 - 01/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Pontificia Univ. Católica de Valparaíso, Chile

80 horas

Palabras Clave: Genómica funcional Anotación genómica Reconstrucción metabólica

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Métodos de Investigación en Bioquímica /

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

Información y Bioinformática /

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

Funcional

Escuela Latinoamericana de Evolución (01/2009 - 01/2009)

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

Uruguay

60 horas

Áreas de conocimiento:

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

Complex Systems Summer School (01/2008 - 01/2008)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Santa Fe Institute, Estados Unidos

60 horas

Áreas de conocimiento:

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

Matemática en Internet y Redes de Nueva Generación (01/2007 - 01/2007)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Centre International de Mathématiques Pures et

Appliquées, Francia

From Disordered systems to Complex systems (01/2006 - 01/2006)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Pan American Advanced Studies Institute, Estados Unidos

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Físicas / Física de los Materiales Condensados /

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

ISCB - International Society for Computational Biology - Latin america (2010)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: ISCB, Uruguay

Áreas de conocimiento:

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

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

Información y Bioinformática /

Browsing Chordate Genomes with Ensembl (2009)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

Palabras Clave: Bioinformática

Áreas de conocimiento:

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

OTRAS INSTANCIAS

Estancia de Investigación en Universidad de Indiana Bloomington (2019)

Estados Unidos

Palabras Clave: simulaciones cancer physicell

Áreas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática / Agent-Based Modeling

EN MARCHA

POSDOCTORADOS

Computational Biology (2017)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department , España

Palabras Clave: Medicina de Precisión Bioinformática Big Data Machine Learning

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

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

Idiomas

Francés

Entiende regular / Habla regular / Lee regular / Escribe regular

Inglés

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 Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Actuación profesional

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (09/2017 - a la fecha) Trabajo relevante

Investigador Postdoctoral ,40 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Multi-scale modeling of cancer growth (09/2017 - a la fecha)

The understanding of the underlying mechanisms for the emergence of cancer resistances to target therapies is key in helping to improve such treatments and in the last term, extend the life expectancies of patients [1,2]. The emergence of resistant cells is a complex phenomenon, not only because the inherent complexity of biological systems, but for the interplay between processes that occur at different scales. On one hand, there are the molecular mechanisms by which individual cells can develop resistance to a particular drug. On the other hand, there is the population level dynamic where other process may play a key role. For instance, the variability in the gene expression profiles of the different cells that give rise to heterogeneous population, the competition for resources such as space and nutrients, as well as the interaction or cross-talk between different cells. As a consequence, multicellular systems dynamics, such as the case of tumour growth and evolution, can only be understood by studying how cells grow, divide and die and also considering the interaction between the cells. In this scenario the possibility to use a virtual laboratory to conduct in-silico simulations can serve as a promising platform to the following proposes: l)

integrate heterogeneous source of experimental data as well as biological knowledge; ii) to generate hypothesis about underlying mechanisms of biological processes, for instance the emergence of resistant cells; iii) design, test and optimize drug treatments. In-silico models combining different levels of description, such as intra-cellular signaling with an Agent-Based Model (ABM) are becoming a power full tool to simulate tumour evolution and to connect different levels of description. The main objective is to provide a platform to be used as a virtual laboratory.

Aplicada

30 horas semanales

Life Science Department, Grupo de Biología Computacional, Coordinador o Responsable

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO, Valencia, A.

Palabras clave: multi-scale model in agent-based modeling drug resistance

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Interactive Extreme-Scale Analytics and Forecasting (10/2018 - a la fecha)

At an increasing rate, industrial and scientific institutions need to deal with massive data flows streaming in from a multitude of sources. For instance, maritime surveillance applications combine high-velocity data streams, including vessel position signals emitted from hundreds of thousands of vessels across the world and acoustic signals of autonomous, unmanned vessels; in the financial domain, stock price forecasting and portfolio management rely on stock tick data combined with real-time information sources on various pricing indicators; at the fight against cancer, complex simulations of multi-cellular systems are used, producing extreme-scale data streams in an effort to predict the effects of drug synergies on cancer cells. In these applications, the data volumes are expected to dramatically grow in the future. Processing this data often requires not only using an HPC infrastructure, but also having data scientists, who are typically not expert programmers, program complex workflows, with a vast number of parameters to tune through time-consuming repeated programming and testing. INFORE will address these challenges and pave the way for real-time, interactive extreme-scale analytics and forecasting. The ability to forecast, as early as possible, a good approximation to the outcome of a time-consuming and resource-demanding computational task allows to quickly identify undesired outcomes and save valuable amount of time, effort and computational resources, which would otherwise be spent in vain. Consider, for example, the ability to forecast the outcome of a complex multi-cellular system simulation for tumor evolution, without the need to wait for the simulation to be completed. INFORE will also design and develop a flexible, pluggable, distributed software architecture that is programmable and set up by graphical data processing workflows. The INFORE prototype will be tested on massive real-world data from the life sciences, financial and maritime domains.

20 horas semanales

Barcelona Supercomputing Center, Life Science Department

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Financiación:

Comunidad Económica Europea, Bélgica, Apoyo financiero

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO, Valencia, A. (Responsable)

Areas de conocimiento:

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

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESTADOS UNIDOS

Indiana University Bloomington / Department of Intelligent Systems Engineering

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Profesor visitante (06/2019 - 07/2019)

Visiting Researcher, 40 horas semanales

Short Research Internship at Cancer Math Lab: <http://mathcancer.org/>

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas / Unidad de Bioinformática

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Profesor visitante (03/2017 - 07/2019)

Investigador Postdoctoral ,5 horas semanales

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Instituto de Salud Carlos III / Escuela Nacional de Sanidad

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (10/2017 - 02/2019)

Docente coordinador ,1 hora semanal

Docente Coordinador de la asignatura "HERRAMIENTAS PARA EL MANEJO DE DATOS EN SALUD" del Master en Bioinformática Aplicada a la Medicina de Personalizada y Salud.

Funcionario/Empleado (10/2014 - 08/2017) Trabajo relevante

Coordinador Academico ,30 horas semanales

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Máster en Bioinformática Aplicada a Medicina Personalizada y Salud (10/2017 - a la fecha)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

HERRAMIENTAS PARA EL MANEJO DE DATOS EN SALUD, 60 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Otras Ciencias Médicas / Otras Ciencias Médicas / Bioinformática aplicada a la medicina de precisión <http://masterbioinformatica.com/>

Master en Bioinformática (10/2014 - 09/2017)

Maestría

Responsable

Asignaturas:

Introducción a la Programación, 15 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

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

GESTIÓN ACADÉMICA

Organización y coordinación de cursos, calendario clases, aula de informática y tutorías a estudiantes (09/2014 - 09/2017)

Máster en Bioinformática, http://www.isciii.es/ISCIII/es/contenidos/fd-formacion/fd-escuela-nacional-sanidad2/fd-masters/dossier_master_bioinformatica_20170110.pdf

Gestión de la Enseñanza , 30 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Profesor visitante (12/2012 - 12/2018)

Profesor Invitado para impartir clases de Biología de Sistemas Computacional
https://www.uv.es/uvweb/master-bioinformatica/es/programa-del-master/plan-estudios/plan-estudios/master-universitario-bioinformatica-1285885000291/Titulacio.html?id=1285860963472&plantilla=MU_Bioinformatica/Page/TPGDetail&p2=2
<https://www.uv.es/fatwirepub/Satellite/universitat/es/asignaturas-1285885000291.html?idA=42589&idT=2116;2019>

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Master en Bioinformática (12/2012 - 12/2018)

Maestría

Invitado

Asignaturas:

Biología de Sistemas Computacional, 60 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Computational Systems Biology

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Universidad Carlos III de Madrid / Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (01/2017 - 06/2017)

Profesor Asistente ,5 horas semanales

Profesor en la asignatura: Biología sintética y de sistemas (14162) de la Titulación: Grado en Ingeniería Biomédica (257)

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Grado en Ingeniería Biomédica (01/2017 - 06/2017)

Grado

Asistente

Asignaturas:

Biología sintética y de sistemas, 60 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Universidad Complutense de Madrid / Grupo de Biofísica, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular I, Facultad de Ciencias Químicas

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Colaborador (09/2011 - 01/2017)

Estudiante de Doctorado ,20 horas semanales

Estudiante de doctorado y colaborador honorario

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN**Biología de Sistemas de Consorcios endosimbiontes (09/2011 - 12/2016)**

Mutualistic bacteria-insect endosymbiosis are widespread in nature, and are considered a key element in the evolutionary success of insects. Furthermore, there are other associations with endosymbiotic bacterial communities, whose role in the biology of the insects has not been fully explored. Since ectosymbionts collaborate in the processing of nutritionally poor diets, which are generally toxic, their biotechnological potential is obvious. The aim of this project is to study these symbiotic relationships from both evolutionary and systemic perspectives, taking as starting point the genomic analysis of symbiotic systems that differ in the age of the association and the level of integration of the partners. Genomes of bacterial symbionts in different stages of the integration process are available, from recent symbiosis with non-reduced genomes, to extreme cases with such reduced genomes that these organisms can no longer meet the nutritional needs of their hosts and so, they require the establishment of microbial consortia for a joint operation. We aim to sequence crucial genomes necessary to complete our knowledge of the stages of the process, and conduct global gene expression studies that will allow us to compare the different solutions adopted by the different systems, depending on their symbionts and their degree of genomic reduction. This is the case of four species of aphids with the same primary and secondary endosymbionts but in different degrees of integration, and also, of several strains of whitefly with the same primary endosymbiont, but different secondary symbionts. Of particular interest is the case of the endosymbiotic bacterium of mealybugs, which in turn has another endosymbiotic bacterium inside. Additionally, systemic analysis of metabolic networks inferred from the sequencing results, essentially the stoichiometric analysis with constraints (analysis of flow balances, variability studies, classification of modes, comparison of "enzyme subsets" with data from transcriptome and proteome, etc.) will provide new insights into the organization and the regulation patterns in bacterial consortia, as well as on the organization and regulation of metametabolomes. Previous studies with insect endosymbionts have not only proved their importance supplementing specialized diets, but also, their importance in complex diets, e. g. being involved in nitrogen metabolism. Regarding this point, we will start a new working line using the cockroach *Blattella germanica* as a model insect to determine the regulation of gene expression in insect endosymbionts under different protein-content diets. We also intend to study the possible role of intestinal microbiota (ectosymbionts) complementing the role of endosymbionts. With this goal, we add value to our work by exploring the role of ectosymbionts in cases of specialized diets in insects, either with or without endosymbionts. In these analyses, we will include lepidoptera with restrictive diets. Especially relevant is the case of *Retinia resinella* that feeds on terpenes, whose study get us into the fields of synthetic biology and biotechnology. This coordinated project gathers the use of experimental and computational techniques for the analysis of metabolisms associated with non-cultivable bacteria, and it has been established taking into account the complimentary capacity of the groups involved for a Systems Biology approach.

Fundamental

20 horas semanales

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular I, Grupo de Biofísica , Integrante del equipo
Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Francisco Montero , Juli Pereto , Amparo Latorre
Palabras clave: metabolic modeling metabolic reconstruction

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Análisis Estequiométrico

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO**Biología de sistemas de las interacciones entre los insectos y sus simbiosis (01/2013 - 12/2016)**

Las endosimbiosis mutualistas bacteria-insecto están muy extendidas en la naturaleza, siendo claves en el éxito evolutivo de los insectos. Además, existen otras asociaciones con comunidades bacterianas ectosimbióticas, cuyo papel en la biología de los insectos empezamos a conocer. Puesto que los ectosimbiontes colaboran en el procesado de una dieta de bajo nivel nutricional, generalmente tóxica, su potencial biotecnológico es obvio. Este proyecto pretende abordar el estudio de estas simbiosis desde la doble perspectiva evolutiva y sistémica, tomando como punto de partida el análisis genómico de asociaciones simbióticas con diferente antigüedad y nivel de integración. Se dispone de genomas de simbiosis en varias fases del proceso de integración, desde simbiosis recientes con genomas no reducidos, hasta otras extremas con genomas tan reducidos que no cubren las necesidades nutricionales de sus hospedadores y requieren del establecimiento de consorcios microbianos para el funcionamiento del conjunto. Pretendemos secuenciar genomas

clave necesarios para completar las fases del proceso y llevar a cabo estudios de expresión génica global que nos permitan comparar las distintas soluciones que diferentes sistemas adoptan en función de los simbioses y de su grado de reducción genómica. Es el caso de cuatro especies de pulgones con un mismo endosimbionte primario y secundario pero en distintos grados de integración, o varias cepas de la mosca blanca con el mismo endosimbionte primario y diferentes secundarios. De particular interés es el caso de una bacteria endosimbionte de otra y ambas del insecto hospedador. Por otra parte, el análisis sistémico de las redes metabólicas inferidas de los resultados de secuenciación, fundamentalmente el análisis estequiométrico con restricciones (análisis de balance de flujos, estudios de variabilidad, clasificación de modos, comparación de ? subconjuntos enzimáticos? con los datos de transcriptoma y proteoma, etc.) proporcionará nuevos conocimientos sobre la organización y los patrones de regulación en consorcios bacterianos, así como sobre la organización y regulación de metametabolomas. Los estudios previos con endosimbiontes de insectos no solo han demostrado su importancia complementando dietas especializadas, sino también en el caso de dietas complejas, por ejemplo, participando en el metabolismo del nitrógeno. Por ello, iniciamos una línea de trabajo en un insecto modelo, la cucaracha *Blattella germanica* para conocer la regulación de la expresión génica en endosimbiontes de insectos sometidos a dietas con distinto contenido proteico. Queremos, además, estudiar el posible papel de la microbiota intestinal (ectosimbiontes) complementando el papel de los endosimbiontes. Con este objetivo damos un valor añadido a nuestro trabajo, al profundizar en el papel de los ectosimbiontes en casos de dietas especializadas en insectos, carezcan o no de endosimbiontes. En esta línea incluimos lepidópteros de dieta restrictiva. Especialmente relevante es el caso de *Retinia resinella* que se alimenta de terpenos y cuyo estudio nos permitirá adentrarnos en la biología sintética y biotecnología. Este proyecto coordinado comporta el uso de técnicas experimentales y computacionales para el estudio de los metabolismos asociados a bacterias no cultivables y se establece atendiendo a la capacidad complementaria de los grupos implicados para abordar el estudio desde un enfoque propio de la Biología de Sistemas.

20 horas semanales

Ministerio de Economía y Competitividad (BFU2012-39816-C02-02) , Biofísica
Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:1

Especialización:1

Maestría/Magister:1

Doctorado:4

Financiación:

Ministerio de Economía y Competitividad, España, Apoyo financiero

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Montero F. , Peretó Juli., Moran F , Latorre A

Palabras clave: Reconstrucción metabólica endosimbiosis Endosimbiosis complementación
metabólica

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

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

Biología de sistemas de las interacciones bacterianas en insectos: análisis genómico, estudios funcionales y evolutivos y modelización de sistemas con restricciones (12/2011 - 12/2012)

Las simbiosis mutualistas entre bacterias intracelulares e insectos están muy extendidas en la naturaleza y parecen ser clave en el éxito evolutivo de este grupo de organismos. Este proyecto coordinado pretende abordar el estudio de tales asociaciones desde una doble perspectiva: evolutiva y sistémica. El punto de partida lo constituye la información empírica que el análisis genómico va a suministrar sobre la disección de asociaciones simbióticas específicas que representan ejemplos de diferente antigüedad y tipo de integración entre los endosimbiontes y sus hospedadores. Se secuenciarán genomas de bacterias que se encuentran en diferentes fases de integración con su hospedador, desde simbiosis recientes, con genomas aún no reducidos, hasta otras avanzadas, posiblemente extremas, con genomas tan reducidos que ya no pueden satisfacer las necesidades nutricionales de sus hospedadores. En ocasiones, estos últimos sistemas reducidos conducen al establecimiento de los consorcios microbianos, donde más de un endosimbionte va a ser necesario para garantizar el funcionamiento metabólico adecuado del conjunto de organismos implicados en la simbiosis. A partir de la anotación de los genomas bacterianos se deducirá su metabolismo y se llevará a cabo el análisis estequiométrico de las redes metabólicas de las bacterias por separado y del conjunto cuando se presentan consorcios. De particular interés será el estudio genómico y metabólico de una bacteria endosimbionte de otra bacteria, y ambas siéndolo del insecto hospedador. Los endosimbiontes de insectos secuenciados hasta el momento son

mayoritariamente ? - proteobacterias. Pero otros grupos de bacterias, ? y ? -proteobacterias y especialmente flavobacterias, muy alejadas filogenéticamente de las primeras, también forman endosimbiosis con los insectos. Se pretende demostrar la existencia de convergencia evolutiva (genómica y metabólica) en el proceso de adaptación a la vida intracelular con insectos que, teniendo formas de vida similares, han establecido simbiosis con esos otros grupos de bacterias. El proyecto comporta la implementación de técnicas tanto experimentales (fundamentalmente la secuenciación masiva de genomas de bacterias no cultivables), como computacionales para el estudio de genomas endosimbiontes y sus metabolismos. El proyecto coordinado se establece atendiendo a la capacitación complementaria de los dos grupos implicados para poder abordar el estudio desde un enfoque propio de la Biología de Sistemas.

20 horas semanales

Ministerio Ciencia e Innovación (BFU2009-12895-C02-02) , Biofísica

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:2

Especialización:1

Maestría/Magister:1

Doctorado:4

Financiación:

Ministerio de Ciencias e Innovación, España, Apoyo financiero

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Montero F , Moran F , Latorre A , Pereto J

Areas de conocimiento:

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

DOCENCIA

Grado en Bioquímica (09/2012 - 12/2017)

Grado

Invitado

Asignaturas:

Laboratorio Integrado de Biofísica y Bioinformática, 60 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

Master en Bioquímica Biología Molecular y Biomedicina (09/2011 - 09/2016)

Maestría

Invitado

Asignaturas:

BIOLOGÍA COMPUTACIONAL Y DE SISTEMAS, 60 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Biología de Sistemas

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Fundación Parque Científico de Madrid

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (09/2011 - 09/2014) Trabajo relevante

Coordinador Académico ,20 horas semanales

ACTIVIDADES

DOCENCIA

Master en Bioinformática y Biología Computacional ISCIII-ENS (10/2011 - a la fecha)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Introducción a la Programación, 3 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

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

GESTIÓN ACADÉMICA

Coordinación Académica (10/2011 - a la fecha)

Parque Científico de Madrid, Moncloa

Gestión de la Enseñanza

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - MINISTERIO DE VIVIENDA, ORDENAMIENTO TERRITORIAL Y MEDIO AMBIENTE - URUGUAY

Dirección Nacional de Medio Ambiente

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (06/2011 - 08/2011)

Consultor externo, 35 horas semanales

Desarrollo de una base de datos y una aplicación web para el manejo de información sobre fauna y flora del Uruguay en el marco del PROYECTO DE FORTALECIMIENTO DEL PROCESO DE IMPLEMENTACIÓN DEL SISTEMA NACIONAL DE ÁREAS PROTEGIDAS DE URUGUAY - Proyecto URU/06/G34

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

Facultad de Ciencias - UDeLaR

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (05/2009 - 12/2010)

Asistente, 20 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 2

Cargo: Interino

Funcionario/Empleado (10/2009 - 10/2010)

Ayudante, 20 horas semanales

Escalafón: Docente

Grado: Grado 2

Cargo: Interino

Funcionario/Empleado (05/2007 - 03/2009)

Ayudante, 25 horas semanales

Proyecto FPTA 252 Desarrollo de capacidades Bioinformáticas en el área de anotación genómica

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

Funcionario/Empleado (03/2007 - 09/2007)

Ayudante, 20 horas semanales

Ayudante del Laboratorio de Biología de Sistemas,

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

Funcionario/Empleado (10/2006 - 04/2007)

Ayudante ,20 horas semanales
Mantenimiento de la red del C-Mat
Escalafón: Docente
Grado: Grado 1
Cargo: Interino

Funcionario/Empleado (03/2005 - 03/2007)

Ayudante ,20 horas semanales
Proyecto CSIC: Desarrollo de estrategias generales para el análisis y diseño de procesos metabólicos en sistemas celulares
Escalafón: Docente
Grado: Grado 1
Cargo: Interino

ACTIVIDADES

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Evaluación de adquisición de susceptibles como un nuevo mecanismo determinando los procesos de difusión en redes complejas (05/2009 - 05/2011)

CSIC I+D
20 horas semanales
Facultad de Ciencias Udelar , Biomatemáticas
Investigación
Integrante del Equipo
Concluido
Alumnos encargados en el proyecto:
Maestría/Magister:2
Financiación:
Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Apoyo financiero
Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Juan Manuel BARRENECHE SARASOLA , Héctor Gabriel ROMERO BRUNETTO , Juan Carlos VALLE LISBOA ASURABARRENA , Matías ARIM IHLENFELD (Responsable)
Palabras clave: redes complejas epidemias
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Redes complejas

Origen y evolución de la variación antigénica en tripanosomas (10/2009 - 10/2010)

CSIC I+D
20 horas semanales
Facultad de Ciencias Udelar , Biomatemáticas
Investigación
Integrante del Equipo
Concluido
Alumnos encargados en el proyecto:
Pregrado:1
Maestría/Magister:1
Doctorado:1
Financiación:
Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR, Uruguay, Apoyo financiero
Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Guillermo Pedro LAMOLLE ALZUGARAY , Jenifer GARCÍA-MONTEJO BARNECHE , Fernando ALVAREZ VALIN (Responsable) , Gonzalo GREIF CARÁMBULA , Carlos ROBELLO PORTO

Desarrollo de capacidades Bioinformáticas en el área de anotación genómica (05/2007 - 05/2009)

PROYECTO FPTA (Udelar, INIA, IPMON)
25 horas semanales
Facultad de Ciencias Udelar , Biomatemáticas
Investigación
Integrante del Equipo
Concluido
Alumnos encargados en el proyecto:
Pregrado:3

Maestría/Magister:2

Financiación:

INIA, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , Guillermo Pedro LAMOLLE ALZUGARAY , Luisa BERNÁ ZANOTTA , Fernando ALVAREZ VALIN (Responsable) , Fabián Marcel CAPDEVIELLE SOSA , Hugo Mario NAYA MONTEVERDE

Palabras clave: Anotación genómica Bioinformática

Areas de conocimiento:

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

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

Desarrollo de estrategias generales para el análisis y diseño de grandes cambios metabólicos en sistemas celulares (01/2005 - 01/2007)

Desarrollo de estrategias generales para el análisis y diseño de grandes cambios metabólicos en sistemas celulares

20 horas semanales

Facultad de Ciencias UdelaR , Sección de Biofísica

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Alumnos encargados en el proyecto:

Pregrado:1

Especialización:1

Financiación:

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

Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , PABLO BERGER , Luis ACERENZA (Responsable) , Héctor CANCELA BOSI

DOCENCIA

Maestría en Bioinformática (01/2015 - 01/2015)

Maestría

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Reconstrucción y análisis de redes metabólicas en la era postgenómica, 26 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Biología de Sistemas

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (08/2006 - 12/2008)

Maestría

Asignaturas:

Biología de Sistemas, 4 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Licenciatura en Ciencias Biológicas (03/2007 - 07/2007)

Grado

Asignaturas:

Biofísica, 2 horas, Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

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

Fundación Julio Ricaldoni

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (05/2009 - 09/2009)

Consultor (desarrollador JAVA) ,20 horas semanales

Desarrollo de una herramienta informática que permita responder cuantas áreas deberían incorporarse al SNAP para que este cumpla sus objetivos, cuáles deberían ser esas áreas y cual debería ser la secuencia temporal de incorporación de las mismas al sistema. Desarrollo llevado a cabo en el marco del Proyecto de Fortalecimiento del Proceso de Implementación del Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP) de Uruguay (DINAMA-MVOTMA)

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 1 hora
Carga horaria de investigación: 29 horas
Carga horaria de formación RRHH: 5 horas
Carga horaria de extensión: Sin horas
Carga horaria de gestión: 5 horas

Producción científica/tecnológica

My area of expertise is in the field of systems biology and scientific computation where most of my research has been done on reconstructing and simulating of biological networks. During my master and PhD, I worked in the development of approaches for reconstructing and analyzing metabolic model at genome-scale. I used those models to study the organization of metabolic networks in different bacterial systems. Specifically, I worked in the problem of protein allocation in different growth conditions and in the evolution of metabolic complementation in endosymbiotic bacteria and their insect host. I also worked on the problem of functional annotation and orphan enzyme activities.

My current position is as a postdoctoral fellow researcher at BSC-CNS, under the supervision of Prof. Alfonso Valencia. Here my line of research is the development of systems biology approaches to personalized medicine, with a particular focus on cancer. We use different modelling approaches including metabolic models and Boolean models of signalling networks to integrate heterogeneous sources of molecular information such as gene expression and metabolite levels. We use these molecular models to simulate biological systems and to generate testable hypotheses and to improve our knowledge of cancer biology as well as other diseases. Specifically, I'm developing multi-scale models that combine different approaches in order to simulate multi-cellular systems such as tumours and tissues.

Currently, we are using these simulations to predict drug synergy interactions in a model of adenocarcinoma. We also use our simulation to run in-silico experiments to test different drug supply regimens to minimize the emergence of drug resistance. Lastly, I keep working in the development approaches for the reconstruction of metabolic models at genome-scale, to study the metabolism of cancer as well as other human pathogens such as Salmonella enterica.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

On the inconsistent treatment of gene-protein-reaction rules in context-specific metabolic models (Completo, 2019)

Ponce-de-Leon M.
Bioinformatics (Oxford, England), 2019
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 13674803
DOI: [10.1093/bioinformatics/btz832](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz832)
<https://academic.oup.com/bioinformatics/advance-article/doi/10.1093/bioinformatics/btz832/5625152>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Determinism and Contingency Shape Metabolic Complementation in an Endosymbiotic Consortium (Completo, 2017)

Ponce-de-Leon M.
Frontiers in Microbiology, v.: 8 p.:1 - 14, 2017

Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 1664302X
DOI: [10.3389/fmicb.2017.02290](https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02290)
<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.02290/full>
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Metabolic Complementation in Bacterial Communities: Necessary Conditions and Optimality (Completo, 2016) Trabajo relevante

MORI M., Miguel PONCE DE LEON CAPURRO, J PERETO, F MONTERO
Frontiers in Microbiology, 2016
Palabras clave: endosimbiontes complementacion metabolica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 1664302X
DOI: [10.3389/fmicb.2016.01553](https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01553)
Scopus® WEB OF SCIENCE™

Nature lessons: The whitefly bacterial endosymbiont is a minimal amino acid factory with unusual energetics (Completo, 2016)

CALLE-ESPINOZA J., Miguel PONCE DE LEON CAPURRO, F MONTERO, J PERETO
Journal of Theoretical Biology (E), 2016
Palabras clave: endosimbiontes
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas
Medio de divulgación: Papel
ISSN: 10958541
DOI: [10.1016/j.jtbi.2016.07.024](https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2016.07.024)
Scopus®

Consistency Analysis of Genome-Scale Models of Bacterial Metabolism: A Metamodel Approach. (Completo, 2015)

Ponce-de-Leon M.
PLoS ONE, v.: 10 12, 2015
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Reconstrucción Metabólica
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 19326203
DOI: [10.1371/journal.pone.0143626](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0143626)
Scopus® WEB OF SCIENCE™

An Interpretation of the Ancestral Codon from Millers Amino Acids and Nucleotide Correlations in Modern Coding Sequences (Completo, 2015)

CARELS, N., Miguel PONCE DE LEON CAPURRO
Bioinformatics and Biology Insights, v.: 9 p.:37 - 47, 2015
Palabras clave: purine bias
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformatica
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 11779322
DOI: [10.4137/BBI.S24021](https://doi.org/10.4137/BBI.S24021)
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4401237/>
Scopus®

The Purine Bias of Coding Sequences is Determined by Physicochemical Constraints on Proteins. (Completo, 2014)

Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , DE MIRANDA AB , ALVAREZ-VALIN, F. , CARELS, N.
Bioinformatics and Biology Insights, v.: 8 p.:93 - 108, 2014

Palabras clave: ancestral codon secondary structure purine bias RNY

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 11779322

DOI: [10.4137/BBIS13161](https://doi.org/10.4137/BBIS13161)

<http://www.la-press.com/the-purine-bias-of-coding-sequences-is-determined-by-physicochemical-c-artic>

Scopus*

Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite *Trypanosoma vivax* (Completo, 2013) Trabajo relevante

GREIF, G. , Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , LAMOLLE, G. , RODRIGUEZ, M. , PIÑEYRO, MD. , TAVARES-MARQUES, LM , REYNA-BELLO, A. , ROBELLO, C. , ALVAREZ-VALIN, F.

BMC Genomics, v.: 14 p.:149 2013

Palabras clave: Trypanosoma vivax RNAseq transcriptoma

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/1471-2164-14-149](https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-149)

<http://www.biomedcentral.com/>

Scopus* WEB OF SCIENCE*

Solving gap metabolites and blocked reactions in genome-scale models: application to the metabolic network of *Blattabacterium cuenoti*. (Completo, 2013) Trabajo relevante

Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , F MONTERO , J PERETO

BMC Systems Biology, 2013

Areas de conocimiento:

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

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

Información y Bioinformática /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 17520509

DOI: [10.1186/1752-0509-7-114](https://doi.org/10.1186/1752-0509-7-114)

<http://www.biomedcentral.com/1752-0509/7/114>

Scopus* WEB OF SCIENCE*

A strategy to calculate the patterns of nutrient consumption by micro-organisms applying a two level optimisation principle to reconstructed metabolic networks (Completo, 2008) Trabajo relevante

CANCELA, HÉCTOR , Miguel PONCE DE LEON CAPURRO , ACERENZA, LUIS

Journal of Biological Physics, 2008

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

Medio de divulgación: Otros

Lugar de publicación: (in press)

ISSN: 00920606

Scopus* WEB OF SCIENCE*

ARTÍCULOS ACEPTADOS

ARBITRADOS

Interactive Extreme - Scale Analytics towards Battling Cancer (Completo, 2019)

Ponce-de-Leon M. , Giatrakos, N.

IEEE Technology and Society Magazine, 2019

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

Medio de divulgación: Internet

Fecha de aceptación: 10/03/2019

Producción técnica

PRODUCTOS

BASE DE DATOS DE ESPECIES (2011)

Software, Obra

PONCE DE LEON CAPURRO Miguel

Base de Datos de Especies del Uruguay

País: Uruguay

Disponibilidad: Restricta

Producto con aplicación productiva o social: Sistema utilizado por DINAMA, MVOTMA, para la gestión del sistema de información de especies, su distribución y metadata.

Institución financiadora: MVOTMA-SNAP-PNUD

Palabras clave: Base de Datos

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aplicación Web y Bases de Datos

Medio de divulgación: Internet

<http://www.dinama.gub.uy/sia/snap-especies-app/>

La base de datos de especies fue desarrollada con el objetivo de generar un sistema de información que permita mantener la información de las especies que se distribuyen en el territorio. La información contenida en la base de datos, es producto de trabajos de sistematización llevados adelante por el Proyecto Fortalecimiento del Proceso de Implementación del Sistema Nacional de Áreas Protegidas de Uruguay (Proyecto SNAP) del Ministerio de Vivienda, Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente (MVOTMA) y el Proyecto Producción Responsable (PPR) del Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP), en los que participaron el Museo Nacional de Historia Natural (MNHN) del Ministerio de Educación y Cultura (MEC), el Museo y Jardín Botánico Prof. Atilio Lombardo de la Intendencia Departamental de Montevideo (IDM), y las Facultades de Agronomía, Ciencias y Química de la Universidad de la República (UdelaR), y las Organizaciones de la Sociedad Civil Vida Silvestre, Centro Interdisciplinario de Estudios sobre el Desarrollo, Uruguay (CIEDUR) y la Sociedad Zoológica del Uruguay (SZU).

BARTESAGHI, LUCÍA; CANCELA, HÉCTOR; CHIARO, NATALIA; GONZÁLEZ, MARTÍN; PONCE DE LEÓN, MIGUEL; SOUTULLO, ÁLVARO Sistema de apoyo a la toma de decisiones para el Sistema Nacional de Áreas Protegidas, Software de apoyo a la toma de decisiones, incluyendo modelado por programación lineal y entera, y heurísticas de optimización multi-objetivo, e interfaces para apoyo a la toma de decisiones., (2009)

Software, Obra

PONCE DE LEON CAPURRO Miguel

Software de apoyo a la toma de decisiones, incluyendo modelado por programación lineal y entera, y heurísticas de optimización multi-objetivo, e interfaces para apoyo a la toma de decisiones

País: Uruguay

Disponibilidad: Restricta

Producto con aplicación productiva o social: Sistema utilizado por DINAMA, MVOTMA, para apoyo a la definición de las áreas a ingresar en el Sistema Nacional de Áreas Protegidas

Institución financiadora: DINAMA/MVOTMA - PNUD/GEF

Palabras clave: optimización

Áreas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Otros

Además de su aplicación en DINAMA, este trabajo fue objeto de una presentación en un evento académico: 'A Decision Support Software for Designing Uruguay Protected Areas Network', Alvaro Soutullo, Lucía Bartesaghi, Hector Cancela, Natalia Chiaro, Martín González, Miguel Ponce de León. CLAIO 2010 / ALIO-INFORMS Joint International Meeting - Buenos Aires, Argentina, 6-9 June 2010.

Otras Producciones

CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

Reconstrucción y análisis de redes metabólicas en la era post-genómica (2015)

Ponce-de-Leon M.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Otros
Tipo de participación: Organizador
Duración: 1 semanas
Lugar: Institut Pasteur
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: PEDECIBA UdelaR
Palabras clave: biología de sistemas bioinformática
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

OTRA PRODUCCIÓN TÉCNICA

Base de Datos y Portal web de Especies Protegidas (SNAP) (2011)

Ponce-de-Leon M.

País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Web: <https://www.dinama.gub.uy/especies/>
La presente Base de Datos es una realización de los Ministerios de Vivienda, Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente (MVOTMA) y de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP), resultado de un esfuerzo conjunto del Proyecto "Fortalecimiento del Proceso de Impl
Lugar: Montevideo, Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Ministerios de Vivienda, Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente
Áreas de conocimiento:
Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones /

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PROYECTOS

EVALUACIÓN INDEPENDIENTE DE PROYECTOS

CSIC I+D 2018 (2018 / 2019)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5

EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

REVISIONES

Bioinformatics (2019)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: De 5 a 20

BMC Bioinformatics (2019)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Bioinformatics (2018)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

BMC Bioinformatics (2018)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

BMC Bioinformatics (2017)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: De 5 a 20

FEBS Letters (2017)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Bioinformatics (2016)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: De 5 a 20

Journal of Biomolecular Structure & Dynamics (2016)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS

X International Conference on Bioinformatics (2019)

Revisiones
Uruguay

SOIBIO, UdelaR, PEDECIBA
Evaluación de posters

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

POSGRADO

Defining the basic structure for a bioinformatics unit on a hospital (2018)

Tesis de maestría
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto de Salud Carlos III / Escuela Nacional de Sanidad , España
Tipo de orientación: Asesor/Orientador
Nombre del orientado: Patricia Avila
Medio de divulgación: Otros
País/Idioma: España, Español
Palabras Clave: Infrastructure bioinformatics
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Aplicación de herramientas de aprendizaje automática para la predicción de la evolución de pacientes con ictus (2016)

Tesis de maestría
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto de Salud Carlos III , España
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Pedro del Caño
País/Idioma: España, Español
Palabras Clave: ictus machine learning
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Cancer multiplexes: assembling multi-layered regulatory networks for insights into tumour

malignancy (2015)

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto de Salud Carlos III , España

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Tayssiry Yousef

Medio de divulgación: Papel

País/Idioma: España, Español

Áreas de conocimiento:

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

Summary: Cellular processes are regulated on many different levels. Although our descriptions of cellular components are becoming more and more complete, thanks to high-throughput measurements of levels of gene expression and protein abundance, we are still lacking a thorough understanding of how their interactions give rise to phenotypes. In this project the student will investigate 3 different regulatory layers, namely the signalling network (post translational modifications, from public databases), the transcriptional regulatory network (Transcription factor-target interactions, novel network generated in the group integrated with public databases) and the post-transcriptional regulatory network (microRNA-target interactions, novel network generated in the group). Multiplexes are a recent concept in network science which allow the definition of a single multi-layered network in which nodes can have different sets of links in different layers. In our case the 3-layer multiplex will allow us to represent all known regulatory interactions in a single framework. The projection of genomics and/or proteomics data on the multiplex will allow us to compare tumor vs. normal samples. The student will be encouraged to investigate the multiplex topology in the different samples looking for patterns and statistical properties (node degrees, feed-back loops etc...), associated with malignancy. Depending on time, student expertise and level of interest, the project can be developed further with an investigation of the stability of the integrated multiplex, as compared to the stability of the constituent networks.

OTRAS

Integración de datos transcriptómicos al análisis de balance de flujo en células cancerosas (2018)

Otras tutorías/orientaciones

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department , España

Tipo de orientación: Asesor/Orientador

Nombre del orientado: Andres Iriarte

Medio de divulgación: Otros

País/Idioma: España, Español

Palabras Clave: Reconstrucción metabólica Biología de sistemas

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Biología de Sistemas

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Context-specific reconstruction of cancer cell line metabolic models to explore cancer growth strategies and to predict novel therapeutic targets (2019)

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Escuela Nacional de Sanidad / Máster en Bioinformática Aplicada a Medicina Personalizada y Salud / ISCIII-ENS (España) , España

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Estrella Esquivel

País/Idioma: España, Español

Web: <http://www.masterbioinformatica.com/>

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Simulation of drug interactions in a gastric adenocarcinoma Boolean model (2019)

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department , España

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Gerard Pradas

Medio de divulgación: Otros

País/Idioma: España, Inglés

Palabras Clave: Systems Biology Multi-scale modeling cancer simulations

Áreas de conocimiento:

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

Abstract. Discovery of efficient anti-cancer drug combinations is a major challenge, since experimental testing of all possible combinations is clearly impossible. Recent efforts to computationally predict drug combination responses retain this experimental search space, as model definitions typically rely on extensive drug perturbation data¹. A dynamical model was developed by collaborators² representing a cell fate decision network in the AGS gastric cancer cell line, relying on background knowledge extracted from literature and databases. In this work, the study of solutions of the Boolean model led to identifications of synergies among drugs. Nevertheless, due to the nature of the simulation tools used, this study could not identify concentrations where this synergy was maximal. In the present project, the candidate will simulate varying concentration of inhibitors in the AGS model using MaBoSS^{3,4}, a tool that simulates continuous time Markov processes on Boolean networks. This will allow exploring the different concentrations of drugs to find maximal synergies. This analysis will allow to identify drug responses of cancer to drug that could be clinically relevant. Additionally, this project will allow the candidate to get familiar with the use of signalling models, such as Boolean models, their simulation and their analyses.

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

Severo Ochoa Mobility Fellowship (2018)

(Internacional)

Barcelona Supercomputing Center

Beca de financiamiento para realizar pasantías internacionales

Sociedad Española de Biofísica - Artículo destacado del mes (10/2016) (2016)

(Nacional)

Sociedad española de Biofísica

Artículo destacado del mes: <http://biofisica.info/mori-montero-front-microbiol-7-1553/>

Premio a jóvenes investigadores: Mención especial (2007)

(Nacional)

Sociedad Uruguaya de Biociencias

PRESENTACIONES EN EVENTOS

4th Disease Maps Community Meeting (2019)

Encuentro

A multiscale modelling platform to simulate drug synergies in different cell population architectures.

España

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: Clinical Bioinformatics Area, FPS, Hospital Virgen del Rocío

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Otras Ciencias Médicas / Otras Ciencias Médicas / Biología de Sistemas

X International Conference On Bioinformatics (2019)

Congreso

Elucidating metabolic dependencies in cancer cell lines using constraint-based modelling

Uruguay

Tipo de participación: Conferencista invitado

Nombre de la institución promotora: SOIBIO, UdelAR, PEDECIBA, ISCB

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

NetSci (2018)

Congreso

Poster

Francia

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: The Network Science Society

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Network Science

Title: Navigating complex genotype spaces of cancer signaling models to investigate drug resistance mechanisms

Mechanisms to Therapies: Innovations in Cancer Metabolism (2018)

Congreso

Poster

España

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: European Association for Cancer Research

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Title: Using genome-scale models to explore the mechanisms underlying cancer metabolic vulnerabilities

3rd European Conference on Translational Bioinformatics: Biomedical Big Data Supporting Precision Medicine (2018)

Congreso

Poster

España

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: Instituto Nacional de Bioinformática

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Title: Modeling drug responses in heterogeneous cell cultures through multi-scale simulations

Authors: Ponce-de-Leon, Miguel ;Pancaldi, Vera ;Vazquez, Miguel ;Floback, Asmund ;Valencia, Alfonso

XXI Symposium on Bioinformatics (2018)

Congreso

Poster

España

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: Instituto Nacional de Bioinformática

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Title: Contextualizing metabolic models with gene essentiality to predict cancer specific growth requirements

Authors: Miguel Ponce-de-Leon, Javier Perales-Patón, Héctor Tejero, Fátima Al-Shahrour, Alfonso Valencia

XX Symposium on Bioinformatics (2016)

Congreso

Poster

España

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: Instituto Nacional de Bioinformática

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

Title: iGOP: an iterative algorithm to resolve inconsistencies in genome-scale metabolic models

Authors: Ponce-de-Leon, Miguel ;Pereto, Juli ;Montero, Francisco

XXXVIII Congreso de la SEBBM (2015)

Congreso

Analyzing metabolic complementation: genomescale metabolic modeling of endosymbiont bacterial consortium in aphids.

España

Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 32
Nombre de la institución promotora: Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

XII Symposium on Bioinformatics (2014)

Simposio
Network curation of genome-scale models through the structural properties of a Metamodel
España
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 24
Nombre de la institución promotora: INB
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

XIIIth Meeting of the Spanish Biophysical Society (2013)

Congreso
Large-scale analysis of Unconnected Modules in bacterial metabolism
España
Tipo de participación: Poster
Carga horaria: 32
Nombre de la institución promotora: Spanish Biophysical Society
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Xth Spanish Symposium on Bioinformatics (2011)

Congreso
A Flux Balance Approach to study the metabolic capability of endosymbiont bacteria
España
Tipo de participación: Poster
A Flux Balance Approach to study the metabolic capability of endosymbiont bacteria. F. Morán, M. Ponce de León, S. Vázquez, D. Xavier, Francisco Montero

XIII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias (2010)

Congreso
USO DEL ANALISIS DE BALANCE DE FLUJOS PARA CALCULAR LA VELOCIDAD DE CRECIMIENTO CELULAR EN DIFERENTES MEDIOS: EL CASO DE LA INHIBICION DEL CRECIMIENTO POR AMONÍACO.
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: SUB
USO DEL ANALISIS DE BALANCE DE FLUJOS PARA CALCULAR LA VELOCIDAD DE CRECIMIENTO CELULAR EN DIFERENTES MEDIOS: EL CASO DE LA INHIBICION DEL CRECIMIENTO POR AMONÍACO. M., Ponce de León, L., Acerenza. (2010).

The XII International Congress on Molecular Systems Biology ICMSB (2010)

Congreso
Organization of the metabolic network of endosymbiotic bacteria Buchnera aphidicola of Cinara cedri for the biosynthesis of essential amino acids. A variability analysis
España
Tipo de participación: Poster
Organization of the metabolic network of endosymbiotic bacteria Buchnera aphidicola of Cinara cedri for the biosynthesis of essential amino acids. A variability analysis. F. Montero, A. Latorre, F. Morán, J. Peretó, M. Ponce de León, S. Vázquez

150 years of Darwin's Evolutionary Theory: a South American celebration (2009)

Congreso
Calculating metabolic responses from the stoichiometric network and optimization principles
Uruguay

Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

XXXVII Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular - SBBq e XI Congresso da PABMB (2008)

Congreso
A strategy to calculate the patterns of nutrient consumption by micro-organisms applying a two level optimisation principle to reconstructed metabolic networks
Brasil
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular

JUBILO: Jornadas uruguayas de bioinformática locales (2008)

Encuentro
PAGSI: Un pipeline de anotación para genomas sin intrones
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: IPMON - PEDECIA - FING - FCIEN

Primeras Jornadas de Genética del Uruguay (2008)

Congreso
Clasificación de secuencias de ADN como estrategia para revisar anotaciones hipotéticas de genes de arroz
Uruguay
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias
Palabras Clave: Bioinformática
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia

6th International conference of biological physics: (2007)

Congreso
Determination of the patterns of utilization of mixture of sugars by microorganisms applying optimization principles to stoichiometric metabolic networks
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral

XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias (2007)

Congreso
Cálculo de patrones de utilización de mezclas de nutrientes aplicando criterios de optimización a redes metabólicas reconstruidas a escala genómica
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Biociencias

X Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology (2005)

Congreso
CALCULATION OF MAXIMAL GROWTH RATES OF E. coli IN MIXTURE OF SUGARS, PERFORMING A FLUX BALANCE ANALYSIS OF ITS METABOLIC NETWORK
Argentina
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: PABMB

Información adicional

Total number of publications: 10 + 1 (accepted) + 1 (submitted)

Publications (Google Scholar / Scopus): 10/8
Citations (Google Scholar / Scopus): 106 / 57
H-index (Google Scholar / Scopus): 7 / 4

Articles as first author: 5 (two as corresponding author)

Articles as second author/co-shared first authorship: 2 (one as corresponding author)

Nº of papers published in Q1 journals: 7

Nº of papers published in first decile journals: 3

Design and development of the database and web application for the management of the protected species of the National System of Protected Areas of Uruguay.

<http://www.mvotma.gub.uy/portal/especies-prioritarias-para-la-consevacion.html>

Academic coordinator of the Master in Bioinformatics and computational Biology (ISCIII-ENS) from 2011 to 2017

According to the newspaper El Mundo's Ranking:

- Best Master in Bioscience (2013-2014)

- Second Best Master in Bioscience (2014-2015)

- Second Best Master in Bioscience (2015-2016)

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	11
Artículos publicados en revistas científicas	10
Completo	10
Artículos aceptados para publicación en revistas científicas	1
Completo	1
PRODUCCIÓN TÉCNICA	4
Productos tecnológicos	2
Otros tipos	2
EVALUACIONES	10
Evaluación de proyectos	1
Evaluación de eventos	1
Evaluación de publicaciones	8
FORMACIÓN RRHH	6
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	4
Tesis de maestría	3
Otras tutorías/orientaciones	1
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	2
Tesis de maestría	2