



MIGUEL PONCE DE LEON  
CAPURRO

PhD



[miguel.ponce@bsc.es](mailto:miguel.ponce@bsc.es)  
<https://miguel-pdl.com/>

SNI

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

Fecha de publicación: 25/05/2026  
Última actualización: 04/05/2026

## 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

País: España / Barcelona / Barcelona

Teléfono: (0034) 934137572

Correo electrónico/Sitio Web: [miguel.ponce@bsc.es](mailto:miguel.ponce@bsc.es) <https://www.bsc.es/ponce-de-leon-miguel>

## Formación

### Formación académica

#### CONCLUIDA

#### DOCTORADO

##### Doctrado 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, 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, 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 - 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**

## **POSDOCTORADOS**

### **Computational Biology (2017 - 2023)**

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

## **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

Areas 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

Areas de conocimiento:

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

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

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Pontifica Univ. Católica de Valparaíso , Chile  
80 horas

Palabras Clave: Genómica funcional Anotación genómica Reconstrucción metabólica

Areas 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 , Uruguay  
60 horas

Areas 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

Areas 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

Areas 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

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 /

**Browsing Chordate Genomes with Ensembl (2009)**

Tipo: Taller

Institución organizadora: Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

Palabras Clave: Bioinformatica

Areas de conocimiento:

## 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

## 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

### CIENCIAS MÉDICAS Y DE LA SALUD

Ciencias de la Salud / Epidemiología

### CIENCIAS MÉDICAS Y DE LA SALUD

Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental

## Actuación profesional

### SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

Barcelona Supercomputing Center / Life Science Department

### VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

#### Funcionario/Empleado (01/2023 - a la fecha) Trabajo relevante

Investigador Establecido 38 horas semanales / Dedicación total

#### Funcionario/Empleado (09/2017 - 12/2022)

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: I) 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.

Mixta

30 horas semanales

Life Science Department, Grupo de Biología Computacional, Integrante del equipo

Equipo: Ponce-de-Leon M., 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

### **Modelado computacional de exposición ambiental y dinámica epidemiológica (05/2020 - a la fecha)**

Mi línea de investigación se centra en el desarrollo de metodologías avanzadas para la integración y análisis de datos de movilidad, salud y ambiente, con el objetivo de apoyar estudios de exposición e impacto en la salud en contextos urbanos. Trabajo en la construcción de herramientas analíticas y modelos computacionales que permiten comprender cómo las dinámicas urbanas influyen en riesgos sanitarios, así como en el diseño de simulaciones de propagación de epidemias que sirven de apoyo a la toma de decisiones en salud pública. He aplicado estas metodologías en diversos proyectos europeos y nacionales, incluyendo COVID-19 Flow-Maps, CREXDATA, MePreCiSa y, más recientemente, HARMONIE, enfocados en mejorar la gestión y respuesta ante amenazas sanitarias complejas mediante datos integrados y modelos predictivos.

Mixta

20 horas semanales, Coordinador o Responsable

Equipo: Ponce-de-Leon M.

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Tierra y relacionadas con el Medio Ambiente /

Ciencias Medioambientales / Calidad del Aire

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

#### **Health Assessment Refinement for Mitigating Noise and Air Quality Effects (11/2025 - a la fecha)**

Código: HARMONIE La contaminación atmosférica y acústica urbana son amenazas silenciosas que afectan a millones de europeos a diario. Para ayudar a las ciudades a afrontar este reto, el proyecto HARMONIE (Refinamiento de la Evaluación de la Salud para Mitigar los Efectos del Ruido y la Calidad del Aire) reúne a expertos europeos en ciencias ambientales, salud pública y tecnologías digitales para desarrollar herramientas avanzadas que promuevan entornos urbanos más limpios, saludables y equitativos. La iniciativa está coordinada por el Barcelona Supercomputing Center ? Centro Nacional de Supercomputación (BSC-CNS). Financiado en el marco de la convocatoria de Horizonte Europa «Ciudades con Contaminación Cero», que contribuye a la Misión de la UE «Ciudades Climáticamente Neutras e Inteligentes para 2030», el proyecto cuenta con un presupuesto aproximado de cinco millones de euros y adopta un enfoque holístico para apoyar la formulación de políticas informadas. Mejora la monitorización y la modelización de la contaminación atmosférica y el ruido, a la vez que proporciona herramientas para evaluar el impacto de las acciones urbanas en la salud a corto y largo plazo.

30 horas semanales

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Unión Europea, España, Apoyo financiero

Equipo: Ponce-de-Leon M.

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Tierra y relacionadas con el Medio Ambiente / Ciencias Medioambientales / Evaluación ambiental en salud

### **Rol de la innovación estructural de proteínas en la eucariogénesis. (01/2025 - a la fecha)**

El éxito evolutivo de la célula eucariota es innegable, más teniendo en cuenta que ella surgió una única vez en la historia de la vida en la tierra, hace alrededor de 2000 millones de años. Con este evento como punto de partida, evolucionó la enorme cantidad, diversidad, y complejidad de organismos que conocemos hoy como eucariotas. Como tales los eucariotas compartimos una serie de características que nos definen a niveles moleculares y celulares. Entender cómo fue el proceso de generación de la célula eucariota es una de las preguntas más interesantes, desafiantes y fascinantes de la biología. La base de las estructuras y funciones biológicas son las moléculas, donde las proteínas (junto con el ADN) proveen el sustrato material. Así las innovaciones ocurridas a lo largo de la historia de la vida en la tierra suelen tener un correlato a este nivel. En efecto, uno puede pensar que estas transiciones están sustentadas por grandes innovaciones a nivel molecular en las estructuras de las proteínas permitiendo realizar nuevas funciones e interacciones. Si bien hay estudios generales al respecto, existen lagunas importantes, entonces, munidos de las nuevas tecnologías de aprendizaje profundo y la enorme cantidad de datos disponible nos proponemos analizar la innovación en las estructuras proteicas de los eucariotas con énfasis en la eucariogénesis. Obtendremos una descripción global de la diversificación de estructuras en el desarrollo de los eucariotas identificando procesos diferentes con respecto a la expansión y pérdida de las mismas. A partir de ella podremos estudiar cómo fue ese proceso según su origen, si era arqueano, bacteriano, ancestral o una invención de los eucariotas. Estudiar cómo se diversificaron las funciones dentro de este mismo esquema y la relación con la diversificación estructural y los procesos evolutivos. Finalmente intentamos proyectar lo estudiado para entender cómo fueron las contribuciones específicas durante la eucariogénesis.

1 hora semanal

Integrante del Equipo

En Marcha

Equipo: Ponce-de-Leon M., ROMERO H, GRAÑA, M., LANGLEIB, M.

Áreas de conocimiento:

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

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

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

### **Critical Action Planning over Extreme-Scale Data (01/2023 - 12/2025 )**

Código: CREXDATA El proyecto CREXDATA, financiado con fondos europeos, tenía como objetivo desarrollar una plataforma versátil para la gestión de situaciones críticas en tiempo real, la planificación de acciones adaptativas y la toma de decisiones ágil basada en datos complejos y de escala extrema.

15 horas semanales

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Unión Europea, España, Apoyo financiero

Equipo: Ponce-de-Leon M.

Áreas de conocimiento:

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

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

### **Medicina de Precisión para Ciudades Saludables (01/2023 - 12/2025 )**

Código: MePreCiSa La ausencia de una plataforma que incorpore datos de movilidad, indicadores de salud, indicadores socioeconómicos y medioambiente con un entorno de análisis y simulación limita en gran medida la gestión integrada de los problemas de salud en las ciudades. El objetivo

global de MePreCiSa es ofrecer una solución cloud, flexible y escalable para el análisis integrado y la gestión de problemas de la salud en las ciudades, con especial énfasis en el estudio de la exposición a factores de riesgo medioambientales y su impacto en el bienestar y la salud de la ciudadanía junto con el control de la propagación de enfermedades infecciosas. Para este objetivo se integrarán datos de movilidad de la población basados en telefonía móvil, datos de salud, datos medioambientales que se emplearán para desarrollar nuevos indicadores combinados de salud que tengan en cuenta la dinámica y los patrones de movilidad de la población. La plataforma incluirá un entorno de simulación de procesos de epidemias que sirva de herramienta para la evaluación de escenarios y toma de decisiones en situaciones reales. Esta solución, así como los casos de uso propuestos constituyen un avance único hacia una gestión de precisión de la salud de la ciudadanía en las ciudades.

20 horas semanales

Coordinador o Responsable

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:2

Financiación:

Ministerio de Economía, España, Apoyo financiero

Unión Europea, España, Apoyo financiero

Equipo: Ponce-de-Leon M. (Responsable)

Areas de conocimiento:

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

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Computación en la Nube

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

#### **HPC/Exascale Centre of Excellence in Personalised Medicine (10/2020 - 12/2023)**

Código: PerMedCoE PerMedCoE es el Centro de Excelencia HPC/Exaescala para la Medicina Personalizada en Europa. La Medicina Personalizada (PerMed) abre nuevas fronteras para el tratamiento de enfermedades a nivel individual, combinando información clínica y ómica. Sin embargo, el rendimiento del software de simulación actual aún es insuficiente para abordar problemas médicos como la evolución tumoral o tratamientos específicos para cada paciente. El reto consiste en desarrollar una hoja de ruta sostenible para escalar el software esencial para la simulación a nivel celular a los nuevos sistemas europeos HPC/Exaescala. La simulación de modelos mecanísticos celulares es esencial para la traducción de datos ómicos en acciones médicas relevantes, y estos deben ser accesibles para los usuarios finales en el entorno adecuado de big data confidencial específico de PerMed. El objetivo de PerMedCoE es proporcionar una puerta de entrada eficiente y sostenible a la metodología mejorada de HPC/Exaescala para traducir los análisis ómicos en modelos prácticos de funciones celulares con relevancia médica.

15 horas semanales

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:2

Financiación:

Unión Europea, España, Apoyo financiero

Equipo: Ponce-de-Leon M.

Palabras clave: HPC; systems biology; personalized medicine

Areas 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 /

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación / High-Performance Computing

#### **Interactive Extreme-Scale Analytics and Forecasting (01/2019 - 08/2022)**

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

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Maestría/Magister:3

Financiación:

Comunidad Económica Europea, Bélgica, Apoyo financiero

Equipo: Ponce-de-Leon M., Valencia, A. (Responsable) , Montagud , Saxena

Areas de conocimiento:

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

#### **Datos integrados y Observatorio Epidemiológico (07/2020 - 08/2022 )**

Los objetivos del siguiente proyecto son el desarrollo de un sistema de información de acceso público que sirva como herramienta de asistencia a la toma de decisiones en la gestión de nuevos brotes de COVID-19, tanto a nivel de autoridades sanitarias como de la ciudadanía. Tal herramienta consta de tres grande componentes que incluye: i) un sistema de información geográfico que integre entre otras fuentes, información de casos reportados, patrones de movilidad y disponibilidad hospitalaria; ii) una herramienta interactiva de visualización y análisis, que resuma en forma clara el estado sanitario de los distintos municipios / zonas hospitalarias y que identifique tanto tendencias como patrones de contagio significativos; y iii) implementación y calibración de modelos epidemiológicos para realizar predicciones a corto plazo y para poder simular diversos escenarios y el efecto de distintos tipos de intervenciones. En conjunto, el objetivo final es proveer de un recurso integrado y de libre acceso, que facilite la gestión de nuevos futuros brotes de COVID-19.

20 horas semanales

Barcelona Supercomputing Center , Grupo de Biología computacional

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Maestría/Magister:2

Equipo: Ponce-de-Leon M. (Responsable) , Valencia (Responsable) , del Vale , Fernandez , Bernardo , Smith

#### **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 Académico 30 horas semanales

### ACTIVIDADES

#### DOCENCIA

##### **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

##### **Máster en Bioinformática Aplicada a Medicina Personalizada y Salud (10/2014 - 07/2017)**

Maestría

Organizador/Coordinador

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/>

#### 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](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

Universidad de Valencia / Master en Bioinformática

### 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/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/assignaturas-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

## 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 simbioses (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 simbioses 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

RRHH formados 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

RRHH formados 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 - 09/2014 )**

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 - 09/2014)**

Gestión de la Enseñanza 20 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

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

#### **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  
RRHH formados en el proyecto:  
Maestría/Magister:2  
Financiación:  
Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero  
Equipo: Matías ARIM IHLENFELD (Responsable), Juan Carlos VALLE LISBOA ASURABARRENA, Héctor Gabriel ROMERO BRUNETTO, Juan Manuel BARRENECHE SARASOLA, Miguel PONCE DE LEON CAPURRO  
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  
RRHH formados en el proyecto:  
Pregrado:1  
Maestría/Magister:1  
Doctorado:1  
Financiación:  
Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero  
Equipo: Miguel PONCE DE LEON CAPURRO, Carlos Alberto ROBELLO PORTO, Gonzalo GREIF CARÁMBULA, Fernando ALVAREZ VALIN (Responsable), Jenifer GARCÍA-MONTEJO BARNECHE, Guillermo Pedro LAMOLLE ALZUGARAY

**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  
RRHH formados en el proyecto:  
Pregrado:3

Maestría/Magister:2

Financiación:

INIA, Uruguay, Apoyo financiero

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

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

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Especialización:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

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

**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**

Desde 2023 soy Investigador Establecido en el Departamento de Life Sciences del Barcelona Supercomputing Center (BSC-CNS), institución en la que trabajo desde 2017 desarrollando investigación básica y aplicada en biomedicina, epidemiología computacional, salud urbana y medicina de precisión. Soy Investigador Asociado Nivel I del SNI e Investigador Asociado Nivel III del PEDECIBA en el área de Biología. Mi trayectoria integra biología de sistemas, bioinformática, modelado multiescala y computación de alto rendimiento (HPC), con énfasis en la integración de datos masivos, incluyendo datos moleculares, celulares, de movilidad y ambientales, para estudiar procesos biológicos complejos a diferentes escalas.

Mi línea central de investigación se ha consolidado alrededor del desarrollo de modelos y simulaciones multiescala que integran dinámicas intracelulares (metabolismo y señalización), procesos poblacionales, interacciones célula-ambiente y datos heterogéneos. He contribuido al desarrollo de herramientas de referencia como PhysiBoSS y PhysiCellFBA, que permiten incorporar modelos metabólicos a escala genómica en simulaciones basadas en agentes. Estas plataformas se utilizan para estudiar el crecimiento tumoral, la heterogeneidad clonal y los mecanismos de resistencia terapéutica. Asimismo, he investigado estrategias computacionales para la optimización de tratamientos, incluyendo workflows de exploración masiva en arquitecturas HPC y enfoques basados en aprendizaje estadístico.

En biología de sistemas he realizado aportes en: (i) reconstrucción y análisis de redes metabólicas de microorganismos y simbioses; (ii) estudio computacional de interacciones metabólicas y nutricionales; (iii) integración de datos de expresión en modelos metabólicos; y (iv) construcción de modelos multiescala que conectan procesos intracelulares con la dinámica poblacional y el microambiente, con aplicación al estudio del cáncer y la exploración de terapias.

Desde 2020 he ampliado mi actividad hacia la epidemiología computacional y la salud urbana.

Durante la pandemia dirigí el desarrollo de COVID-19 Flow-Maps, un sistema GIS abierto que integra movilidad, datos epidemiológicos y capacidad sanitaria, utilizado por el Observatorio Epidemiológico de Catalunya para apoyar la toma de decisiones. También he estudiado la relación entre movilidad y propagación de COVID-19, el impacto de políticas públicas y he contribuido al desarrollo de modelos epidemiológicos calibrados con datos de movilidad reales.

En el BSC coordino el equipo de Modelado y Biología de Sistemas, donde superviso líneas de investigación en modelado multiescala y epidemiología computacional. He participado activamente en proyectos europeos estratégicos como PerMedCoE, INFORE y CREXDATA. Más recientemente coordiné el proyecto MePreCiSa, que desarrolló una plataforma integrada para el estudio de la salud urbana combinando movilidad, contaminación del aire, datos de salud y simulación epidemiológica. Estos trabajos han contribuido a caracterizar la exposición ambiental individual y a estudiar la relación entre calidad del aire, movilidad recurrente y efectos adversos en salud.

Actualmente participo en proyectos como CREXDATA y HARMONIE, centrados en el análisis y la evaluación del impacto ambiental sobre la salud.

En formación de recursos humanos he dirigido 11 tesis de maestría y actualmente superviso una tesis doctoral en biología de sistemas aplicada a oncología. He impartido docencia y seminarios en programas nacionales e internacionales, incluyendo másteres en bioinformática, biología de sistemas y cursos especializados en modelado computacional, programación científica y manejo de datos en salud. También he organizado e impartido cursos PEDECIBA, así como workshops y simposios científicos. Mi producción científica incluye 26 artículos arbitrados, un H-index de 13 y más de 595 citas, con múltiples contribuciones como primer autor o autor de correspondencia. Mis publicaciones abarcan biología de sistemas, epidemiología computacional, análisis de movilidad y salud ambiental.

En síntesis, mi trayectoria combina el desarrollo metodológico en biología computacional con su aplicación interdisciplinaria en cáncer, epidemiología y salud urbana, integrando modelado mecanístico, HPC y análisis de datos a gran escala. Mis contribuciones buscan avanzar en la

comprensión de procesos biológicos complejos que requieren la integración de múltiples escalas y su interacción. A nivel aplicado, mi trabajo se enfoca en el desarrollo de herramientas computacionales que apoyen la toma de decisiones en salud pública y medicina personalizada.

## Producción bibliográfica

### ARTÍCULOS PUBLICADOS

#### ARBITRADOS

##### **Leveraging training expertise to build capacity in computational personalised medicine (Completo, 2026)**

MARTA LLORET-LLINARES, DANIEL THOMAS-LOPEZ, JOSÉ CARBONELL-CABALLERO, LAURENCE CALZONE, JAVIER CONEJERO, JESSE P HARRISON, MIROSLAV KRATOCHVIL, ARNAU MONTAGUD, VINCENT NOËL, HENRIK NORTAMO, MIGUEL PONCE-DE-LEÓN, PABLO RODRÍGUEZ-MIER, MARCO RUSCONE, DÉNES TŰREI, MIGUEL VAZQUEZ, ALESSANDRA VILLA, NADJA ZLENDER, BRANE LESKOSEK, MARIANO VAZQUEZ, UNDEFINED UNDEFINED, ALBA JENE-SANZ, THALEIA NTINIAKOU, SALVADOR CAPELLA-GUTIERREZ, ROSA M BADIA, OTHMANE HAYOUN, JOSÉ ESTRAGUÉS, ADAM ŠMELKO, DAVID VICENTE, GAURAV SAXENA, MARTA GARCIA-GASULLA, MARC CLASCÀ, RENATA GIMENEZ, JANINE GEHRIG, ROMANA KRONJEVOD, ESTHER DORADO, MARIOLA TARREGA, LAURA PORTELL, ASIER GONZALEZ, WEI GU, SARAH PETER, ADRIAN THOROGOOD, LAURENT HEIRENDT, ATILA GABOR, FRANCISCO JAVIER NIETO, MARÍA ALEJANDRA PAZ, JESUS GORRONOGOITIA, DAMJANA KASTELIC, JOAQUIM CALBÓ, ROSSEN APOSTOLOV, REINHARD SCHNEIDER, JULIO SAEZ-RODRIGUEZ, TOMMY H NYRÖNEN, EMMANUEL BARILLOT, ALFONSO VALENCIA, VERA MATSER, CATH BROOKSBANK

Bioinformatics Advances, v.: 6 2026

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 26350041

DOI: [10.1093/bioadv/vbag070](https://doi.org/10.1093/bioadv/vbag070)

<https://doi.org/10.1093/bioadv/vbag070>



##### **Detecting Stable Cross-Impact Patterns in Bivariate Time Series (Completo, 2026)**

GENNADY ANDRIENKO, NATALIA ANDRIENKO, MARAM AKILA, BAHAVATHY KATHIRGAMANATHAN, MIGUEL PONCE-DE-LEON

IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics, p.:1 - 19, 2026

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

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

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United states

ISSN: 10772626

E-ISSN: 19410506

DOI: [10.1109/tvcg.2026.3676810](https://doi.org/10.1109/tvcg.2026.3676810)

<https://doi.org/10.1109/tvcg.2026.3676810>



##### **Experimentally calibrated multiscale model predicts schedule dependent drug combination effects (Completo, 2026)** Trabajo relevante

OTHMANE HAYOUN-MYA, ARNAU MONTAGUD, ALFONSO VALENCIA, MIGUEL PONCE-DE-LEON

npj Systems Biology and Applications, v.: 12 2026

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Internet  
E-ISSN: 20567189  
DOI: [10.1038/s41540-026-00669-4](https://doi.org/10.1038/s41540-026-00669-4)  
<https://doi.org/10.1038/s41540-026-00669-4>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**How to incorporate social vulnerability into epidemic mathematical modelling: recommendations from an international Delphi (Completo, 2025)**

MEGAN NAIDOO , WHITNEY SHEPHARD , NOKUTHULA MTSHALI , INNOCENSIA KAMBEWE , BERNEDETTE MUTHIEN , NADIA N. ABUELEZAM , MIGUEL PONCE-DE-LEON , DANIEL A.M. VILLELA , ROMULO PAES-SOUSA , WIRICHADA PAN-NGUM , DAVID DOWDY , STEPHEN S. MORSE , DAIANA PENA , LORENA G. BARBERIA , REIN M.G.J. HOUBEN , PEDRO ARCOS GONZÁLEZ , JAMELA E. ROBERTSON , RACHID MULEIA , OLANREWAJU LAWAL , DAVIDE RASELLA

Social Science & Medicine, v.: 383 p.:118352 2025

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 02779536

DOI: [10.1016/j.socscimed.2025.118352](https://doi.org/10.1016/j.socscimed.2025.118352)

<https://doi.org/10.1016/j.socscimed.2025.118352>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**Constraint based modeling of drug induced metabolic changes in a cancer cell line (Completo, 2025)**

XAVIER BENEDICTO , ÅSMUND FLOBAK , MIGUEL PONCE-DE-LEON , ALFONSO VALENCIA

npj Systems Biology and Applications, v.: 11 2025

Areas de conocimiento:

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

E-ISSN: 20567189

DOI: [10.1038/s41540-025-00586-y](https://doi.org/10.1038/s41540-025-00586-y)

<https://doi.org/10.1038/s41540-025-00586-y>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**Assessing the impact of interregional mobility on COVID19 spread in Spain using transfer entropy (Completo, 2025)**

MIGUEL PONCE-DE-LEON , CAMILA PONTES , ALEX ARENAS , ALFONSO VALENCIA

Scientific Reports, v.: 15 2025

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

Lugar de publicación: United kingdom

E-ISSN: 20452322

DOI: [10.1038/s41598-025-17218-4](https://doi.org/10.1038/s41598-025-17218-4)

<https://doi.org/10.1038/s41598-025-17218-4>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**The effect of recurrent mobility on air pollution exposure and mortality burden in Catalonia (Completo, 2025)**

ALEJANDRO NAVARRO-MARTÍNEZ , MERIEM HAJJI , JAN MATEU ARMENGOL , ALBERT

SORET , MIGUEL PONCE-DE-LEÓN , ALFONSO VALENCIA

International Journal of Health Geographics, v.: 24 2025

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

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

E-ISSN: 1476072X

DOI: [10.1186/s12942-025-00410-0](https://doi.org/10.1186/s12942-025-00410-0)

<https://doi.org/10.1186/s12942-025-00410-0>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**RATS: A resource allocator for optimizing the execution of tumor simulations over HPC infrastructures (Completo, 2025)**

ERRIKOS STREVINIOTIS , NIKOS GIATRAKOS , YANNIS KOTIDIS , THALEIA NTINIAKOU ,

MIGUEL PONCE DE LEON  
Information Systems, v.: 132 p.:102538 2025

Areas de conocimiento:

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

Lugar de publicación: United kingdom

ISSN: 03064379

DOI: [10.1016/j.is.2025.102538](https://doi.org/10.1016/j.is.2025.102538)

<https://doi.org/10.1016/j.is.2025.102538>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

### **Drug-target identification in COVID-19 disease mechanisms using computational systems biology approaches (Completo, 2024)**

ANNA NIARAKIS , MAREK OSTASZEWSKI , ALEXANDER MAZEIN , INNA KUPERSTEIN , MARTINA KUTMON , MARC E. GILLESPIE , AKIRA FUNAHASHI , MARCIO LUIS ACENCIO , AHMED HEMEDAN , MICHAEL AICHEM , KARSTEN KLEIN , TOBIAS CZAUDERNA , FELICIA BURTSCHER , TAKAHIRO G. YAMADA , YUSUKE HIKI , NORIKO F. HIROI , FINTELY HU , NHUNG PHAM , FRIEDERIKE EHRHART , EGON L. WILLIGHAGEN , ALBERTO VALDEOLIVAS , AURELIEN DUGOURD , FRANCESCO MESSINA , MARINA ESTEBAN-MEDINA , MARIA PEÑA-CHILET , KINZA RIAN , SYLVAIN SOLIMAN , SARA SADAT AGHAMIRI , BHANWAR LAL PUNIYA , AURÉLIEN NALDI , TOMÁ? HELIKAR , VIDISHA SINGH , MARCO FARIÑAS FERNÁNDEZ , VIVIAM BERMUDEZ , EIRINI TSIRVOULI , ARNAU MONTAGUD , VINCENT NOËL , MIGUEL PONCE-DE-LEON , DIETER MAIER , ANGELA BAUCH , BENJAMIN M. GYORI , JOHN A. BACHMAN , AUGUSTIN LUNA , JANET PIÑERO , LAURA I. FURLONG , IRINA BALAUER , ADRIEN ROUGNY , YOHAN JAROSZ , RUPERT W. OVERALL , ROBERT PHAIR , LIVIA PERFETTO , LISA MATTHEWS , DEVASAHAYAM AROKIA BALAYA REX , MARIJA ORLIC-MILACIC , LUIS CRISTOBAL MONRAZ GOMEZ , BERTRAND DE MEULDER , JEAN MARIE RAVEL , BIJAY JASSAL , VENKATA SATAGOPAM , GUANMING WU , MARTIN GOLEBIEWSKI , PIOTR GAWRON , LAURENCE CALZONE , JACQUES S. BECKMANN , CHRIS T. EVELO , PETER D? EUSTACHIO , FALK SCHREIBER , JULIO SAEZ-RODRIGUEZ , JOAQUIN DOPAZO , MARTIN KUIPER , ALFONSO VALENCIA , OLAF WOLKENHAUER , HIROAKI KITANO , EMMANUEL BARILLOT , CHARLES AUFFRAY , RUDI BALLING , REINHARD SCHNEIDER , UNDEFINED UNDEFINED

Frontiers in Immunology, v.: 14 2024

Areas de conocimiento:

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

Lugar de publicación: Switzerland

E-ISSN: 16643224

DOI: [10.3389/fimmu.2023.1282859](https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1282859)

<https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1282859>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

### **PhysiBoSS 2.0: a sustainable integration of stochastic Boolean and agent-based modelling frameworks (Completo, 2023) Trabajo relevante**

MIGUEL PONCE-DE-LEON , ARNAU MONTAGUD , VINCENT NOËL , ANNIKA MEERT , GERARD PRADAS , EMMANUEL BARILLOT , LAURENCE CALZONE , ALFONSO VALENCIA  
npj Systems Biology and Applications, v.: 9 2023

Areas de conocimiento:

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

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

E-ISSN: 20567189

DOI: [10.1038/s41540-023-00314-4](https://doi.org/10.1038/s41540-023-00314-4)

<https://doi.org/10.1038/s41540-023-00314-4>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

### **Evaluating the policy of closing bars and restaurants in Cataluña and its effects on mobility and COVID19 incidence (Completo, 2022)**

MATTHEW SMITH , MIGUEL PONCE-DE-LEON , ALFONSO VALENCIA

Scientific Reports, v.: 12 2022

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática /  
Ciencias Sociales / Geografía Económica y Social / Geografía Económica y Social /  
Lugar de publicación: United kingdom  
E-ISSN: 20452322  
DOI: [10.1038/s41598-022-11531-y](https://doi.org/10.1038/s41598-022-11531-y)  
<http://dx.doi.org/10.1038/s41598-022-11531-y>  
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

#### **Parallel model exploration for tumor treatment simulations (Completo, 2022)**

CHARILAOS AKASIADIS , MIGUEL PONCE-DE-LEON , ARNAU MONTAGUD , EVANGELOS MICHELILOUDAKIS , ALEXIA ATSIDAKOU , ELIAS ALEVIZOS , ALEXANDER ARTIKIS , ALFONSO VALENCIA , GEORGIOS PALIOURAS  
Computational Intelligence, v.: 38 p.:1379 - 1401, 2022  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación /  
Lugar de publicación: United kingdom  
ISSN: 08247935  
E-ISSN: 14678640  
DOI: [10.1111/coin.12515](https://doi.org/10.1111/coin.12515)  
<http://dx.doi.org/10.1111/coin.12515>  
Scopus®

#### **Optimizing Dosage-Specific Treatments in a Multi-Scale Model of a Tumor Growth (Completo, 2022)**

MIGUEL PONCE-DE-LEON , ARNAU MONTAGUD , CHARILAOS AKASIADIS , JANINA SCHREIBER , THALEIA NTINIAKOU , ALFONSO VALENCIA  
Frontiers in Molecular Biosciences, v.: 9 2022  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /  
Lugar de publicación: Switzerland  
Escrito por invitación  
E-ISSN: 2296889X  
DOI: [10.3389/fmolb.2022.836794](https://doi.org/10.3389/fmolb.2022.836794)  
<http://dx.doi.org/10.3389/fmolb.2022.836794>  
Scopus®

#### **COVID19 Disease Map, a computational knowledge repository of virus?host interaction mechanisms (Completo, 2021)**

MAREK OSTASZEWSKI , ANNA NIARAKIS , ALEXANDER MAZEIN , INNA KUPERSTEIN , ROBERT PHAIR , AURELIO ORTA-RESENDIZ , VIDISHA SINGH , SARA SADAT AGHAMIRI , MARCIO LUIS ACENCIO , ENRICO GLAAB , ANDREAS RUEPP , GISELA FOBO , CORINNA MONTRONE , BARBARA BRAUNER , GOAR FRISHMAN , LUIS CRISTÓBAL MONRAZ GÓMEZ , JULIA SOMERS , MATTI HOCH , SHAILENDRA KUMAR GUPTA , JULIA SCHEEL , HANNA BORLINGHAUS , TOBIAS CZAUDERNA , FALK SCHREIBER , ARNAU MONTAGUD , MIGUEL PONCE DE LEON , AKIRA FUNAHASHI , YUSUKE HIKI , NORIKO HIROI , TAKAHIRO G YAMADA , ANDREAS DRÄGER , ALINA RENZ , MUHAMMAD NAVEEZ , ZSOLT BOCSKEI , FRANCESCO MESSINA , DANIELA BÖRNIGEN , LIAM FERGUSSON , MARTA CONTI , MARIUS RAMEIL , VANESSA NAKONECNIJ , JAKOB VANHOEFER , LEONARD SCHMIESTER , MUYING WANG , EMILY E ACKERMAN , JASON E SHOEMAKER , JEREMY ZUCKER , KRISTIE OXFORD , JEREMY TEUTON , EBRU KOCAKAYA , GÖKÇE YA-MUR SUMMAK , KRISTINA HANSPERS , MARTINA KUTMON , SUSAN COORT , LARS EIJSSEN , FRIEDERIKE EHRHART , DEVASAHAYAM AROKIA BALAYA REX , DENISE SLENTER , MARVIN MARTENS , NHUNG PHAM , ROBIN HAW , BIJAY JASSAL , LISA MATTHEWS , MARIJA ORLIC-MILACIC , ANDREA SENFF-RIBEIRO , KAREN ROTHFELS , VERONICA SHAMOVSKY , RALF STEPHAN , CRISTOFFER SEVILLA , THAWFEEK VARUSAI , JEAN-MARIE RAVEL , RUPSHA FRASER , VERA ORTSEIFEN , SILVIA MARCHESI , PIOTR GAWRON , EWA SMULA , LAURENT HEIRENDT , VENKATA SATAGOPAM , GUANMING WU , ANDERS RIUTTA , MARTIN GOLEBIEWSKI , STUART OWEN , CAROLE GOBLE , XIAOMING HU , RUPERT W OVERALL , DIETER MAIER , ANGELA BAUCH , BENJAMIN M GYORI , JOHN A BACHMAN , CARLOS VEGA , VALENTIN GROUËS , MIGUEL VAZQUEZ ,

PABLO PORRAS , LUANA LICATA , MARTA IANNUCELLI , FRANCESCA SACCO , ANASTASIA NESTEROVA , ANTON YURYEV , ANITA DE WAARD , DENES TUREI , AUGUSTIN LUNA , OZGUN BABUR , SYLVAIN SOLIMAN , ALBERTO VALDEOLIVAS , MARINA ESTEBAN?MEDINA , MARIA PEÑA?CHILET , KINZA RIAN , TOMÁ? HELIKAR , BHANWAR LAL PUNIYA , DEZSO MODOS , AGATHA TREVEIL , MARTON OLBEI , BERTRAND DE MEULDER , STEPHANE BALLEREAU , AURÉLIEN DUGOURD , AURÉLIEN NALDI , VINCENT NOËL , LAURENCE CALZONE , CHRIS SANDER , EMEK DEMIR , TAMAS KORCSMAROS , TOM C FREEMAN , FRANCK AUGÉ , JACQUES S BECKMANN , JAN HASENAUER , OLAF WOLKENHAUER , EGON L WILLIGHAGEN , ALEXANDER R PICO , CHRIS T EVELO , MARC E GILLESPIE , LINCOLN D STEIN , HENNING HERMJAKOB , PETER D'EUSTACHIO , JULIO SAEZ?RODRIGUEZ , JOAQUIN DOPAZO , ALFONSO VALENCIA , HIROAKI KITANO , EMMANUEL BARILLOT , CHARLES AUFRAY , RUDI BALLING , REINHARD SCHNEIDER , UNDEFINED UNDEFINED  
Molecular Systems Biology, v.: 17 2021

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la  
Información y Bioinformática /

Lugar de publicación: United states

E-ISSN: 17444292

DOI: [10.15252/msb.202110387](https://doi.org/10.15252/msb.202110387)

<http://dx.doi.org/10.15252/msb.202110387>



### **Simulating SARS-CoV-2 epidemics by region-specific variables and modeling contact tracing app containment (Completo, 2021)**

ALBERTO FERRARI , ENRICO SANTUS , DAVIDE CIRILLO , MIGUEL PONCE-DE-LEON , NICOLA MARINO , MARIA TERESA FERRETTI , ANTONELLA SANTUCCIONE CHADHA , NIKOLAOS MAVRIDIS , ALFONSO VALENCIA

npj Digital Medicine, v.: 4 2021

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

E-ISSN: 23986352

DOI: [10.1038/s41746-020-00374-4](https://doi.org/10.1038/s41746-020-00374-4)

<http://dx.doi.org/10.1038/s41746-020-00374-4>



### **BioFVM-X: An MPI+OpenMP 3-D Simulator for Biological Systems (Completo, 2021)**

Saxena G , Ponce-de-Leon M. , Montagud A , Vicente-Dorca D , Valencia A  
Lecture Notes in Computer Science, p.:266 - 279, 2021

Areas de conocimiento:

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

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

E-ISSN: 16113349

DOI: [10.1007/978-3-030-85633-5\\_8](https://doi.org/10.1007/978-3-030-85633-5_8)

[https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-85633-5\\_18](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-85633-5_18)



### **Systems biology at the giga-scale: Large multiscale models of complex, heterogeneous multicellular systems (Completo, 2021)**

ARNAU MONTAGUD , MIGUEL PONCE-DE-LEON , ALFONSO VALENCIA  
Current Opinion in Systems Biology, v.: 28 p.:100385 2021

Areas de conocimiento:

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

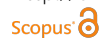
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica /

Escrito por invitación

ISSN: 24523100

DOI: [10.1016/j.coisb.2021.100385](https://doi.org/10.1016/j.coisb.2021.100385)

<http://dx.doi.org/10.1016/j.coisb.2021.100385>



**COVID-19 Flow-Maps an open geographic information system on COVID-19 and human mobility for Spain (Completo, 2021)** Trabajo relevante

MIGUEL PONCE-DE-LEON , JAVIER DEL VALLE , JOSÉ MARÍA FERNANDEZ , MARC BERNARDO , DAVIDE CIRILLO , JON SANCHEZ-VALLE , MATTHEW SMITH , SALVADOR CAPELLA-GUTIERREZ , TANIA GULLÓN , ALFONSO VALENCIA

Scientific Data, v.: 8 2021

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

Ciencias Sociales / Geografía Económica y Social / Planeamiento y aspectos sociales del Transporte /

Lugar de publicación: United kingdom

E-ISSN: 20524463

DOI: [10.1038/s41597-021-01093-5](https://doi.org/10.1038/s41597-021-01093-5)

<http://dx.doi.org/10.1038/s41597-021-01093-5>



**Interactive extreme: Scale analytics towards battling cancer (Completo, 2019)**

Ponce-de-Leon M. , Valencia A.

IEEE Technology and Society Magazine, 2019

Palabras clave: multi-scale-modeling

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 02780097

E-ISSN: 1937416X

DOI: [10.1109/MTS.2019.2913071](https://doi.org/10.1109/MTS.2019.2913071)

<https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/8733936>



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

Ponce-de-Leon M.

Bioinformatics, 2019

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13674803

E-ISSN: 14602059

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>



**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

E-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>



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

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

E-ISSN: 1664302X

DOI: [10.3389/fmicb.2016.01553](https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01553)

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**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, 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

E-ISSN: 10958541

DOI: [10.1016/j.jtbi.2016.07.024](https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2016.07.024)

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**An Interpretation of the Ancestral Codon from Miller's 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

E-ISSN: 11779322

DOI: [10.4137/BBI.S24021](https://doi.org/10.4137/BBI.S24021)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4401237/>

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

E-ISSN: 19326203

DOI: [10.1371/journal.pone.0143626](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0143626)

WEB OF SCIENCE™ 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

E-ISSN: 11779322

DOI: [10.4137/BBI.S13161](https://doi.org/10.4137/BBI.S13161)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

**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  
E-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>

WEB OF SCIENCE™ 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  
E-ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/1471-2164-14-149](https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-149)  
<http://www.biomedcentral.com/>

WEB OF SCIENCE™ Scopus® 

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

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  
E-ISSN: 15730689

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

**PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS**

**Mapping Time Lags in Epidemics (2024)**

GENNADY ANDRIENKO, NATALIA ANDRIENKO, MIGUEL PONCE-DE-LEON  
Publicado

Resumen expandido  
Año del evento: 2024  
Anales/Proceedings: Abstracts of the ICA  
Publicación arbitrada  
Editorial: Copernicus GmbH  
DOI: [10.5194/ica-abs-8-2-2024](https://doi.org/10.5194/ica-abs-8-2-2024)  
<https://doi.org/10.5194/ica-abs-8-2-2024>

**Optimizing Resource Allocation for Tumor Simulations over HPC Infrastructures (2023)**

ERRIKOS STREVINIOTIS, NIKOS GIATRAKOS, YANNIS KOTIDIS, THALEIA NTINIAKOU, MIGUEL PONCE DE LEON  
Publicado  
Completo  
Descripción: 2023 IEEE 10th International Conference on Data Science and Advanced Analytics (DSAA)  
Ciudad: Thessaloniki, Greece  
Año del evento: 2023  
Anales/Proceedings: 2023 IEEE 10th International Conference on Data Science and Advanced Analytics (DSAA)  
Publicación arbitrada  
Editorial: IEEE  
Areas de conocimiento:

## Producción técnica

### PRODUCTOS

#### EpiSim.jl (2024)

Prototipo, Software

Ponce-de-Leon M., Isabel Martinez, Lewis Knox, Piergiorgio Castioni, Alex Arenas

EpiSim.jl es una interfaz general para acceder a diferentes motores/modelos de simulación. En este sentido, EpiSim.jl funciona como un simulador independiente que permite ejecutar simulaciones utilizando diferentes motores/modelos. Actualmente, implementa el enfoque MMCA para simular un SEIR extendido en una metapoblación con diferentes tipos de agentes, lo que permite modelar diferentes estratos de edad. Las diferentes poblaciones están conectadas mediante una red que representa los patrones de movilidad diaria de los agentes que se desplazan al trabajo en diferentes regiones. Motores actualmente compatibles: - Paquete Julia MMCAcovid19, <https://docs.juliahub.com/MMCAcovid19/> - Paquete Julia MMCAcovid19-Vac, <https://github.com/Epi-Sim/MMCACovid19Vac.jl> Como característica novedosa, EpiSim.jl utiliza un formato de configuración estándar para configurar o definir instancias específicas de un modelo; por ejemplo, definir el número y el tamaño de las diferentes metapoblaciones, proporcionar la estructura de la red de movilidad y configurar valores para las tasas de transición epidemiológica.

País: España

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: Unión Europea

Palabras clave: simulador epidemias covid19

<https://zenodo.org/records/17552713>

#### PhysiBoSS 2.0 (2023)

Prototipo, Software

Ponce-de-Leon M., Arnau MONTAGUD, Vincent Noel, Annika Meert, Gerard Pradas

PhysiBoSS 2.0 es un rediseño y reimplementación de PhysiBoSS

(doi:10.1093/bioinformatics/bty766). Se ha concebido como un complemento que amplía las funcionalidades basadas en agentes de PhysiCell (doi:10.1371/journal.pcbi.1005991) con señalización intracelular mediante MaBoSS, con un diseño desacoplado, fácil de mantener e independiente del modelo. PhysiBoSS 2.0 reproduce simulaciones descritas en las publicaciones originales de PhysiBoSS y puede utilizarse con otros modelos booleanos, por ejemplo, para predecir la sinergia de fármacos en una línea celular de adenocarcinoma gástrico.

País: España

Disponibilidad: Irrestringida

Palabras clave: biología de sistemas; simulación multi-escala;

Áreas de conocimiento:

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

<https://github.com/PhysiBoSS/PhysiBoSS?tab=readme-ov-file>

#### COVID-19 Flow-Maps (2020)

Piloto, Software

Ponce-de-Leon M., del Valle J., Fernandez JM

Flow-Maps is the Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación (BSC-CNS) system for monitoring COVID-19 outbreaks and mobility-associated risk by integrating health information, population-level mobility patterns into a Geographica

País: España

Disponibilidad: Irrestringida

Institución financiadora: Generalitat de Catalunya

Palabras clave: COVID19 movilidad database

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

Ciencias Sociales / Geografía Económica y Social / Planeamiento y aspectos sociales del Transporte /

Ciencias Sociales / Geografía Económica y Social / Geografía Económica y Social /

Medio de divulgación: Internet  
<https://flowmaps.life.bsc.es/>

### **Aplicación Web para el manejo de la base de datos es especies (SNAP) (2011)**

Producto, Software

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 metadatos.

Institución financiadora: MVOTMA-SNAP-PNUD

Palabras clave: Base de Datos webapp

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

<https://www.ambiente.gub.uy/especies>

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).

### **Sistema de apoyo a la toma de decisiones para el Sistema Nacional de Áreas Protegidas (2009)**

Producto, Software

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 protegidas SIG

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Tierra y relacionadas con el Medio Ambiente /

Ciencias Medioambientales / Conservación

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. 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. ,

## **OTRAS PRODUCCIONES**

## **BASES DE DATOS**

### **COVID19 Flow-Maps (2021)**

Ponce-de-Leon M., Javerl del Valle, Jose María Fernandez

País: España

Web: <https://github.com/bsc-flowmaps>

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

### **CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS**

#### **Introduction to Big Data Analytics (2025)**

Ponce-de-Leon M.

Perfeccionamiento

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://www.bsc.es/education/training/bsc-training/bsc-training-course-introduction-big-data-analyti>

Tipo de participación: Docente

Duración: 1 semanas

Lugar: Barcelona

Institución Promotora/Financiadora: Barcelona Supercomputing Center

Áreas de conocimiento:

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

#### **Curso PEDECIBA - De las redes intracelulares a las simulaciones multicelulares (2024)**

Ponce-de-Leon M., PAZOS OBREGÓN F.

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Español

Web: <https://www.pedeciba.edu.uy/en/course/de-las-redes-intracelulares-a-las-simulaciones-de-sistemas-mul>

Tipo de participación: Docente

Duración: 1 semanas

Lugar: Instituto Pasteur de Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: PEDECIBA

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 /

#### **Introduction to Big Data Analytics (2024)**

Ponce-de-Leon M.

Perfeccionamiento

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://www.bsc.es/education/training/bsc-training/bsc-training-course-introduction-big-data-analyti>

Tipo de participación: Docente

Duración: 1 semanas

Lugar: Barcelona, España

Institución Promotora/Financiadora: Barcelona Supercomputing Center

Áreas de conocimiento:

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

#### **PerMedCoE summer school: from pathway modelling tools to cell-level simulations (2023)**

Ponce-de-Leon M.

Especialización

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://www.ebi.ac.uk/training/events/permedcoe-summer-school-cell-level-simulations/>

Tipo de participación: Docente

Duración: 1 semanas

Lugar: Seva (Barcelona), España

Institución Promotora/Financiadora: EMBL-EBI

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 /

### **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

### **DESARROLLO DE MATERIAL DIDÁCTICO O DE INSTRUCCIÓN**

#### **Video MePreCiSa: A new approach to the study of urban health (2025)**

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://www.youtube.com/watch?v=Jznv7PMo2-g>

MePreCiSa busca desarrollar una plataforma en la nube que sirva de base para un análisis integrado de salud pública mediante el uso de big data, aprendizaje automático y simulaciones. Durante el evento, expertos del sector público y empresarial abordarán

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental /

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

#### **Introductory Course on Systems Biology: From Molecular Networks to Multicellular Systems (2024)**

Ponce-de-Leon M.

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Web: [https://github.com/migp11/systems\\_biology\\_course](https://github.com/migp11/systems_biology_course)

Material teórico/práctico del curso "Introductory Course on Systems Biology: From Molecular Networks to Multicellular Systems"

Áreas de conocimiento:

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

#### **Video de divulgación del Life Sciences Department del Barcelona Supercomputing Center: The Human Digital Twin (2022)**

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://www.youtube.com/watch?v=6Qa1GCWc9lc>

Vivimos una revolución de datos en el campo biomédico, y la investigación científica avanza a un ritmo sin precedentes para mejorar la medicina moderna. Uno de los aspectos clave de esta medicina es la personalización de los tratamientos para cada patient

Áreas de conocimiento:

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

## INFORMES DE INVESTIGACIÓN

### D2.2 Initial Use Case Evaluation, Pilots, Demonstrators and Simulation Models and Tools (2023)

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://crexdata.eu/deliverable/d2-2-initial-use-case-evaluation-pilots-demonstrators-and-simulation>

Nombre del proyecto: Critical Action Planning over Extreme-Scale Data (CREXDATA)

Disponibilidad: Irrestringida

Institución Promotora/Financiadora: Unión Europea

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información /

Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Computación avanzada y Big Data

### Big Data i Intel·ligència Artificial per a la prevenció d'epidèmies (2021)

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Catalán

Web:

[https://www.researchprojects.es/sites/default/files/content/file/2021/07/20/10/informe\\_final\\_bigdata](https://www.researchprojects.es/sites/default/files/content/file/2021/07/20/10/informe_final_bigdata)

Nombre del proyecto: Datos integrados y Observatorio Epidemiológico

Disponibilidad: Irrestringida

Institución Promotora/Financiadora: Departamento de Políticas Digitales de la Generalitat de  
Catalunya

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

### D1.2 Initial Agent-Based Model (2020)

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://zenodo.org/records/4034023>

Nombre del proyecto: INFORE: Interactive Extreme-Scale Analytics and Forecasting

Disponibilidad: Irrestringida

Institución Promotora/Financiadora: Unión Europea

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 /

### D1.3 Life Sciences Use Case: Requirements, Scenario Definitions and Initial Evaluation Report (2020)

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://zenodo.org/records/4034037>

Nombre del proyecto: INFORE: Interactive Extreme-Scale Analytics and Forecasting

Disponibilidad: Irrestringida

Institución Promotora/Financiadora: Unión Europea

Áreas de conocimiento:

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

### **D1.1 Life Sciences Use Case: Initial Requirements and Scenario Definitions (2019)**

Ponce-de-Leon M.

País: España

Idioma: Inglés

Web: <https://zenodo.org/records/4034013>

Nombre del proyecto: INFORE

Disponibilidad: Irrestricta

Institución Promotora/Financiadora: EU

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 /

## **ORGANIZACIÓN DE EVENTOS**

### **Workshop From Data to Action: Urban Health in a Changing World (2025)**

Ponce-de-Leon M.

Otro

Sub Tipo: Otra

Lugar: España, Barcelona

Idioma: Inglés

Web: <https://landing.meprecisa.bsc.es/meprecisa-workshop-de-los-datos-a-la-accion/>

Duración: 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Barcelona supercomputing Center

Palabras clave: Salud Urbana; movilidad; calidad del aire; epidemias

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental /

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología /

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

Información adicional: La salud urbana está cada vez más influenciada por cómo se diseñan, gestionan y viven nuestras ciudades. Ante el cambio climático, la rápida urbanización y los riesgos sanitarios globales, transformar los datos en información útil es clave para unas políticas públicas más eficaces. ¿De los Datos a la Acción? es un taller que reúne a expertos en salud pública, planificación urbana, tecnología e investigación para explorar cómo la ciencia de datos puede orientarnos hacia ciudades más saludables, resilientes y sostenibles.

### **Workshop: Advances in computational modelling of cellular processes and high-performance computing (2020)**

Ponce-de-Leon M.

Congreso

Sub Tipo: Otra

Idioma: Inglés

Web: <https://www.eccb.org/2020/ntbw04-advances-in-computational-modelling-of-cellular-processes-and-high->

Institución Promotora/Financiadora: European Conferences on Computational Biology

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 / Biología Computacional

## **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

##### **Fondo María Viñas (2022)**

Uruguay

Cantidad: Menos de 5

##### **CSIC I+D 2018 (2018 / 2019)**

Uruguay

Cantidad: Menos de 5

### EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

#### REVISIONES

##### **Bulletin of Mathematical Biology (2025)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **PLOS Global public health (2024)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **Computational intelligence (2022)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **Experimental results (2022)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **npj Systems biology and applications (2020)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **BMC Microbial genomics (2020)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

##### **BMC Bioinformatics (2017 / 2019)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: De 5 a 20

##### **FEBS Letters (2017)**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

### **Journal of Biomolecular Structure & Dynamics ( 2016 )**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

### **Bioinformatics ( 2016 )**

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: De 5 a 20

## **EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS**

### **European Conference on Computational Biology ( 2020 / 2022 )**

Revisiones

España

ELIXIR

### **X International Conference on Bioinformatics ( 2019 )**

Revisiones

Uruguay

SOIBIO, UdelaR, PEDECIBA

Evaluación de posters

## **EVALUACIÓN DE CONVOCATORIAS CONCURSABLES**

### **Ikerbasque Research Fellowships (2023) ( 2023 / 2023 )**

Evaluación independiente

España

Cantidad: Menos de 5

Ikerbasque - Basque Foundation for Science

Evaluación externa remunerada de Ikerbasque fellows

## **JURADO DE TESIS**

### **Doctorado en Ingeniería Aplicada, Biología Computacional ( 2022 / 2024 )**

Jurado de mesa de evaluación de tesis

Sector Extranjero/Internacional/Otros / TECNUN - Universidad de Navarra / Department of

Biomedical Engineering and Sciences , España

Nivel de formación: Doctorado

Estudiante: Luis Vitores Valcárcel García Estudiante: Danel Olaverri Estudiante: Danel Olaverri

## **Formación de RRHH**

### **TUTORÍAS CONCLUIDAS**

#### **POSGRADO**

### **Statistical Modelling of the Relation Between Air Pollution Exposure Risk and Population Recurrent Mobility Patterns (2023 - 2024)**

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Politecnica de Catalunya / Facultat de

Matemàtiques y Estadística (FME) y el Departamento de Estadística e Investigación Opera , España

Programa: Máster interuniversitario en Estadística e Investigación Operativa

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Alejandro Navarro

País: España

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología

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

Información y Bioinformática

### **Investigating metabolic changes in gastric adenocarcinoma cell line under different drug treatment: a**

**constraint-based modeling approach (2023 - 2024)**

Tesis de maestria  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Autónoma de Madrid , España  
Programa: Máster en Bioinformática y Biología Computacional  
Tipo de orientación: Tutor único o principal  
Nombre del orientado: Xavier Benedicto  
País: España  
Areas 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

**Implementation of cellular transport mechanisms within a multiscale simulation framework (2021 - 2022)**

Tesis de maestria  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universitat Pompeu Fabra , España  
Programa: Máster en Bioinformática para las Ciencias de la Salud  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( Ponce-de-Leon M. , Montagud )  
Nombre del orientado: Othmane Hayoun-Mya  
País: España  
Palabras Clave: multi-scale modeling agent-based modeling  
Areas 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

**Implementation of a Parallel Tridiagonal Solver for Linear system of Equations arising in Physicell-BioFVM (2020 - 2021)**

Tesis de maestria  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Politécnica de Cataluña , España  
Programa: Master en métodos numéricos en ingeniería  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( Ponce-de-Leon M. , Saxena G )  
Nombre del orientado: Shardoool Kulkarni  
País: España  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación / Métodos Numéricos  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / simulaciones

**Development of a context-specific metabolic model for SW620 cancer cell line to study the effect of the bioactive compound rosemary (2020 - 2021)**

Tesis de maestria  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Autonoma de Barcelona , España  
Programa: Maestria en Bioinformatica  
Tipo de orientación: Tutor único o principal  
Nombre del orientado: Jordi Roma Pi  
País: España  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

**Simulation of drug interactions in a gastric adenocarcinoma Boolean model (2019 - 2020)**

Tesis de maestria  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Pompeu Fabra , España  
Programa: Master en Bioinformatica  
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( Ponce-de-Leon M. , Montagud A )  
Nombre del orientado: Gerard Pradas  
País: España  
Palabras Clave: Systems Biology Multi-scale modeling cancer simulations  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la

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 data<sup>1</sup>. A dynamical model was developed by collaborators<sup>2</sup> 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<sup>3,4</sup>, 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.

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

Tesis de maestría  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto de Salud Carlos III / Escuela Nacional de Sanidad , España  
Programa: Máster en Bioinformática Aplicada a Medicina Personalizada y Salud  
Tipo de orientación: Tutor único o principal  
Nombre del orientado: Estrella Esquivel  
País: España  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

**Defining the basic structure for a bioinformatics unit on a hospital**

Tesis de maestría  
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto de Salud Carlos III / Escuela Nacional de Sanidad , España  
Tipo de orientación: Asesor  
Nombre del orientado: Patricia Avila  
País: España  
Palabras Clave: Infrastructure bioinformatics  
Áreas 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**

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: España  
Palabras Clave: ictus machine learning  
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

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

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  
País: España  
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**

Otras tutorías/orientaciones

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Barcelona Supercomputing Center / Life Science

Department , España

Tipo de orientación: Asesor

Nombre del orientado: Andres Iriarte

País: España

Palabras Clave: Reconstrucción metabólica Biología de sistemas

Areas de conocimiento:

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

## TUTORÍAS EN MARCHA

## POSGRADO

### **Integrating Mobile Phone Mobility Data into Agent-Based Models for Urban Air Quality Exposure Estimation (2025)**

Tesis de maestría

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Politecnica de Catalunya , España

Programa: Máster interuniversitario en Estadística e Investigación Operativa

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Alejandro Herrán Prat

País/Idioma: España,

Areas de conocimiento:

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

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

### **Charting the Landscape of Cancer Systems Biology: Insights from Hybrid Multiscale Simulations (2024)**

Tesis de doctorado

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Politecnica de Catalunya , España

Programa: Doctorado en Bioinformática

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( Ponce-de-Leon M. , Valencia A. )

Nombre del orientado: Othmane Hayoun-Mya

País/Idioma: España,

Areas de conocimiento:

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

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

## Otros datos relevantes

## PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

### **Best Poster Award (2do puesto) (2023)**

(Internacional)  
ISMB/ECCB (Lyon France)

### **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

### **Mobile World Conference (2025)**

Congreso  
Presentación de la plataforma MePRECiSa  
España  
Tipo de participación: Expositor oral  
Nombre de la institución promotora: GSM Association  
Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformatica  
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental

### **International Conferences on Systems Biology (2025)**

Congreso  
PhysiCellFBA: Multiscale Metabolic Modeling in Space and Time?  
Irlanda  
Tipo de participación: Poster  
Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformatica  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas

### **Smart City Expo World Congress (2024)**

Congreso  
Presentación de la plataforma MePRECiSa  
España  
Tipo de participación: Expositor oral  
Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformatica  
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología  
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental

### **ICA Workshop on AI, Geovisualization, and Analytical Reasoning (2024)**

Taller  
Mapping Time Lags in Epidemics  
Polonia  
Tipo de participación: Otros Areas de conocimiento:  
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la

**European Conference in Computational Biology (2024)**

Congreso

The impact of mobility in air pollution exposure and derived health risk

Finlandia

Tipo de participación: Poster

Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Salud Pública y Medioambiental

**The 31st Annual Intelligent Systems For Molecular Biology and the 22nd Annual European Conference on Computational Biology (2023)**

Congreso

Integrating stochastic Boolean and agent-based modelling frameworks for in-silico gastric cancer drug screening experiments with PhysiBoSS 2.0

Francia

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: ISCB

Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:

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

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

**European Scientific Conference on Applied Infectious Disease Epidemiology (2023)**

Congreso

Causal relationships between human mobility and the spread of COVID-19 in Spain

España

Tipo de participación: Poster

Alcance geográfico: Internacional Areas de conocimiento:

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología

**21st European Conference on Computational Biology (2022)**

Congreso

PhysiBoSS allows for drug synergies studies in real-size tumours simulations

España

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: The Spanish National Bioinformatics Institute (INB/ELIXIR-ES) and the Barcelona Supercomputing Center (BSC) Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / 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 Areas de conocimiento:

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

**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

Areas de conocimiento:

**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

**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

**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

**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

**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 Areas 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 Areas 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 Areas 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

#### **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

#### **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).

#### **150 years od Darwins Evolutionary Theory: a South American celebration (2009)**

Congreso

Calculating metabolic reponses from the stoichometric network and optimization principles

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias Areas de conocimiento:

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

#### **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

#### **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

#### **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

#### **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

#### **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

### **JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS**

#### **Novel systems biology approaches to predict drug targets in multiple myeloma (2024)**

Candidato: Naroa Barrena  
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado  
Ponce-de-Leon M., Felipe Prósper Cardoso, Angel Rubio Díaz-Cordovés, Leonor Puchades Carrasco, Marta Cascante Serratosa  
Doctorado en Investigación Aplicada en Ingeniería / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Universidad de Navarra / España  
Sitio Web: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=370742>  
País: España  
Idioma: Inglés  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

**Systems Biology and Machine Learning approaches to stratify and treat Acute Myeloid Leukaemia (2024)**

Candidato: Danel Olaverri

Tipo Jurado: Tesis de Doctorado

Ponce-de-Leon M. , Francisco de Asís Guil Asensi , Idoia Ochoa Álvarez

Doctorado en Investigación Aplicada en Ingeniería / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Universidad de Navarra / España

Sitio Web: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=393269>

País: España

Idioma: Inglés

Areas de conocimiento:

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

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

**Novel systems biology tools for the identification of biomarkers and drug targets in cancer research (2022)**

Candidato: Luis Vitores Valcárcel

Tipo Jurado: Tesis de Doctorado

Ponce-de-Leon M. , Felipe Prósper Cardoso , Idoia Ochoa Álvarez , Jose Ignacio Martin Subero , Marcos Araúzo Bravo

Doctorado en Investigación Aplicada en Ingeniería / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Universidad de Navarra / España

Sitio Web: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=308124>

País: España

Idioma: Inglés

Areas de conocimiento:

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

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

## Información adicional

### Indicadores de producción

<b>ACTIVIDADES</b>	<b>28</b>
Líneas de investigación	3
Proyectos Investigación Desarrollo	13
Docencia	10
Gestión Académica	2
<b>PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>31</b>
Artículos publicados en revistas científicas	29
Completo	29
Trabajos en eventos	2
<b>PRODUCCIÓN TÉCNICA</b>	<b>21</b>
Productos tecnológicos	5
Otros tipos	16

<b>EVALUACIONES</b>	<b>16</b>
Evaluación de proyectos	2
Evaluación de eventos	2
Evaluación de publicaciones	10
Evaluación de convocatorias concursables	1
Jurado de tesis	1
<b>FORMACIÓN RRHH</b>	<b>13</b>
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</b>	<b>11</b>
Tesis de maestría	10
Otras tutorías/orientaciones	1
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</b>	<b>2</b>
Tesis de doctorado	1
Tesis de maestría	1