



GUILLERMO DUFORT Y  
ALVAREZ ZORRILLA DE SAN  
MARTÍN  
Ph. D.



[gdufort@fing.edu.uy](mailto:gdufort@fing.edu.uy)

SNI

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

Fecha de publicación: 07/12/2025  
Última actualización: 13/10/2025

## Datos Generales

### INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Universidad de la República/ Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación / Uruguay

### DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Sector Educación Superior/Público

Dirección: Julio Herrera y Reissig 565 / 11300

País: Uruguay / Montevideo / Montevideo

Teléfono: (598) 092844471

Correo electrónico/Sitio Web:[gdufort@fing.edu.uy](mailto:gdufort@fing.edu.uy)

## Formación

### Formación académica

#### CONCLUIDA

#### DOCTORADO

##### Doctorado en Informática (2016 - 2022)

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas - Área Informática (PEDECIBA), Facultad de Ingeniería, Uruguay

Título de la disertación/tesis/defensa: Compression algorithms for biomedical signals and nanopore sequencing data

Tutor/es: Álvaro Martín

Obtención del título: 2022

Sitio web de la disertación/tesis/defensa: <https://hdl.handle.net/20.500.12008/33017>

Financiación:

Universidad de la República / Comisión Académica de Posgrado, Uruguay

Palabras Clave: Teoría de la información Compresión predictiva

Áreas de conocimiento:

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

#### GRADO

##### Ingeniería en Computación (2010 - 2016)

Universidad de la República - Facultad de Ingeniería, Uruguay

Título de la disertación/tesis/defensa: Determinación de la orientación semántica de las opiniones transmitidas en textos de prensa

Tutor/es: Aiala Rosá

Obtención del título: 2016

Sitio web de la disertación/tesis/defensa:

[https://www.fing.edu.uy/inco/grupos/pln/prygrado/informe\\_analisis\\_sentimientos\\_2015.pdf](https://www.fing.edu.uy/inco/grupos/pln/prygrado/informe_analisis_sentimientos_2015.pdf)

Palabras Clave: Procesamiento del lenguaje natural

Áreas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Computación

### Formación complementaria

#### CONCLUIDA

## CURSOS DE CORTA DURACIÓN

### Machine Learning Summer School 2018 (06/2018 - 06/2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Torcuato Di Tella, Argentina

Áreas de conocimiento:

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

## PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

### Insights Lab - Research Camp (2024)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Institut Roche, Uruguay

Alcance geográfico: Internacional

Palabras Clave: Bioinformática Research camp Institute Roche

Áreas de conocimiento:

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

## Idiomas

### Español

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

### Inglés

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

## Áreas de actuación

### CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Comprensión de datos

## Actuación profesional

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

Área Informática (PEDECIBA)

### VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

#### Funcionario/Empleado (07/2023 - a la fecha)

Investigador Grado 3 del Área 40 horas semanales

## ACTIVIDADES

### GESTIÓN ACADÉMICA

#### Coordinador alterno de la Maestría en Bioinformática (09/2025 - a la fecha)

Facultad de Ingeniería, Instituto de Computación

Gestión de la Investigación 5 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

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

Facultad de Ingeniería

## VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

### **Funcionario/Empleado (09/2022 - a la fecha)** Trabajo relevante

Docente grado 2 con Dedicación Total 40 horas semanales / Dedicación total  
Escalafón: Docente  
Grado: Grado 2  
Cargo: Efectivo

### **Funcionario/Empleado (08/2021 - 09/2022)** Trabajo relevante

Docente efectivo INCO 30 horas semanales  
Docente efectivo del instituto con extensión horaria por proyecto a 30 hs, participando del dictado de los cursos: - Programación 2 (primer semestre) - Programación 3 (segundo semestre)  
Escalafón: Docente  
Grado: Grado 2  
Cargo: Efectivo

### **Funcionario/Empleado (01/2016 - 08/2021)**

Docente interino INCO 30 horas semanales  
En 2016 docente contratado por proyecto 30 hs. Desde el 01/2017 en adelante docente interino del instituto con extensión horaria por proyecto a 30 hs, participando del dictado de los cursos: - Programación 2 (primer semestre) - Programación 3 (segundo semestre)  
Escalafón: Docente  
Grado: Grado 1  
Cargo: Interino

### **Funcionario/Empleado (07/2015 - 12/2015)**

Docente contratado por proyecto 10 horas semanales  
Docente contratado por proyecto ""Electroencefalógrafo inalámbrico de bajo consumo de energía"  
Escalafón: Docente  
Grado: Grado 1  
Cargo: Interino

## ACTIVIDADES

### PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

#### **Aplicación de técnicas de Aprendizaje Profundo para el análisis metabólico a nivel celular mediante redes neuronales interpretables (06/2025 - a la fecha)**

Código: FMV\_3\_2024\_1\_181400 Los estudios biológicos y médicos actuales se caracterizan por una generación masiva de datos, impulsada por avances tecnológicos en la secuenciación de ADN y ARN que han reducido de forma significativa su velocidad y costo. Esta abundancia de datos presenta la necesidad imperativa de desarrollar algoritmos computacionales eficientes que puedan procesarlos y analizarlos, con el objetivo de comprender los procesos biológicos subyacentes. En este contexto, las herramientas de aprendizaje automático, y en particular las redes neuronales profundas, emergen como soluciones poderosas y eficientes, ya que su efectividad depende críticamente de la disponibilidad de grandes volúmenes de datos. En este proyecto nos proponemos desarrollar una herramienta eficiente basada en redes neuronales profundas para extraer información relevante de los procesos metabólicos celulares a partir de datos de transcriptómica de célula única. El estudio del metabolismo a nivel celular es de gran relevancia, ya que múltiples estudios clínicos han demostrado que el resultado de los tratamientos sobre los pacientes de cáncer está asociado al metabolismo de las células cancerígenas y que fenotipos metabólicos específicos podrían presentar vulnerabilidades a distintos tratamientos. Esperamos que la herramienta desarrollada alcance resultados similares a las mejores en el estado del arte, pero de forma significativamente más eficiente desde el punto de vista computacional. Asimismo, aspiramos a crear una arquitectura de red neuronal, donde toda conexión entre neuronas tenga un significado biológico interpretable que se alinee con los conocimientos metabólicos previos. Creemos que el desarrollo de una herramienta de estas características tendrá un impacto significativo en la comunidad bioinformática, facilitando el estudio metabólico celular y potencialmente ayudando a desarrollar nuevos tratamientos para enfermedades.

20 horas semanales

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez (Responsable), Álvaro MARTÍN MENONI, Idoia Ochoa, Mikel Hernaez, José Roberto SOTELO SILVEIRA, Tomás González

Palabras clave: Metabolismo Aprendizaje automático Redes neuronales Célula única

Transcriptómica

Areas de conocimiento:

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

#### **Codificación para Almacenamiento de Información en ADN (04/2023 - 03/2025 )**

La idea de usar moléculas de ADN como medio de almacenamiento de información ha existido por décadas. Este medio ofrece dos cualidades distintivas muy atractivas: alta densidad de información por unidad de espacio físico y alta durabilidad. En ambos aspectos el almacenamiento en ADN es incomparable con cualquier otra tecnología disponible hoy. En la actualidad, este tema está en pleno desarrollo, tanto en aspectos tecnológicos como en fundamentos teóricos. Uno de los objetos de investigación, tiene que ver con la codificación de la información para hacer un uso óptimo del medio de almacenamiento, teniendo en cuenta que los procesos de almacenamiento y recuperación de información están sujetos a errores. En este proyecto nos proponemos avanzar sobre este tema, estudiando aspectos de capacidad del medio de almacenamiento (capacidad del canal) y también de codificación para corrección de errores en la práctica.

3 horas semanales

Facultad de Ingeniería, Instituto de Computación

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:2

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez, ÁLVARO MARTÍN (Responsable), GADIEL SEROUSSI, Fernando Fernández, Santiago Castro

Palabras clave: Almacenamiento en ADN Códigos para corrección de errores Capacidad de Canal

Areas de conocimiento:

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

#### **Compresión de datos crudos de secuenciación de ADN por nanoporos (03/2023 - 10/2024 )**

La compresión de datos de secuenciación genómica es un tema de investigación sumamente activo, de gran relevancia debido al enorme volumen de datos que se manejan. En particular, el uso de la tecnología de secuenciación por nanoporos ha tenido una enorme expansión desde 2015. En este proyecto nos proponemos avanzar en el desarrollo de algoritmos de compresión para datos crudos de secuenciación por nanoporos. Esta mejora en niveles de compresión se traduce a menores costos de infraestructura informática para almacenamiento y transmisión de datos, que son cada vez más significativos en el contexto actual de masificación de producción de datos genómicos. Los potenciales beneficiarios de la tecnología que desarrollemos abarca la comunidad científica, hospitales, empresas y organizaciones que trabajan con datos genómicos.

20 horas semanales

Facultad de Ingeniería, Instituto de Computación

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Pregrado:2

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez, ÁLVARO MARTÍN, GADIEL SEROUSSI

Palabras clave: Compresión de datos Datos crudos de secuenciación por nanoporos nanoporos

Teoría de la Información bioinformática

Areas de conocimiento:

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

### **Compresión de datos de secuenciación de genomas generados mediante tecnología de nanoporos (08/2019 - 07/2022 )**

La secuenciación de genomas por nanoporos es una tecnología desarrollada recientemente, con algunas características distintivas que la hacen muy atractiva. Una de ellas, sin duda, es que las lecturas de fragmentos de secuencia de ADN que se generan son dos órdenes de magnitud más largas que las generadas por los secuenciadores más utilizados. Sin embargo, la tasa de errores de lectura es elevada, por lo cual es común que se use la secuenciación por nanoporos en combinación con alguna otra tecnología que genera lecturas más cortas pero con mayor precisión. Desde el punto de vista de la compresión de datos, tanto las características estadísticas particulares de las señales que se miden para la secuenciación como el uso combinado de tecnologías dan lugar a desafíos interesantes que planificamos abordar en este proyecto.

15 horas semanales

Facultad de Ingeniería , Instituto de Computación

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez , ÁLVARO MARTÍN (Responsable) , GADIEL SEROUSSI , SOTELO SILVEIRA, J. , SMIRCICH, P. , IDOIA OCHOA

Palabras clave: Compresión Datos de secuenciación nanoporos

Areas de conocimiento:

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

### **Agrupación de contextos para compresión de indicadores de calidad de archivos de secuenciación por nanoporos (05/2020 - 03/2021 )**

En este proyecto estudiamos diferentes técnicas de agrupación de contextos para construir un compresor eficiente computacionalmente en términos de velocidad y memoria, que al mismo tiempo logra alcanzar tasas de compresión en el estado del arte. En particular, exploramos diferentes técnicas de cuantización de indicadores de calidad y técnicas de modelado estadístico para caracterizar distribuciones de probabilidad. Como resultado del proyecto desarrollamos el compresor ENANO, un algoritmo de compresión sin pérdida especialmente diseñado para archivos FASTQ generados por secuenciación por nanoporos. Para evaluar el compresor, lo comparamos con los mejores compresores en el estado del arte, sobre una serie de bases de datos públicas de archivos FASTQ de secuenciación por nanoporos. Los resultados muestran que el algoritmo propuesto logra consistentemente el mejor rendimiento de compresión sobre los conjuntos de datos de nanoporos considerados. Además, en términos de velocidades de codificación y decodificación, ENANO es más rápido que sus competidores, y tiene un consumo de memoria muy bajo.

15 horas semanales

Facultad de Ingeniería , Instituto de Computación

Investigación

Coordinador o Responsable

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez , ÁLVARO MARTÍN

Palabras clave: Compresión nanoporos secuenciación Teoría de la Información

Areas de conocimiento:

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

### **Aplicaciones de la Teoría de la Información al procesamiento de datos de secuenciación de genomas por nanoporos (04/2017 - 04/2019 )**

En 2015 se liberó la primera versión comercial de un secuenciador de genomas por nanoporos, una tecnología que se perfila como la próxima generación de instrumentos de secuenciación. Este tipo de secuenciadores generan lecturas de fragmentos de secuencia de ADN, reads, muy largos, lo cual en general es ventajoso, pero con una tasa de errores de lectura elevada. Determinados tipos de procesamiento sobre reads con estas características demandan un tratamiento específico, que no

siempre ha sido investigado profundamente, y que pensamos que va a tener una importancia central en la medida que el uso de esta tecnología se difunda. En este proyecto nos proponemos investigar algoritmos de compresión para diversos tipos de datos de secuenciación por nanoporos y la aplicación de técnicas de reducción de ruido.

15 horas semanales

Facultad de Ingeniería , Instituto de Computación

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: ÁLVARO MARTÍN (Responsable) , Pablo SMIRCICH RUZO , Idoia Ochoa , GUILLERMO DUFORT Y ÁLVAREZ , JOSÉ SOTELO SILVEIRA , GADIEL SEROUSSI

Palabras clave: Compresión Datos de secuenciación Nanoporos

Areas de conocimiento:

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

### **Electroencefalógrafo inalámbrico de bajo consumo de energía (07/2015 - 12/2016)**

En este proyecto nos proponemos investigar el ahorro de energía que puede obtenerse en electroencefalógrafos inalámbricos a través del uso de esquemas de codificación eficientes (compresión).

30 horas semanales

Facultad de Ingeniería , Instituto de Computación

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:2

Financiación:

Comisión Sectorial de Investigación Científica, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: FEDERICO LECUMBERRY , GUILLERMO DUFORT Y ÁLVAREZ , JULIO PÉREZ , IGNACIO CAPURRO , LEONARDO STEINFELD , GADIEL SEROUSSI , IGNACIO RAMÍREZ (Responsable) , JULIÁN OREGGIONI , JUAN P. OLIVER , ÁLVARO MARTÍN (Responsable)

Palabras clave: Compresión

Areas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Computación

## **DOCENCIA**

### **Ingeniería en Computación (01/2017 - a la fecha)**

Grado

Asistente

Asignaturas:

Programación 3, 15 horas, Teórico-Práctico

Programación 2, 15 horas, Teórico-Práctico

### **Ingeniería en Computación (08/2016 - 12/2016)**

Grado

Asistente

Asignaturas:

Compresión de datos sin pérdida, 8 horas, Práctico

Areas de conocimiento:

Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Computación

## **EXTENSIÓN**

### **Científicos en el aula (06/2017 - 06/2017)**

Facultad de Ingeniería, Instituto de Computación

4 horas

Áreas de conocimiento:

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

## GESTIÓN ACADÉMICA

### Miembro de SCAPA Bioinformática (titular) (03/2024 - a la fecha )

Facultad de Ingeniería, Instituto de Computación

Gestión de la Investigación 1 hora semanal

Áreas de conocimiento:

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

### Miembro de Comisión de Instituto (suplente) (05/2023 - 05/2025 )

Faculta de Ingeniería, Instituto de Computación

Participación en cogobierno 5 horas semanales

Áreas de conocimiento:

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

## SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESPAÑA

TECNUN - Universidad de Navarra / Departamento de Biología Computacional

## VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

### Funcionario/Empleado (03/2024 - 07/2025) Trabajo relevante

Investigador 40 horas semanales / Dedicación total

## ACTIVIDADES

### PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

#### Identificación a nivel de célula de los mecanismos moleculares y metabólicos que gobiernan la respuesta antitumoral a terapias basadas en CAR-T en pacientes con MM (M4CART) (03/2024 - 07/2025 )

Las estrategias terapéuticas basadas en linfocitos T con receptor de antígeno quimérico (células CAR T) se han convertido en una opción real para pacientes con ciertas enfermedades hematológicas. A pesar de las respuestas significativas, los pacientes con mieloma múltiple (MM) tratados con terapias CAR T han mostrado recaídas importantes asociadas con la falta de persistencia de las células CAR T y mecanismos adicionales de resistencia. Sin embargo, los mecanismos moleculares y metabólicos que gobiernan la función y persistencia de las células CAR T aún no se comprenden completamente, y hay una falta de estudios, especialmente después de la infusión de células CAR T en los pacientes. Gracias a los avances en la secuenciación de células individuales, ahora es posible adquirir datos de expresión génica para cada célula individual en muestras que contienen miles de células. Estas células pueden agruparse en diferentes estados, que se caracterizan por mecanismos regulatorios y metabólicos similares, pero lo suficientemente distintos. Sin embargo, los métodos actuales de inferencia regulatoria no logran capturar estas dinámicas regulatorias, que están vinculadas en última instancia a la heterogeneidad de las células. De manera similar, los métodos actuales basados en el concepto de letalidad sintética para la inferencia de dependencias y vulnerabilidades metabólicas en células tumorales no están adaptados a los datos de células individuales. La hipótesis de este trabajo es que la eficiencia de las terapias CAR T depende de redes reguladoras génicas (GRN) complejas y mecanismos metabólicos que afectan la viabilidad celular. Por lo tanto, el objetivo general de este proyecto es desentrañar los mecanismos regulatorios y metabólicos que gobiernan la respuesta antitumoral de las terapias CAR T en MM después de la infusión de células en los pacientes. Utilizaremos información de células individuales junto con nuevos métodos de aprendizaje automático para identificar los elementos regulatorios clave que instruyen y gobiernan las células CAR T durante las terapias CAR T. Además, profundizaremos nuestra comprensión de cómo estos mecanismos se subvierten en aquellos pacientes que son refractarios o presentan fallos terapéuticos. En conjunto, este trabajo proporcionará una visión amplia de los mecanismos que

controlan la función de las células CAR T y puede llevar a la identificación de factores con valor pronóstico o que podrían ser modulados para mejorar la eficacia terapéutica de las terapias CAR T en pacientes con MM.

40 horas semanales

Universidad de Navarra , TECNUN

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:2

Financiación:

Ministerio de Ciencia en Innovación, Programa Ramón y Cajal, España, Remuneración

Equipo: Guillermo Dufort y Álvarez

Palabras clave: Metabolismo Célula única Inteligencia Artificial

Areas de conocimiento:

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

## **SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - ESTADOS UNIDOS**

University of Illinois at Urbana-Champaign / Pasante

### **VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

#### **Colaborador (09/2019 - 12/2019)**

Investigador 40 horas semanales

#### **Colaborador (08/2018 - 09/2018)**

Investigador 40 horas semanales

### **ACTIVIDADES**

#### **PASANTÍAS**

##### **Estancia de investigación (09/2019 - 12/2019 )**

University of Illinois at Urbana-Champaign, Electrical and Computer Engineering

40 horas semanales

Areas de conocimiento:

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

##### **Estancia de investigación (08/2018 - 09/2018 )**

University of Illinois at Urbana-Champaign, Electrical and Computer Engineering

40 horas semanales

Areas de conocimiento:

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

## **SECTOR EMPRESAS/PRIVADO - EMPRESA PRIVADA - URUGUAY**

KONA

### **VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**

#### **Funcionario/Empleado (05/2015 - 01/2016)**

Desarrollador de software 25 horas semanales

Desarrollo de aplicaciones móviles para Android

## **SECTOR EMPRESAS/PRIVADO - EMPRESA PRIVADA - URUGUAY**

Xmartlabs

## VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

### Funcionario/Empleado (04/2014 - 11/2014)

Desarrollador de software 30 horas semanales  
Desarrollo de aplicaciones móviles en Android y aplicaciones web.

### CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 15 horas  
Carga horaria de investigación: 20 horas  
Carga horaria de formación RRHH: 5 horas  
Carga horaria de extensión: Sin horas  
Carga horaria de gestión: 5 horas

## Producción científica/tecnológica

Mi trabajo académico se ha desarrollado principalmente en el marco de estudios de doctorado, donde me he concentrado en el desarrollo de algoritmos de compresión eficientes para datos biológicos. En particular, desarrollé dos algoritmos de compresión para datos de secuenciación de ADN generados mediante tecnología de nanoporos, y un compresor para señales de electroencefalogramas. En mi actividad académica post-doctoral me he concentrado en seguir trabajando sobre problemas bioinformáticos, desarrollando un algoritmo de detección de variantes a partir de datos de secuenciación de ADN alineados a una referencia. Por otro lado, actualmente soy responsable de un proyecto de investigación en el que estamos investigando algoritmos de compresión para datos crudos de secuenciación de ADN por nanoporos. Como futuras líneas de investigación tengo planificado concentrarme en la aplicación de técnicas de aprendizaje profundo para el estudio del metabolismo celular a partir de datos de célula única.

## Producción bibliográfica

### ARTÍCULOS PUBLICADOS

#### ARBITRADOS

#### **EMVC-2: An efficient single-nucleotide variant caller based on expectation maximization (Completo, 2023)** Trabajo relevante

Guillermo Dufort y Álvarez, Xargay-Ferrer, Ochoa, Pagès-Zamora  
Bioinformatics, 2023

Palabras clave: Detección de variantes Genomas Secuenciación Aprendizaje automático

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: Oxford Academic

ISSN: 13674803

E-ISSN: 14602059

DOI: [10.1093/bioinformatics/btad681](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btad681)

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btad681>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

#### **Nanopore quality score resolution can be reduced with little effect on downstream analysis (Completo, 2022)**

Rivara Espasandín, M., Balestrazzi, L., Guillermo Dufort y Álvarez, Idoia Ochoa, GADIEL SEROUSSI, SMIRCICH, P., SOTELO SILVEIRA, J., ÁLVARO MARTÍN

Bioinformatics Advances, v.: 2 1 vbac0, 2022

Palabras clave: Nanopore Calidad Cuantización

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 26350041

DOI: [10.1093/bioadv/vbac054](https://doi.org/10.1093/bioadv/vbac054)

<https://academic.oup.com/bioinformaticsadvances/article/2/1/vbac054/6661371>

**RENANO: a REference-based compressor for NANOpore FASTQ files (Completo, 2021)** Trabajo relevante

Guillermo Dufort y Álvarez, GADIEL SEROUSSI, SMIRCICH, P., SOTELO SILVEIRA, J., IDOIA OCHOA, ÁLVARO MARTÍN

Bioinformatics, 2021

Palabras clave: Compresión de datos Secuenciación por nanoporos Teoría de la Información Secuenciación de ADN

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13674803

E-ISSN: 14602059

DOI: [10.1093/bioinformatics/btab437](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab437)

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab437>

**ENANO: Encoder for NANOpore FASTQ files (Completo, 2020)** Trabajo relevante

Guillermo Dufort y Álvarez, GADIEL SEROUSSI, SMIRCICH, P., SOTELO SILVEIRA, J., Idoia Ochoa, ÁLVARO MARTÍN

Bioinformatics, 2020

Palabras clave: Nanopore Compresión Teoría de la Información Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13674803

E-ISSN: 14602059

DOI: [10.1093/bioinformatics/btaa551](https://academic.oup.com/bioinformatics/advance-article-abstract/doi/10.1093/bioinformatics/btaa551)

<https://academic.oup.com/bioinformatics/advance-article-abstract/doi/10.1093/bioinformatics/btaa551/>

**Wireless EEG System Achieving High Throughput and Reduced Energy Consumption Through Lossless and Near-Lossless Compression (Completo, 2018)** Trabajo relevante

Guillermo Dufort y Álvarez, FEDERICO FAVARO, FEDERICO LECUMBERRY, ÁLVARO MARTÍN, OLIVER, J. P., Julián Oreggioni, I. RAMÍREZ, GADIEL SEROUSSI

IEEE Transactions on Biomedical Circuits and Systems, v.: 12 1, p.:231 - 241, 2018

Palabras clave: Electroencefalografía Comunicación inalámbrica Algoritmos de compresión

Rendimiento Demanda energética Microcontroladores Transformadas

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 19324545

E-ISSN: 19409990

DOI: [10.1109/TBCAS.2017.2779324](https://doi.org/10.1109/TBCAS.2017.2779324)

<http://ieeexplore.ieee.org/document/8259226/?arnumber=8259226&source=authoralert>

**PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS**

**Lossless compression of nanopore sequencing raw signals (2024)** Trabajo relevante

Rafael Castelli, Tomás González, Rodrigo Torrado, ÁLVARO MARTÍN, Guillermo Dufort y Álvarez  
Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: 11th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering

Ciudad: Gran Canaria

Año del evento: 2024

Anales/Proceedings: Bioinformatics and Biomedical Engineering

Volumen: 14848

Página inicial: 130

Página final: 141

Publicación arbitrada  
Palabras clave: Compresión de datos Nanoporos Teoría de la Información Datos crudos  
Secuenciación  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación / Teoría de la Información  
Medio de divulgación: Internet  
DOI: [10.1007/978-3-031-64629-4\\_10](https://doi.org/10.1007/978-3-031-64629-4_10)  
Financiación/Cooperación:  
Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero, Uruguay  
[https://doi.org/10.1007/978-3-031-64629-4\\_10](https://doi.org/10.1007/978-3-031-64629-4_10)

#### **Compression of Nanopore FASTQ Files (2019)**

Guillermo Dufort y Álvarez, GADIEL SEROUSSI, SMIRCICH, P., SOTELO SILVEIRA, J., Idoia Ochoa, ÁLVARO MARTÍN  
Publicado  
Completo  
Evento: Internacional  
Descripción: IWBBIO 2019 (7th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering)  
Ciudad: Granada  
Año del evento: 2019  
Anales/Proceedings: Bioinformatics and Biomedical Engineering  
Volumen: 11465  
Fascículo: 1  
Página inicial: 36  
Página final: 47  
ISSN/ISBN: 978-3-030-17938-0  
Publicación arbitrada  
Editorial: Springer Professional  
Ciudad: Cham  
Palabras clave: Genomic data compression FASTQ compression Nanopore sequencing technology  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Teoría de la información  
Medio de divulgación: Internet  
DOI: [10.1007/978-3-030-17938-0\\_4](https://doi.org/10.1007/978-3-030-17938-0_4)  
Financiación/Cooperación:  
Comisión Sectorial de Investigación Científica / Apoyo financiero, Uruguay  
<https://www.springerprofessional.de/en/compression-of-nanopore-fastq-files/16685866>

#### **Wearable EEG via Lossless Compression (2016)**

Guillermo Dufort y Álvarez, FEDERICO FAVARO, FEDERICO LECUMBERRY, ÁLVARO MARTÍN, JUAN P. OLIVER, JULIÁN OREGGIONI, IGNACIO RAMÍREZ, GADIEL SEROUSSI, LEONARDO STEINFELD  
Publicado  
Resumen expandido  
Evento: Internacional  
Descripción: 38th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society  
Ciudad: Orlando USA  
Año del evento: 2016  
Anales/Proceedings: Proceedings of the 38th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society  
Publicación arbitrada  
Editorial: IEEE  
Palabras clave: Compresión EEG  
Áreas de conocimiento:  
Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Computación  
Medio de divulgación: Internet  
<http://embc.embs.org/2016/>

## EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

### REVISIONES

#### IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics ( 2024 )

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5

#### GigaScience - Oxford Academic ( 2024 )

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
<https://academic.oup.com/gigascience>

#### Bioinformatics - Oxford Academic ( 2024 )

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5

#### Signal Processing - ScienceDirect ( 2023 )

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
<https://www.sciencedirect.com/journal/signal-processing>

#### Scientific Reports - Nature ( 2022 )

Tipo de publicación: Revista  
Cantidad: Menos de 5  
<https://www.nature.com/srep/>

## Formación de RRHH

### TUTORÍAS CONCLUIDAS

#### GRADO

##### Búsqueda de regiones únicas en Genomas (2024 - 2025)

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay  
Programa: Ingeniería en Computación  
Tipo de orientación: Cotutor ( Guillermo Dufort y Álvarez , Álvaro Martín Menoni )  
Nombre del orientado: Nicolás Blumetto  
País: Uruguay  
Palabras Clave: Regiones únicas Genómica Algoritmia  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Compresión de datos

##### Diseño y desarrollo de un filtro de deduplicación de datos basado en técnicas de estado del arte (2024 - 2024)

Tesis/Monografía de grado  
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay  
Programa: Ingeniería en Computación  
Tipo de orientación: Cotutor ( Guillermo Dufort y Álvarez , Álvaro Martín Menoni )  
Nombre del orientado: Nicolás Comerci  
País: Uruguay  
Palabras Clave: Deduplicación Compresión de datos Teoría de la Información  
Areas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación / Compresión de datos

##### Compresión de datos crudos de secuenciación de ADN por nanoporos (2023 - 2023)

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay

Programa: Ingeniería en Computación

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad ( Guillermo Dufort y Álvarez , ÁLVARO MARTÍN )

Nombre del orientado: Rafael Agustín Castelli Ottati

País: Uruguay

Palabras Clave: Compresión de datos Datos crudos de secuenciación por nanoporos Teoría de la información

Areas de conocimiento:

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

Computación e Información / Compresión de datos

#### **Compresión de datos generados por secuenciación de ADN por nanoporos (2019 - 2021)**

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay

Programa: Ingeniería en Computación

Tipo de orientación: Asesor

Nombre del orientado: Nicolás Izquierdo, Gonzalo Larghero

País: Uruguay

Palabras Clave: Datos crudos Compresión de datos Secuenciación de ADN

Areas de conocimiento:

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

Información y Bioinformática / Teoría de la Información

### **TUTORÍAS EN MARCHA**

#### **POSGRADO**

##### **Cuantización, pruna y estudio de la redundancia de redes neuronales profundas. (2025)**

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay

Programa: Maestría en Informática (PEDECIBA - UdelaR)

Tipo de orientación: Cotutor

Nombre del orientado: Rafael Castelli Ottati

País/Idioma: Uruguay,

Palabras Clave: Cuantización Pruna redundancia redes neuronales profundas

Areas de conocimiento:

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

Computación e Información / Compresión de datos

##### **Aplicación de técnicas de deduplicación en compresores de uso general (2025)**

Tesis de maestría

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay

Programa: Maestría en Informática (PEDECIBA - UdelaR)

Tipo de orientación: Cotutor

Nombre del orientado: Nicolás Comerci

País/Idioma: Uruguay,

Palabras Clave: Compresión de datos Teoría de la Información Deduplicación

Areas de conocimiento:

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

Computación e Información / Compresión de datos

#### **GRADO**

##### **Distinción de datos naturales y artificiales (2025)**

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ingeniería / Instituto de Computación , Uruguay

Programa: Ingeniería en Sistemas de Comunicación

Tipo de orientación: Cotutor

Nombre del orientado: Magdalena Castrillo y Uriel Yaffé

País/Idioma: Uruguay,  
Palabras Clave: Distinción de datos Inteligencia artificial Teoría de la Información  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación e Información / Compresión de datos

## Otros datos relevantes

### PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

#### **Best student paper award IWBBIO-2024 (2024)**

(Internacional)  
11th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering (IWBBIO 2024)  
Premio "Best student paper award" de la conferencia "11th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering" por el artículo "Lossless compression of nanopore sequencing raw signals".

#### **Primer premio a mejor tesis de doctorado en Informática (2022)**

(Nacional)  
Academia Nacional de Ingeniería de la Universidad de la República

#### **Becas de apoyo para la finalización de estudios de posgrado en la Udelar (2021)**

(Nacional)  
CAP  
Beca de apoyo para la finalización de estudios de doctorado, de 1 año de duración.

#### **LLOA 2019 - Facultad de Ingeniería (2019)**

(Nacional)  
Universidad de la República  
2do puesto en el llamado de oportunidades de ascenso a Grado 2 en la Facultad de Ingeniería. Se presentaron 11 personas, de las cuales 6 fueron evaluadas con méritos francamente suficientes.

#### **Beca de apoyo a docentes de la Udelar para realizar estudios de posgrado (2018)**

(Nacional)  
Comisión Académica de Posgrado de la Udelar  
Beca de apoyo para estudios de doctorado de 3 años de duración.

#### **Beca de apoyo a docentes de la Udelar para realizar estudios de posgrado (2017)**

(Nacional)  
Comisión Académica de Posgrado de la Udelar  
Beca de apoyo para estudios de maestría, de dos años de duración (solo 1 fue usufructuado).

#### **Primer premio de los proyectos del Instituto de Computación de Ingeniería de Muestra 2016 (2016)**

(Nacional)  
Facultad de Ingeniería de la Universidad de la República  
En Ingeniería de Muestra 2016 se realizaron diversos concursos y competencias que retaron a estudiantes, graduados y docentes de ingeniería. Los premios otorgados al Instituto de Computación premian a los proyectos más sobresalientes del instituto.

### PRESENTACIONES EN EVENTOS

#### **Jornadas Uruguayas de Ciencias de la Computación (2024)**

Taller  
Exploring cellular metabolism via single-cell RNA data and neural networks  
Uruguay  
Tipo de participación: Conferencista invitado  
Nombre de la institución promotora: Instituto de Computación - FING - Udelar  
Alcance geográfico: Nacional Palabras Clave: Bioinformática Metabolismo Biología Computacional  
Áreas de conocimiento:  
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

### ISMB/ECCB (2021)

Congreso

Presentación oral de un poster

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: International Society for Computational Biology (ISCB) Areas de conocimiento:

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

### The IWBBIO 2019 (7th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering) (2019)

Congreso

Presentación oral del artículo Compression of Nanopore FASTQ files

España

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: University of Granada Palabras Clave: Genomic data compression FASTQ compression Nanopore sequencing technology

Areas de conocimiento:

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

## Información adicional

## Indicadores de producción

<b>ACTIVIDADES</b>	<b>16</b>
<b>Proyectos Investigación Desarrollo</b>	8
<b>Docencia</b>	2
<b>Extensión</b>	1
<b>Gestión Académica</b>	3
<b>Pasantía</b>	2
<b>PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>8</b>
<b>Artículos publicados en revistas científicas</b>	5
Completo	5
<b>Trabajos en eventos</b>	3
<b>EVALUACIONES</b>	<b>5</b>
<b>Evaluación de publicaciones</b>	5
<b>FORMACIÓN RRHH</b>	<b>7</b>
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</b>	4
Tesis/Monografía de grado	4
<b>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</b>	3
Tesis de maestría	2
Tesis/Monografía de grado	1

