



Curriculum Vitae

Miguel PONCE DE LEON CAPURRO

Actualizado: 19/12/2016



Publicado: 12/06/2017

Sistema Nacional de Investigadores

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas

Categorización actual: Iniciación

Ingreso al SNI: Asociado(01/06/2014)

Datos generales

Información de contacto

E-mail: miguelponcedeleon@gmail.com

URL: <https://scholar.google.com/citations?hl=en&user=PEFjeYIAAAAJ>

Institución principal

Universidad Complutense de Madrid / España

Dirección institucional

Dirección: Universidad Complutense de Madrid / Facultad de Ciencias Químicas, Avda Complutense s/n, Ciudad Universitaria / 28040 / Madrid / España

Teléfono: (+0034) 9139442 98

E-mail/Web: miguelponcedeleon@gmail.com

Formación

Formación concluida

Formación académica/Titulación

Posgrado

2009 - 2011

Maestría

Maestría en Bioinformática (UDELAR-PEDECIBA)

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

Título: ANÁLISIS DE ÓPTIMOS ALTERNATIVOS EN REDES METABÓLICAS RECONSTRUIDAS A ESCALA GENÓMICA

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

Obtención del título: 2011

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

Áreas del 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

Tecnicatura

2005 - 2008

Técnico

Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería, Universidad ORT Uruguay, Uruguay

Obtención del título: 2008

Palabras clave: Programación

Áreas del conocimiento: Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones /

Formación en marcha

Formación académica/Titulación

Posgrado

2012 - 2016 Doctorado
Doctrado en Bioquímica, Biología Molecular y Biomedicina
Universidad Complutense de Madrid , España
Título: Reconstrucción y análisis de modelos metabólicos a escala genómica. Aplicación al estudio de bacterias endosimbiontes
Tutor/es: Francisco Montero Carnerero, Juli Peretó MAgraner
Areas del conocimiento: 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

Grado

2001 - 2008 Grado
Licenciatura en Ciencias Biológicas de Investigadores
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Título: Métodos computacionales aplicables a la anotación de genomas y reconstrucción de redes metabólicas
Tutor/es: Luis Acerenza
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica

Formación complementaria

Cursos corta duración

11 / 2015 - 11 / 2015 Text mining in cancer research
Bar Ilan University , Israel
Palabras clave: textmining; cancer
Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformatica
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Textmining

1 / 2010 - 1 / 2010 Avances en Genómica funcional
Univ Tecnica Federico Santa Maria , Chile
Areas del 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

09 / 2009 - 09 / 2009 Escuela Latinoamericana de Evolución
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

2008 - 2008 Complex Systems Summer School
Santa Fe Institute , Estados Unidos
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

2007 - 2007 Matemática en Internet y Redes de Nueva Generación
Centre International de Mathématiques Pures et Appliquées , Francia

2006 - 2006 From Disordered systems to Complex systems
Pan American Advanced Studies Institute , Estados Unidos
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica / Biología de Sistemas
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Físicas / Física de los Materiales

Condensados

Otras instancias

2010	<p>Congresos <i>Nombre del evento:</i> ISCB - International Society for Computational Biology - Latin america</p> <p><i>Institución organizadora:</i> ISCB , Uruguay <i>Áreas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución</p> <p>Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática</p>
2009	<p>Talleres</p> <p><i>Nombre del evento:</i> Browsing Chordate Genomes with Ensembl <i>Institución organizadora:</i> Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay</p> <p><i>Palabras clave:</i> Bioinformatica <i>Áreas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución</p>

Construcción institucional

Idiomas

Inglés
Entiende (Muy Bien) / Habla (Bien) / Lee (Muy Bien) / Escribe (Bien)

Sistema Nacional de Investigadores

Áreas de actuación

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Actuación Profesional

Cargos desempeñados actualmente

Desde: 09/2011
(40 horas semanales) , Universidad Complutense de Madrid , España

Desde: 10/2014
Coordinador Académico , (30 horas semanales) , Instituto de Salud Carlos III , España

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

Vínculos con la institución

05/2007 - 03/2009, *Vínculo:* Ayudante, Docente Grado 1 Interino, (25 horas semanales)

03/2005 - 03/2007, *Vínculo:* Ayudante, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

03/2007 - 09/2007, *Vínculo:* Ayudante, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

10/2006 - 04/2007, *Vínculo:* Ayudante , Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

05/2009 - 12/2010, *Vínculo:* Asistente, Docente Grado 2 Interino, (20 horas semanales)

10/2009 - 12/2010, *Vínculo:* Ayudante, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

Actividades

03/2007 - 07/2007
Docencia , Grado
Biofísica , Licenciatura en Ciencias Biológicas

08/2006 - 12/2008
Docencia , Maestría
Biología de Sistemas , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

Vínculos con la institución

09/2011 - Actual, *Vínculo:* , (40 horas semanales)

Fundación Parque Científico de Madrid , España

Vínculos con la institución

09/2011 - 09/2014, *Vínculo:* *Coordinador Académico*, (20 horas semanales)

Actividades

10/2011 - Actual

Docencia , Maestría

Introducción a la Programación , Organizador/Coordinador , Master en Bioinformática y Biología Computacional ISCIII-ENS

10/2011 - Actual

Gestión Académica , Parque Científico de Madrid , Moncloa

Coordinación Académica

Organizaciones Sin Fines de Lucro , Fundación Julio Ricaldoni , Uruguay

Vínculos con la institución

05/2009 - 09/2009, *Vínculo:* *Consultor (desarrollador JAVA)*, (20 horas semanales)

Ministerio de Vivienda, Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente , Dirección Nacional de Medio Ambiente , Uruguay

Vínculos con la institución

06/2011 - 08/2011, *Vínculo:* *Consultor externo*, (35 horas semanales)

Instituto de Salud Carlos III , España

Vínculos con la institución

10/2014 - Actual, *Vínculo:* *Coordinador Académico*, (30 horas semanales)

Actividades

10/2014 - Actual

Docencia , Maestría

Introducción a la Programación , Responsable , Master en Bioinformática

Producción científica/tecnológica

Anotación genómica El proceso de integración de información que permite “decodificar” una secuencia de ADN en términos o conceptos como: genes, motivos regulatorios, transposones, operones, vías metabólicas, etc, es lo que se denomina Anotación Genómica. La anotación es un proceso complejo que involucra una gran cantidad de etapas. Algunas etapas son llevadas a cabo en forma automática mediante la aplicación de los denominados “pipelines” de anotación; otras etapas se concentran en una intensa curación manual de los resultados y predicciones obtenidas en las etapas automáticas. El objetivo final es el desarrollo de una base de datos o sistema de información modelo-organismo, que contenga la secuencias genómicas de un organismo, información referente a la estructura y organización del genoma, la descripción de elementos identificados en el mismo, tales como genes que codifiquen proteínas, ARNt, ARNf, pseudo-genes, sitios de regulación, SNPs, secuencias repetidas, etc. En este contexto surge “PAGSI: Un pipeline de anotación para genomas sin intrones”. PAGSI es una herramienta desarrollada por miembros de la Red de anotación Genómica. Fue testado en el genoma de dos tripanosomas: *T. vivax* y *T. congolense*, para los cuales se obtuvieron buenos resultados. Actualmente se esta esta trabajando en la integración de técnicas de Minería de Datos que permitan refinar la anotación de genes así también como corregir inconsistencias. Biología de Sistemas La predicción de las respuestas de los organismos desencadenadas por cambios en el entorno o por la manipulación experimental ha sido un objetivo difícil de alcanzar. Ejemplos de la Biotecnología y la Biomedicina son la dificultad para anticipar el efecto que tendrá la eliminación de un gen o la administración de un fármaco. Esto se debe a que las redes metabólicas, inclusive las de los organismos más simples, son altamente complejas. En la era post-genómica, es posible reconstruir el mapa metabólico de cepas

específicas de organismos unicelulares. Estas redes incluyen las reacciones bioquímicas de todos los procesos que pueden tener lugar en cualquier condición experimental particular. Proporcionan información sobre las capacidades metabólicas máximas del organismo, compatibles con las restricciones a las que está sujeto. La Biología de Sistemas ha desarrollado herramientas para determinar el funcionamiento resultante de la red cuando algún objetivo es optimizado, e.g. la velocidad de crecimiento es maximizada. La lógica de esta aproximación es suponer que la regulación metabólica sería la manera de administrar las capacidades máximas, para responder en forma óptima a los cambios. En un trabajo reciente hemos demostrado que la aplicación de un único criterio bi-nivel de optimización a una red consistente en 69 reacciones (el "núcleo" de E. coli) permite predecir algunas respuestas experimentales que ocurren cuando la bacteria crece en una mezcla cambiante de nutrientes, como el crecimiento diáuxico y el efecto Crabtree. En el presente proyecto, continuaremos con nuestro estudio incrementando el número de reacciones hasta llegar a redes reconstruidas completas.

Producción bibliográfica

Artículos publicados

Arbitrados

Completo

CALLE-ESPINOZA J.; F MONTERO; J PERETO

Nature lessons: The whitefly bacterial endosymbiont is a minimal amino acid factory with unusual energetics. Journal of Theoretical Biology (E), 2016

Palabras clave: endosimbiontes

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 10958541 ; DOI: 10.1016/j.jtbi.2016.07.024



Completo

MORI M.; J PERETO; F MONTERO

Metabolic Complementation in Bacterial Communities: Necessary Conditions and Optimality. Frontiers in Microbiology, 2016

Palabras clave: complementación metabólica; endosimbiontes

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 1664302X ; DOI: 10.3389/fmicb.2016.01553



Completo

CARELS, N.

An Interpretation of the Ancestral Codon from Miller's Amino Acids and Nucleotide Correlations in Modern Coding Sequences.

Bioinformatics and Biology Insights, v.: 9, p.: 37 - 47, 2015

Palabras clave: purine bias

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 11779322 ; DOI: 10.4137/BBI.S24021

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



Completo

CALLE-ESPINOZA J.; J PERETO; F MONTERO

Consistency Analysis of Genome-Scale Models of Bacterial Metabolism: A Metamodel Approach. PLoS ONE, v.: 10, 2015

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Reconstrucción Metabólica

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 19326203 ; DOI: 10.1371/journal.pone.0143626

<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0143626>



SCOPUS



Completo

DE MIRANDA AB; ALVAREZ-VALIN, F.; CARELS, N.

The Purine Bias of Coding Sequences is Determined by Physicochemical Constraints on Proteins.. Bioinformatics and Biology Insights, v.: 8, p.: 93 - 108, 2014

Palabras clave: *ancestral codon; secondary structure; purine bias; RNY*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución*

Medio de divulgación: *Internet*; ISSN: 11779322; DOI: 10.4137/BBI.S13161

<http://www.la-press.com/the-purine-bias-of-coding-sequences-is-determined-by-physicochemical-c-article-a4212-abstract>

SCOPUS



Completo

GREIF, G.; LAMOLLE, G.; RODRIGUEZ, M.; PIÑEYRO, MD.; TAVARES-MARQUES, LM; REYNA-BELLO, A.; ROBELLO, C.; ALVAREZ-VALIN, F.

Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite Trypanosoma vivax. BMC Genomics, v.: 14, p.: 149, 2013

Palabras clave: *Trypanosoma vivax, RNAseq, transcriptoma*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular*

Medio de divulgación: *Papel*; ISSN: 14712164; DOI: 10.1186/1471-2164-14-149

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



SCOPUS



Completo

F MONTERO; J PERETO

Solving gap metabolites and blocked reactions in genome-scale models: application to the metabolic network of Blattabacterium cuenoti.. BMC Systems Biology, 2013

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución*

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

Bioinformática

Medio de divulgación: *Internet*; ISSN: 17520509; DOI: 10.1186/1752-0509-7-114

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



SCOPUS



Completo

CANCELA, HÉCTOR; ACERENZA, LUIS

A strategy to calculate the patterns of nutrient consumption by micro-organisms applying a two level optimisation principle to reconstructed metabolic networks. Journal of Biological Physics, 2008

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biofísica*

Medio de divulgación: *Otros*; Lugar de publicación: *(in press)*; ISSN: 00920606



SCOPUS

Artículos aceptados

Producción técnica

Productos

Software , Obra

BASE DE DATOS DE ESPECIES , Base de Datos de Especies del Uruguay , 2011

Aplicación: SI , Sistema utilizado por DINAMA, MVOTMA, para la gestión del sistema de información de especies, su distribución y metadata.

Institución financiadora: MVOTMA-SNAP-PNUD

Palabras clave: Base de Datos

Áreas del 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; *Disponibilidad:* Restringida; *Ciudad:* /Uruguay

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

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

Software , Obra

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. , , Software de apoyo a la toma de decisiones, incluyendo modelado por programación lineal y entera, y heurísticas de optimización multi-objetivo, e interfaces para apoyo a la toma de decisiones , 2009

Aplicación: SI , 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 del conocimiento: Ingeniería y Tecnología / Ingeniería Eléctrica, Ingeniería Electrónica e Ingeniería de la Información / Ingeniería de Sistemas y Comunicaciones / Aplicación

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

Medio de divulgación: Otros; *Disponibilidad:* Restringida; *Ciudad:* /Uruguay

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.

Formación de RRHH

Tutorías concluidas

Posgrado

Tesis de maestría

Cancer multiplexes: assembling multi-layered regulatory networks for insights into tumour malignancy , 2015

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Tayssiry Yousef

Instituto de Salud Carlos III , España , Master en Bioinformática y Biología computacional

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Medio de divulgación: Papel, *Pais/Idioma:* España/Español

Información adicional: 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.

Tutorías en marcha

Posgrado

Tesis de maestría

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

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Pedro del Caño

Instituto de Salud Carlos III , España , Master en Bioinformática y Biología computacional

Palabras clave: ictus; machine learning

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Pais/Idioma: España/Español

Otros datos relevantes

Premios y títulos

2007 Premio a jóvenes investigadores: "Mención especial" Sociedad Uruguaya de Biociencias

Presentaciones en eventos

Congreso

Analyzing metabolic complementation: genome-scale metabolic modeling of endosymbiont bacterial consortium in aphids. , 2015

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 32

Referencias adicionales: España; *Nombre del evento:* XXXVIII Congreso de la SEBBM; *Nombre de la institución promotora:* Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Congreso

Large-scale analysis of Unconnected Modules in bacterial metabolism , 2013

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 32

Referencias adicionales: España; *Nombre del evento:* XIIIth Meeting of the Spanish Biophysical Society; *Nombre de la institución promotora:* Spanish Biophysical Society

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Congreso

A Flux Balance Approach to study the metabolic capability of endosymbiont bacteria , 2011

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: España; *Nombre del evento:* Xth Spanish Symposium on Bioinformatics;

"A Flux Balance Approach to study the metabolic capability of endosymbiont bacteria". F. Morán, M. Ponce de León, S. Vázquez, D. Xavier, Francisco Montero

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. , 2010

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* XIII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias; *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).

Congreso

Organization of the metabolic network of endosymbiotic bacteria Buchnera aphidicola of Cinara cedri for the biosynthesis of essential amino acids. A variability analysis , 2010

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: España; *Nombre del evento:* The XII International Congress on Molecular Systems Biology ICMSB;

"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

Congreso

Calculating metabolic responses from the stoichiometric network and optimization principles , 2009

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* 150 years od Darwins Evolutionary Theory: a South American celebration;

Nombre de la institución promotora: Facultad de Ciencias

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución

Congreso

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

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Brasil; *Nombre del evento:* XXXVII Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular - SBBq e XI Congresso da PABMB; *Nombre de la institución promotora:* Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular

Congreso

Clasificación de secuencias de ADN como estrategia para revisar anotaciones hipotéticas de genes de arroz , 2008

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Primeras Jornadas de Genética del Uruguay; *Nombre de la institución promotora:* Facultad de Ciencias

Palabras clave: Bioinformática

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia

Congreso

Determination of the patterns of utilization of mixture of sugars by microorganisms applying optimization principles to stoichiometric metabolic networks , 2007

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* 6th International conference of biological physics;;

Congreso

Cálculo de patrones de utilización de mezclas de nutrientes aplicando criterios de optimización a redes metabólicas reconstruidas a escala genómica , 2007

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias; *Nombre de la institución promotora:* Sociedad Uruguaya de Biociencias

Congreso

CALCULATION OF MAXIMAL GROWTH RATES OF E. coli IN MIXTURE OF SUGARS, PERFORMING A FLUX BALANCE ANALYSIS OF ITS METABOLIC NETWORK , 2005

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Argentina; *Nombre del evento:* X Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology ; *Nombre de la institución promotora:* PABMB

Simposio

Network curation of genome-scale models through the structural properties of a Metamodel , 2014

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 24

Referencias adicionales: España; *Nombre del evento:* XII Symposium on Bioinformatics; *Nombre de la institución promotora:* INB

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Biología de Sistemas

Encuentro

PAGSI: Un pipeline de anotación para genomas sin intrones , 2008

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* JUBILO: Jornadas uruguayas de bioinformática locales; *Nombre de la institución promotora:* IPMON - PEDECIA - FING - FCIEEN

Indicadores de producción

<i>Producción bibliográfica</i>	8
<i>Artículos publicados en revistas científicas</i>	8
Completo (Arbitrada)	8
<i>Artículos aceptados para publicación en revistas científicas</i>	0
<i>Trabajos en eventos</i>	0
<i>Libros y capítulos de libros publicados</i>	0
<i>Textos en periódicos</i>	0
<i>Documentos de trabajo</i>	0

<i>Producción técnica</i>	<u>2</u>
<i>Productos tecnológicos</i>	<u>2</u>
Sin registro o patente	2
<i>Procesos o técnicas</i>	<u>0</u>
<i>Trabajos técnicos</i>	<u>0</u>
<i>Otros tipos</i>	<u>0</u>
<i>Evaluaciones</i>	<u>0</u>
<i>Formación de RRHH</i>	<u>2</u>
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</i>	<u>1</u>
Tesis de maestría	1
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</i>	<u>1</u>
Tesis de maestría	1

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores