



# Curriculum Vitae

## María Lucía SPANGENBERG TORRE

Actualizado: 09/02/2017



Publicado: 20/02/2017

**Sistema Nacional de Investigadores**

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información

Categorización actual: Nivel I

Ingreso al SNI: Nivel I (01/06/2015)

## Datos generales

### Información de contacto

E-mail: lucia83@gmail.com

### Institución principal

Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Uruguay

### Dirección institucional

Dirección: Institut Pasteur de Montevideo / Matajojo 2020 / 11400 / Montevideo / Montevideo / Uruguay

Teléfono: (+00582) 5220910

E-mail/Web: lucia@pasteur.edu.uy / <http://www.pasteur.edu.uy/>

## Formación

### Formación concluida

#### Formación académica/Titulación

##### Posgrado

2011 - 2013

Doctorado

PEDECIBA BIOLOGIA

Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Título: Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación y autorenovación de las células madre adultas

Tutor/es: Bruno Dallagiovanna

Obtención del título: 2014

Becario de: Agencia Nacional de Investigación e Innovación , Uruguay

Palabras clave: Bioinformática; células madre; transcriptómica

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

2007 - 2009

Maestría

Eberhard Karls Universität Tübingen , Alemania

Título: Algorithms for the comparative analysis of ChIP-chip, ChIP-Seq and expression data

Tutor/es: Dr. Kay Nieselt, Prof. Dr. Med Carsten Müller-Tidow

Obtención del título: 2009

Palabras clave: ChIP-chip; ChIP-seq; NGS

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

##### Grado

2003 - 2007

Grado

Universitat Tuebingen (Eberhard-Karls) , Alemania

*Título:* Exploration of signal transduction networks

*Tutor/es:* Prof. Dr. Andreas Zell, Dr. Jochen Supper

*Obtención del título:* 2007

*Palabras clave:* Bow tie; signal transduction

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

## Formación complementaria

### Cursos corta duración

3 / 2016 - 6 / 2016

Introduction to Genetics and Evolution

Duke University , Estados Unidos

*Palabras clave:* evolution; genetics

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

3 / 2014 - 3 / 2014

Working with the Human Genome Sequence

Wellcome Trust , Inglaterra

*Palabras clave:* Human genome; Bioinformatics; Online tools

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

02 / 2014 - 04 / 2014

Data Analysis and Statistical Inference

Duke University , Estados Unidos

*Palabras clave:* Inference; R programming

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

9 / 2013 - 9 / 2013

Workshop on post-transcriptional regulation in Eukaryotes

Institu Oswaldo Cruz , Brasil

*Palabras clave:* post-transcriptional regulation; NGS; Stem cell differentiation

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

12 / 2012 - 12 / 2012

Métodos Estadísticos para Predicción Genómica

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

*Palabras clave:* estadística; predicción genómica

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

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

Ciencias de la Información y Bioinformática

12 / 2011 - 12 / 2011

Curso de estadística de datos longitudinales

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

*Palabras clave:* datos longitudinales

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

04 / 2011 - 04 / 2011

Escuela Latinoamericana de Genética Humana y Médica

Rede latino americana de genética humana , Brasil

*Palabras clave:* Genética humana

11 / 2009 - 11 / 2009

Taller de Genómica: desde los microarrays al secuenciado masivo

Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

*Palabras clave:* genómica

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

11 / 2009 - 11 / 2009

Citometría de flujo

Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Biología celular

## Otras instancias

2006	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Seminario de bioinformática aplicada <i>Institución organizadora:</i> Universität Tübingen , Alemania <i>Palabras clave:</i> multiple sequence alignment <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática
2011	Otros <i>Nombre del evento:</i> Pasantía en Bioinformática en Eberhardt Karls Universität <i>Institución organizadora:</i> PEDECIBA - Bioinformática , Alemania <i>Palabras clave:</i> Bioinformática; Genómica evolutiva <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

## Construcción institucional

## Idiomas

Alemán
Entiende (Muy Bien) / Habla (Muy Bien) / Lee (Muy Bien) / Escribe (Muy Bien)
Inglés
Entiende (Muy Bien) / Habla (Muy Bien) / Lee (Muy Bien) / Escribe (Muy Bien)
Portugués
Entiende (Bien) / Habla (Regular) / Lee (Muy Bien) / Escribe (Regular)

## Areas de actuación

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

## Actuación Profesional

### Cargos desempeñados actualmente

<i>Desde:</i>	04/2014
	Post doc , (40 horas semanales) , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
<i>Desde:</i>	09/2010
	Colaboradora en el marco de mi tesis de docto , (4 horas semanales) , Instituto Carlos Chagas , Brasil

### Institut Pasteur de Montevideo , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

#### Vínculos con la institución

03/2011 - 12/2013, <i>Vínculo:</i> <a href="#">Estudiante de doctorado, (30 horas semanales)</a>
10/2009 - 03/2011, <i>Vínculo:</i> Cargo por proyecto, (40 horas semanales / Dedicación total)
04/2014 - Actual, <i>Vínculo:</i> <a href="#">Post doc, (40 horas semanales)</a>

#### Actividades

04/2014 - Actual
Líneas de Investigación , IP Mon , Unidad de Bioinformática
Genoma Humano , Integrante del Equipo
10/2009 - 12/2013
Líneas de Investigación , IPMon , Bioinformática
Incorporación de incertidumbre filogenética en el método comparativo BPMM , Integrante del Equipo

04/2010 - 12/2012

Líneas de Investigación , IPMon , Unidad de Bioinformática

Diseño de microarrays , Integrante del Equipo

10/2009 - 04/2010

Líneas de Investigación , IPMon , Unidad de Bioinformática

Desarrollo de software para el análisis de datos obtenidos de citómetros de flujo high throughput , Integrante del Equipo

10/2009 - 04/2010

Líneas de Investigación , IPMon , Unidad de Bioinformática

Uso de codones tejido específico en humanos , Integrante del Equipo

01/2010 - 03/2010

Líneas de Investigación , IPMon , Bioinformática

Anotación del genoma mitocondrial del tomate , Integrante del Equipo

01/2011 - 00/

Líneas de Investigación , NCI , Unidad de Bioinformática

Perfiles moleculares del cancer de mama , Integrante del Equipo

7/2010 - 00/

Líneas de Investigación , IPMon , Unidad de Bioinformática

Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación de las células madre adulta mesequimales , Integrante del Equipo

06/2010 - 09/2013

Docencia , Maestría

Bioinformática 1 (Algoritmos de la bioinformática) , Asistente , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

10/2010 - 10/2010

Docencia , Maestría

Computational Methods for Next-generation Sequencing Data and Transcriptomics , Organizador/Coordinador , Maestría por PEDECIBA

06/2014 - 00/

Docencia , Maestría

Bioinformática 1 (Algoritmos de la bioinformática) , Responsable , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

03/2016 - 04/2016

Docencia , Especialización

Human Genome Tour 2016 , Responsable , Institut Pasteur

12/2014 - 12/2014

Docencia , Especialización

Hands-on course on High-Throughput Sequencing data analysis , Asistente , Institut Pasteur

12/2010 - 12/2010

Docencia , Especialización

INTRODUCCIÓN A LA GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA EN SALTO , Asistente , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

07/2015 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo

GenLives , Coordinador o Responsable

12/2014 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , ANII , Unidad de Bioinformática

BIOESPINN , Coordinador o Responsable

**Universitat Tuebingen (Eberhard-Karls) , Alemania**

[Vínculos con la institución](#)

12/2007 - 06/2008, *Vínculo: Ayudante de cátedra, (10 horas semanales)*

02/2011 - 03/2011, *Vínculo: Investigador, (40 horas semanales)*

## Actividades

02/2007 - 06/2008

Líneas de Investigación , Universität Tübingen (Karl-Eberhard) , Arquitectura de sistemas

Desarrollo de software para la inferencia de redes de señales de transducción , Integrante del Equipo

02/2011 - 03/2011

Pasantías , Eberhard Karls Universität Tübingen , Integrative Transkriptomik

Pasantía de investigación en el área de bioinformática

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

### Vínculos con la institución

03/2012 - 08/2012, *Vínculo:* Docente de bioinformática I, (4 horas semanales)

03/2014 - 08/2014, *Vínculo:* docente de bioinformática I, (4 horas semanales)

08/2014 - 12/2014, *Vínculo:* Docente de bioinformática II, (4 horas semanales)

## Actividades

03/2014 - Actual

Docencia , Grado

Bioinformática 1 , Asistente , Ingeniería en Sistemas

03/2014 - Actual

Docencia , Grado

Bioinformática 2 , Asistente , Ingeniería en Sistemas

03/2012 - 08/2012

Docencia , Grado

Bioinformática 1 , Asistente , Ingeniería en Sistemas

## Instituto Carlos Chagas , Brasil

### Vínculos con la institución

03/2010 - 09/2010, *Vínculo:* , (4 horas semanales)

09/2010 - Actual, *Vínculo:* Colaboradora en el marco de mi tesis de docto, (4 horas semanales)

## Actividades

09/2010 - Actual

Pasantías , ICC-Fiocruz , Laboratorio de Biología Basica de Células-Tronco, PR

Pasantías de investigación en el área de transcriptómica a lo largo del doctorado

## Universidad Federal da Bahia , Brasil

### Vínculos con la institución

11/2012 - 04/2015, *Vínculo:* , (4 horas semanales)

## Actividades

05/2013 - 05/2013

Docencia , Especialización

Herramientas bioinformáticas para el análisis de expresión génica , Asistente

11/2012 - 11/2012

Docencia , Especialización

Herramientas bioinformáticas para el análisis de expresión génica , Asistente

11/2012 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , UFBA , Biología Molecular

INVESTIGAÇÃO DOS MECANISMOS GENÉTICOS E MOLECULARES EM BIOFILMES DE LEPTOSPIRA , Integrante del Equipo

## Líneas de investigación

*Título:* Anotación del genoma mitocondrial del tomate

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* El objetivo de este proyecto es utilizando las tecnologías 'next generation' de secuenciado masivo anotar el genoma mitocondrial del tomate. El mismo es particular, ya que contiene, por un lado, intrones y por otro presenta estructuras cíclicas, denominadas 'Master Cycles'. Los reads obtenidos con la tecnología 454 de Roche se ensamblaron formando contigs. A su vez, se secuenció en el laboratorio del Instituto de Biotecnología INTA de Argentina, el genoma mitocondrial del tomate de la forma tradicional (método Sanger), generando otros varios contigs. El objetivo principal es obtener un mapa completo del genoma a partir de estos datos.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Natalia Rego(Integrante); Mariana Conte(Integrante)

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Desarrollo de software para el análisis de datos obtenidos de citómetros de flujo high throughput

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* El citómetro de flujo absorbe muestras de células en un fluido, las aísla, las excita a través de varios lasers y mide los efectos de las células sobre la luz. De acuerdo a las dispersiones y fluorescencias de los lasers se pueden derivar características de las células, como ser tamaño, complejidad, anticuerpos, etc. Citómetro de flujo de alto rendimiento (high throughput) combina a los citómetros de flujo con instrumental robótico para su manipulación, permitiendo realizar cientos de miles de análisis por día. La vasta cantidad de información obtenida por esta técnica es actualmente manejada con productos proporcionados por los fabricantes del citómetro de flujo utilizado, lo cual condiciona los procedimientos de análisis a las funcionalidades provistas por los mismos. El objetivo principal de este proyecto es desarrollar una plataforma de software open source en Java para almacenar, visualizar, manipular y estudiar la información proveniente de citómetros de flujo de alto rendimiento.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Tamara Fernández(Integrante); Ewelina Bakala(Integrante)

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Desarrollo de software para la inferencia de redes de señales de transducción

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* Las proteínas sensoriales reaccionan a los cambios del exterior transduciendo señales hacia el interior de la célula. Estas señales se van integrando hasta activar un pequeño grupo de células 'core', las cuales activan a proteínas blanco como factores de transcripción. Esta estructura se denomina bow tie y les permite a las células responder apropiadamente a condiciones ambientales complejas. Se desarrolló una herramienta en Java llamada BowTieBuilder que infiere las redes de señales a partir de múltiples proteínas fuente (p. ej. receptores en la superficie celular) y proteínas blanco (p. ej. factores de transcripción). Dadas las interacciones proteína-proteína de un organismo y las proteínas fuente y blanco que provea el usuario, se van ensamblando pathways agregando la proteínas intermedias que maximicen la probabilidad del pathway. A su vez para validar el resultado obtenido se implementaron distintas heurísticas y medidas de calidad.

*Equipos:* Jochen Supper(Integrante); Andreas Zell(Integrante)

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación

*Título:* Diseño de microarrays

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* Diseño de microarrays para el estudio del efecto de drogas en enfermedades descuidadas. Se está interesado en determinar el efecto de fármacos sobre la expresión de genes en el *Tripanosoma cruzi*, *brucei* y *Leishmania major*. Con este fin se diseñaron 'custom microarrays' de expresión de Agilent utilizando la herramienta online eArray.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Carlos Robello(Integrante); Gonzalo Greiff(Integrante); Lucía Spangenberg(Integrante)

*Palabras clave:* microarrays design

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación de las células madre adulta mesequimales

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* En el marco de mi doctorado se estudiarán los mecanismos de diferenciación y de autorrenovación de las células madre mesenquimales con tecnologías del tipo NGS. Hasta el momento, nos centramos mayormente en el meta-análisis e integración de datos; analizamos datos bajados de repositorios públicos y los integramos con el fin de sacar conclusiones de diferentes mecanismos de diferenciación.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Bruno Dallagiovanna(Integrante); Alejandro Correa(Integrante)

*Palabras clave:* Stem cell differentiation; NGS SOLiD

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

*Título:* Genoma Humano

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* En el marco de esta línea de investigación se secuenciarán individuos uruguayos con el fin de descubrir variantes (SNPs, indels, CNV) características de nuestra población. Se caracterizarán varios subgrupos poblacionales, comenzando por un trío aleatorio (en marcha), seguido por un conjunto de 10 individuos con ancestría indígena, luego 10 de origen africano y culminando con 30 de la población uruguaya general. Una vez culminada esta etapa, se escogerá una enfermedad relevante para el país, y se secuenciarán 30 genomas con este fenotipo. Esta información proporcionará posibilidades de estudios subsiguientes, sobre todo en el área de la antropología biológica, bioinformática,

farmacogenómica, etc.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); María Ines Fariello(Integrante)

*Palabras clave:* genoma humano; secuenciación masiva; descubrimiento de SNPs y variantes

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Incorporación de incertidumbre filogenética en el método comparativo BPMM

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* Se está desarrollando una herramienta para incorporar la incertidumbre filogenética al método comparativo a través de modelos mixtos con enfoques bayesianos. Dicho método permite estimar correlaciones de caracteres teniendo en cuenta las relaciones filogenéticas entre organismos. Se incorpora la incertidumbre de la reconstrucción del árbol filogenético en la estimación de los parámetros a través del promediado de modelos bayesianos ('bayesian model averaging', BMA). Con el lenguaje estadístico R se implementaron scripts para la manipulación y análisis de los datos y para la estimación de los parámetros. Actualmente se está desarrollando una interfaz gráfica en Java para integrar las distintas herramientas, facilitar el uso a usuarios que no dominan el scripting y agregar herramientas de diagnóstico.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Natalia Rego(Integrante); Hector Romero(Integrante); Arley Camargo(Integrante)

*Palabras clave:* Phylogenetic mixed models

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Perfiles moleculares del cáncer de mama

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* Se estudian los perfiles moleculares de pacientes con cáncer de mama de origen latinoamericano. La expresión génica se determina mediante microarrays de Agilent. Este proyecto se encuentra en el marco de una colaboración con varios países latinoamericanos y el NCI de USA.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Alfonso(Integrante); Gonzalo Greif(Integrante); United States-Latin America Cancer Research Network(Integrante)

*Palabras clave:* cáncer de mama; Microarrays

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Título:* Uso de codones tejido específico en humanos

*Tipo de participación:* Integrante del Equipo

*Objetivo:* Codones sinónimos no son usados con la misma frecuencia en todos los organismos. El sesgo del uso de codones ha sido asociado con la regulación génica, el plegado y la función de proteínas. Codones raros por ejemplo generan pausas durante la translación, las cuales son necesarias para el correcto plegado de las proteínas. Existen estudios que avalan que genes expresados en distintos tejidos pueden ser clasificados solamente por su uso de codones. Esto sugiere la existencia de una fuerza selectiva sobre el uso de codones tejido específico. Sin embargo esta idea no ha sido completamente aceptada en la comunidad científica. El tema permanece, por lo tanto, en debate. Con las grandes cantidades de nuevos datos publicados en la web la idea es describir los patrones de uso de codones tejido específico y descubrir las fuerzas selectivas detrás de este fenómeno. El análisis se basa en datos de microarrays y la herramienta principal para el análisis es el lenguaje estadístico R. Para guardar y manejar la gran cantidad de datos se realizó una base de datos SQL.

*Equipos:* Hugo Naya(Integrante); Tamara Fernández(Integrante)

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

## Proyectos

2014 - Actual

*Título:* BIOESPINN, *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable, *Descripción:* Se obtuvo una beca de pre-incubación para una start-up que se desarrollará en el marco del convenio BIOESPIN entre el Institut Pasteur de Montevideo y la ANII. La pre-incubación es de un período de 6 meses recibiendo un total de 6000 dólares.

*Tipo:* Desarrollo

*Alumnos:*

*Equipo:* Eduardo Spangenberg(Integrante); Juan Pablo Banchero(Integrante)

*Financiadores:* Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

*Palabras clave:* BIOESPINN

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática



2015 - Actual

*Título:* GenLives, *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable, *Descripción:* Se obtuvo el apoyo de la BIOESPINN para la incubación de la empresa GenLives creada en 2014, preincubada en BIOESPINN. La empresa se dedica a los servicios genómicos.

*Tipo:* Desarrollo

*Alumnos:*

*Equipo:* Hugo Naya(Integrante); Eduardo Spangenberg(Integrante); Juan Pablo Banchemo(Integrante); Victor Raggio(Integrante)

*Financiadores:* Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

*Palabras clave:* genómica

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

2012 - Actual

*Título:* INVESTIGAÇÃO DOS MECANISMOS GENÉTICOS E MOLECULARES EM BIOFILMES DE LEPTOSPIRA, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* Los biofilmes son considerados como el principal modo de vida de procariotas y participan en la patogenicidad de varias enfermedades infecciosas. Los mecanismos genéticos de la producción de biofilmes y su regulación son conocidos para algunas bacterias, sin embargo poco se sabe de los mismos en Leptospira. Este proyecto intenta aportar en la dilucidación de los mecanismos responsables de la formación y regulación de biofilm en Leptospira.

*Tipo:* Investigación

*Alumnos:*

*Financiadores:* CAPES/CNPq/MEC / Apoyo financiero

*Palabras clave:* biofilm

*Áreas 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 Celular, Microbiología

## Sistema Nacional de Investigadores

### Producción científica/tecnológica

Mi trabajo en el área de bioinformática utiliza las tecnologías de secuenciación masiva (o NGS; Next Generation Sequencing) para comprender eventos genómicos en diferentes escenarios como ser expresión diferencial de genes/ARN no codificantes/seudogenes en diferentes condiciones. Mi enfoque principal en este contexto es estudiar los procesos de diferenciación de células madres (mayormente células madre mesenquimales) a diferentes tipos celulares como ser adipocitos, condrocitos, cardiomiocitos, etc. Este tipo de proceso es muy complejo desde el punto de vista de la regulación transcriptional y sobre todo post-transcriptional. Los ARN no codificantes se revelaron como actores importantes en este proceso de regulación. Con las tecnologías de RNA-seq hemos logrado avances en dilucidar los mecanismos de ambos tipos de regulación involucrados en la diferenciación, sobre todo en la adipogénesis. Futuros trabajos (ya en marcha) se centrarán en otros procesos de diferenciación, incluso partiendo de células iPS (induced pluripotent stem cells). En otro contexto utilizamos las tecnologías de secuenciación masiva para el resecuenciado del genoma humano. Estamos desarrollando metodologías y estrategias para el análisis de variantes alélicas de individuos, con el fin de poner a punto un 'pipeline de análisis' para analizar la variabilidad de la población uruguaya. La información obtenida de este proyecto de interés nacional es el punto de partida para diferentes aplicaciones en el área de la farmacogenómica, genética de poblaciones y bioinformática. Por otro lado, el costo y complejidad de los experimentos y análisis de datos de NGS y la disponibilidad de dichos experimentos en bases de datos públicas, indican que una buena estrategia de optimización pasaría por el análisis de los resultados obtenidos en estudios previos, mejorando el diseño experimental para nuevos análisis e integrando los nuevos resultados a los existentes (meta-análisis centrado en datos de secuenciación masiva). A esto se agrega las capacidades de generación de nuevas hipótesis a partir de los resultados obtenidos por minería de datos. En este sentido, hemos investigado las relaciones entre expresión génica (tanto de microarrays como de RNA-seq), modificaciones en histonas (ChIP-seq) y además hemos incluido datos de redes de regulación basados en datos de NGS. Por otro lado, se está poniendo a punto la técnica para resecuenciar con tecnologías de NGS genes específicos relacionados a fenotipos de interés para poder caracterizar a la población uruguaya. Nuestro particular interés en este caso son los genes BRCA1 y BRCA2 relacionados con el cancer de mama hereditario. A raíz de un estudio preliminar se determina la existencia de ciertas variantes alélicas/mutaciones presentes en las mujeres uruguayas con alta frecuencia. Para lograr caracterizar la población total se ampliará el estudio a varias pacientes.

### Producción bibliográfica



## Artículos publicados

### Arbitrados

Completo

B. DALLAGIOVANNA; ISABELA T. PEREIRA; ANA CAROLINA ORIGA-ALVES; P. SHIGUNOV; H. NAYA; LUCIA SPANGENBERG  
lncRNAs are associated with polysomes during adipose-derived stem cell differentiation. *Gene*, v.: 17, p.: 30082 - 30083, 2017

*Palabras clave:* lncRNA; RNA-seq; adipogenesis; stem cell

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

*Lugar de publicación:* web ; *ISSN:* 03781119 ; *DOI:* j.gene.2017.02.004



SCOPUS



Completo

LUCIA SPANGENBERG; M. GRAÑA; G. GREIF; SUAREZ-RIVERO JM; KRYSZTAL K; TAPIÉ A; BOIDI M; FRAGA V; LEMES A;  
GUEÇAIMBURÚ R; CERISOLA A; SÁNCHEZ-ALCÁZAR JA; C. ROBELLO; RAGGIO V; H. NAYA  
3697G > A in MT-ND1 is a causative mutation in mitochondrial disease. *Mitochondrion*, v.: 24 28, p.: 54 - 59, 2016

*Palabras clave:* leigh disease; mitochondrial disease; Next Generation Sequencing

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; *ISSN:* 15677249 ; *DOI:* 10.1016/j.mito.2016.03.006



SCOPUS



Completo

G IRAOLA; LUCIA SPANGENBERG; BRUNO LOPES BASTOS; M. GRAÑA; LARISSA VASCONCELOS; ÁUREA ALMEIDA; G. GREIF;  
C. ROBELLO; PAULA RISTOW; H. NAYA  
Transcriptome Sequencing Reveals Wide Expression Reprogramming of Basal and Unknown Genes in *Leptospira biflexa* Biofilms.  
*mSphere*, v.: 1 2, 2016

*Palabras clave:* Transcriptomics; *Leptospira*; biofilm

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*ISSN:* 23795042

Completo

J. ZYCH; LUCIA SPANGENBERG; M. STIMAMIGLIO; A. ABUD; P. SHIGUNOV; MARCHINI F; C. KULIGOVSKI1; AXEL R. COFRÉ; A.  
SCHITTINI; AGUIAR A M; SENEGAGLIA A; PAULO R.S. BROFMAN; S. GOLDENBERG; B. DALLAGIOVANNA; H. NAYA; A. CORREA

Polysome profiling shows the identity of human adipose-derived stromal/stem cells in detail and clearly distinguishes them from dermal fibroblasts.. *Stem Cells and Development*, 2014

*Palabras clave:* Mesenchymal stem cell; fibroblast; Transcriptomics; NGS

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; *ISSN:* 15473287



SCOPUS

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

DANIEL E. NAYA; LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA; FRANCISCO BOZINOVIC

How does evolutionary variation in Basal metabolic rates arise? A statistical assessment and a mechanistic model.. *Evolution*, v.: 67 5, p.: 1463 - 1476, 2013

*Palabras clave:* metabolic rate; Phylogenetic mixed models

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; *ISSN:* 00143820 ; *DOI:* 10.1111



SCOPUS



Completo

LUCIA SPANGENBERG; P. SHIGUNOV; A. ABUD; AXEL R. COFRÉ; M. STIMAMIGLIO; C. KULIGOVSKI1; J. ZYCH; A. SCHITTINI; A. TAVARES COSTA; C. REBELATTO; PAULO R.S. BROFMAN; S. GOLDENBERG; A. CORREA; H. NAYA; B. DALLAGIOVANNA  
Polysome profiling shows extensive posttranscriptional regulation during human adipocyte stem cells differentiation into adipocytes. *Stem Cell Research*, 2013

*Palabras clave:* Stem cell differentiation; post-transcriptional regulation; adipogenesis

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; ISSN: 18735061 ; DOI: 10.1016



SCOPUS



Completo

DANIEL E. NAYA; LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA; FRANCISCO BOZINOVIC

Thermal conductance and basal metabolic rate are part of a coordinated system for heat transfer regulation.. *Proceedings of The Royal Society B: Biological Sciences*, v.: 280 1767, p.: 2013162 - 2013162, 2013

*Palabras clave:* endothermy ; macrophysiology; bayesian models

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; ISSN: 14712954 ; DOI: 10.1098

## Sistema Nacional de Investigadores

Completo

LUCIA SPANGENBERG; A. CORREA; B. DALLAGIOVANNA; H. NAYA

*Role of alternative polyadenylation during adipogenic differentiation: an in silico approach.. PLoS ONE*, v.: 8 10, 2013

*Palabras clave:* Alternative polyadenylation; miRNA; linear models

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

ISSN: 19326203



SCOPUS

Completo

DANIEL E. NAYA; LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA; FRANCISCO BOZINOVIC

Latitudinal Patterns in Rodent Metabolic Flexibility. *American Naturalist*, v.: 179, p.: 172 - 179, 2012

*Palabras clave:* metabolic flexibility

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología

ISSN: 00030147



SCOPUS

Completo

## Sistema Nacional de Investigadores

G IRAOLA; G VAZQUEZ; LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA

Reduced set of virulence genes allows high accuracy prediction of bacterial pathogenicity in humans. *PLoS ONE*, 2012

*Palabras clave:* SVM classifier; Pathogenicity prediction

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet ; ISSN: 19326203



SCOPUS

Completo

LUCIA SPANGENBERG; BATTKE F; M. GRAÑA; NIESELT K; H. NAYA

Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 2011

Palabras clave: *amino acid properties; phylogenetic mixed model*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática*

Medio de divulgación: *Papel*; ISSN: 13674803



SCOPUS

Completo

JOCHEN SUPPER; LUCIA SPANGENBERG; HANNES PLANATSCHER; ANDREAS DRÄGER; ADRIAN SCHRÖDER; ANDREAS ZELL

BowTieBuilder: modeling signal transduction pathways. *BMC Systems Biology*, v.: 3 67, p.: 1 - 13, 2009

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática*

Medio de divulgación: *Internet*; ISSN: 17520509; DOI: 10.1186/1752-0509-3-67

Este artículo fue uno de los top ten mas leído de la editorial



SCOPUS



Sistema Nacional de Investigadores

## No Arbitrados

Completo

LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA

Farmacogenómica: aportes de las nuevas tecnologías hacia una medicina personalizada. *Tendencias en Medicina*, v.: 43, p.: 157 - 162, 2013

Palabras clave: *farmacogenómica; bioinformática aplicada a la medicina*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática*

Medio de divulgación: *Papel*; ISSN: 07977271

## Artículos aceptados

### Trabajos en eventos

Completo

LUCIA SPANGENBERG; A. CORREA; B. DALLAGIOVANNA; H. NAYA

Post-transcriptional regulation during adipogenic differentiation via RNAseq data (SOLiD) , 2013

Evento: *Internacional , Workshop em Regulação Pós Transcricional em Eucariotos , Curitiba , 2013*

Palabras clave: *Stem cell differentiation; NGS SOLiD*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática*

Resumen

LUCIA SPANGENBERG; BATTKE F; M. GRAÑA; NIESELT K; H. NAYA

Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments , 2012

Evento: *Internacional , ISCB , Santiago de Chile , 2012*

Palabras clave: *Bioinformatics; Amino acid changes in alignments*

Areas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática*

Medio de divulgación: *Internet*;

Sistema Nacional de Investigadores

## Resumen

LUCIA SPANGENBERG; A. ABUD; P. SHIGUNOV; A COFRE; M. STIMAMIGLIO; C. KULIGOVSKI1; J. ZYCH; A. SCHITTINI; A. TAVARES COSTA; C. REBELATTO; P. BROFMAN; S. GOLDENBERG; A. CORREA; H. NAYA; B. DALLAGIOVANNA  
Estudios bioinformáticos de la diferenciación de CÉLULAS MADRE mesenquimales con tecnologías de nueva generación , 2012

*Evento:* Nacional , Sociedad Uruguaya de Biociencias , Piriápolis , 2012

*Palabras clave:* células madre mesenquimales; diferenciación

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / transcriptómica

*Medio de divulgación:* Papel;

## Resumen

LUCIA SPANGENBERG; BIANCHI S; N. REGO; PRITSCH O; DIGHIRO G; H. NAYA

A comparative study of CLL transcriptomic: Microarrays and NGS , 2011

*Evento:* Internacional , Escuela Latinoamericana de Genética Humana , Caxias do Sul (Brasil) , 2011

*Palabras clave:* Chronic Lymphocytic Leukemia ; Microarrays; Next Generation Sequencing

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

*Medio de divulgación:* Papel;

*Financiación/Cooperación:* Sin financiamiento / Otra

## Resumen

LUCIA SPANGENBERG; N. REGO; HECTOR ROMERO; H. NAYA

Evaluando la robustez del metodo comparativo , 2010

*Evento:* Internacional , Congreso de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , 2010

*Palabras clave:* bayesian model average; phylogenetic mixed model

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

*Medio de divulgación:* CD-Rom;

*Financiación/Cooperación:* Sin financiamiento / Otra

## Resumen

LUCIA SPANGENBERG; N. REGO; HECTOR ROMERO; H. NAYA

An easy way to incorporate phylogenetic uncertainty in the comparative model , 2010

*Evento:* Internacional , ISCB - LA 2010 , Montevideo , 2010

*Palabras clave:* phylogenetic mixed model; bayesian model average

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

*Medio de divulgación:* Papel;

*Financiación/Cooperación:* Sin financiamiento / Otra

## Producción técnica

### Productos

Software , Otra

LUCIA SPANGENBERG; G IRAOLA; H. NAYA

bacfier , Un programa escrito en Java para la predicción de la patogenicidad en bacterias. El paper asociado 'Reduced set of virulence genes allows high accuracy prediction of bacterial pathogenicity in humans' , 2013

*Aplicación:* NO

*Institución financiadora:* Institut Pasteur de Montevideo

*Palabras clave:* patogenicidad; predicción

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet; *Disponibilidad:* Irrestricada; *Ciudad:* /Uruguay

<https://code.google.com/p/bacfier/>

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores

Software , Otra

LUCIA SPANGENBERG

*BowtieBuilder (programa para la inferencia de redes de señales en la célula) , Programa que calcula redes de señales de transducción en la célula con la ayuda de estructuras bow tie , 2009*

Aplicación: NO

Institución financiadora: [German Federal Ministry of Education and Research](#)

Areas del conocimiento: [Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Computación](#)

Medio de divulgación: [Internet](#); Disponibilidad: [Irrestricta](#); Ciudad: [Alemania](#)

Software , Obra

LUCIA SPANGENBERG; H. NAYA

*bcool: Bringing to light significant Columns correlated with Organism Labels , Paquete de R para la identificación de columnas de alineamientos asociados a meta data , 2011*

Aplicación: NO

Institución financiadora: Instituto Pasteur de Montevideo

Palabras clave: phylogenetic mixed model; amino acid properties; R packages

Areas del conocimiento: [Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática](#)

Medio de divulgación: [Internet](#); Disponibilidad: [Irrestricta](#); Ciudad: [Uruguay](#)

<http://cran.r-project.org/web/packages/bcool/index.html>

## Formación de RRHH

### Tutorías concluidas

#### Grado

Tesis/Monografía de grado

*BioWiz: Una suite informática enfocada al laboratorio , 2014*

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Federico Machado, Roque Giordano

Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería , Uruguay , Licenciatura en Biotecnología

Palabras clave: suite informatica; java

Areas del conocimiento: [Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática](#)

Medio de divulgación: [Papel](#), Pais/Idioma: [Uruguay/Español](#)

Tesis/Monografía de grado

*Plataforma de Integración de aplicaciones biológicas basada en ESB , 2011*

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Javier Deferrari, Santiago Lopez, Jorge Sosa

Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay , Ingeniería en Computación

Palabras clave: webservers; taverna

Areas del conocimiento: [Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática](#)

Medio de divulgación: [Internet](#), Pais/Idioma: [Uruguay/Español](#)

#### Otras

Otras tutorías/orientaciones

Análisis de regiones intergénicas de espiroquetas , 2013

*Tipo de orientación:* Cotutor o Asesor

*Nombre del orientado:* Elma Leite

*Palabras clave:* Leptospira; BLAST

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Otros, *País/Idioma:* Uruguay/Español

Otras tutorías/orientaciones

miRNAs en la diferenciación de células madre , 2013

*Tipo de orientación:* Asesor/Orientador

*Nombre del orientado:* Carol Origa

*Palabras clave:* miRNAs; células madre mesenquimales; diferenciación

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Internet, *País/Idioma:* Brasil/Portugués

## Tutorías en marcha

### Posgrado

Tesis de maestría

Diseño e implementación de un software para el análisis clínico y poblacional de los genes BRCA a partir de resultados de secuenciación masiva , 2016

*Tipo de orientación:* Cotutor en pie de igualdad

*Nombre del orientado:* Roque Giordano

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

*Palabras clave:* secuenciación masiva; cáncer de mama

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*País/Idioma:* Uruguay/Español

### Otras

Otras tutorías/orientaciones

Análisis de RIP-seq en tripanosomátidos , 2014

*Tipo de orientación:* Cotutor o Asesor

*Nombre del orientado:* Saloe Bispo

Instituto Carlos Chagas , Brasil

*Palabras clave:* RIP-seq; NGS SOLiD

*Áreas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

*Medio de divulgación:* Otros, *País/Idioma:* Uruguay/Español

## Otros datos relevantes

### Premios y títulos

2016 MIT Technology Review under 35 (Uruguay-Argentina) (Internacional) MIT Technology Review

Obtuve un premio de innovación por el desarrollo de un algoritmo de determinación de patogenicidad de mutaciones en el marco de mi start-up GenLives incubada en BIOESPINN en el área de genómica médica. El premio fue otorgado por MIT-TR. Ganaban 10 participantes de todo Uruguay y Argentina. Fuimos 3 uruguayos y 7 argentinos los ganadores.

### Presentaciones en eventos

Congreso

Aportes del secuenciado masivo al análisis genómico en Medicina , 2014

*Tipo de participación:* Expositor oral, *Carga horaria:* 2

*Referencias adicionales:* Uruguay; *Nombre del evento:* XXII Congreso Latinoamericano de Patología Clínica; *Nombre de la institución promotora:* alapac/personas

*Palabras clave:* Bioinformática; Secuenciado masivo

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Congreso

Post-transcriptional regulation during adipogenic differentiation via RNAseq data (SOLiD) , 2013

*Tipo de participación:* Poster, *Carga horaria:* 16

*Referencias adicionales:* Uruguay; *Nombre del evento:* Workshop em Regulação Pós Trascricional em Eucariotos; *Nombre de la institución promotora:* ICC-Fiocruz

*Palabras clave:* Stem cell differentiation; NGS SOLiD

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Congreso

Estudios bioinformáticos de la diferenciación de CÉLULAS MADRE mesenquimales con tecnologías de nueva generación , 2012

*Tipo de participación:* Poster, *Carga horaria:* 16

*Referencias adicionales:* Uruguay; *Nombre del evento:* SUB;

*Palabras clave:* NGS SOLiD

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Congreso

Identifying associations between amino acid changes and meta information in alignments . ISCB , 2012

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

*Referencias adicionales:* Chile; *Nombre del evento:* ISCB-LA;

*Palabras clave:* Alignments; R programming

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Congreso

A comparative study of CLL transcriptomic: Microarrays and NGS Escuela Latinoamericana de Genética Humana , 2011

*Tipo de participación:* Poster, *Carga horaria:* 40

*Referencias adicionales:* Brasil; *Nombre del evento:* ELAG Caxias do Sul; *Nombre de la institución promotora:* ELAG

*Palabras clave:* Transcriptomics

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

Congreso

An easy way to incorporate phylogenetic uncertainty in the comparative model , 2010

*Tipo de participación:* Poster,

*Referencias adicionales:* Uruguay; *Nombre del evento:* ISCB-LA; *Nombre de la institución promotora:* International Society for Computational Biology

*Palabras clave:* Comparative phylogenetic model; Bayesian model averaging

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H

Congreso

Evaluando la robustez del método comparativo , 2010

*Tipo de participación:* Expositor oral,

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

*Palabras clave:* Modelo filogenético comparativo; Promediado bayesiano de modelos

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H



## Seminario

Diferenciação de células tronco mesenquimais: uma perspectiva de bioinformática. - Uma jornada controlada pela expressão e regulação - , 2013

*Tipo de participación:* Expositor oral, *Carga horaria:* 1

*Referencias adicionales:* Brasil; *Nombre del evento:* Novos e velhos saberes; *Nombre de la institución promotora:* UFBA

*Palabras clave:* Stem cell differentiation; NGS SOLiD; Transcriptomics

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

## Seminario

Stem cells differentiation mechanisms from a bioinformatics perspective - gene expression and post transcriptional regulation , 2013

*Tipo de participación:* Expositor oral, *Carga horaria:* 1

*Referencias adicionales:* Uruguay; *Nombre del evento:* Seminario Pasteur;

*Palabras clave:* Stem cell differentiation; NGS SOLiD; Transcriptomics

*Areas del conocimiento:* Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática

## Indicadores de producción

<i>Producción bibliográfica</i>	19
<i>Artículos publicados en revistas científicas</i>	13
Completo (Arbitrada)	12
Completo (No Arbitrada)	1
<i>Artículos aceptados para publicación en revistas científicas</i>	0
<i>Trabajos en eventos</i>	6
Completo (No Arbitrada)	1
Resumen (No Arbitrada)	5
<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>	3
<i>Productos tecnológicos</i>	3
Sin registro o patente	3
<i>Procesos o técnicas</i>	0
<i>Trabajos técnicos</i>	0
<i>Otros tipos</i>	0
<i>Evaluaciones</i>	0
<i>Formación de RRHH</i>	6
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</i>	4
Tesis/Monografía de grado	2
Otras tutorías/orientaciones	2
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</i>	2
Tesis de maestría	1
Otras tutorías/orientaciones	1