

Curriculum Vitae

María Inés FARIELLO RICO

Actualizado: 01/06/2017



Publicado: 20/07/2017

Sistema Nacional de Investigadores
Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas
Categorización actual: Iniciación
Ingreso al SNI: Activo(01/06/2016)

Datos generales

Información de contacto

E-mail: fariello@fing.edu.uy

Teléfono: 099245544

Dirección: Enrique Muñoz 1096 ap 102

Institución principal

IMERL/IE / Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Universidad de la República / Uruguay

Dirección institucional

Dirección: Facultad de Ingeniería - UDeLaR / Julio Herrera y Reissig 565 / 11300 / Montevideo / Montevideo / Uruguay

Teléfono: (+598) 2711 44 62

E-mail/Web: fariello@fing.edu.uy

Formación

Formación concluida

Formación académica/Titulación

Posgrado

2010 - 2013

Doctorado

SEVAB

Universtié Paul Sabatier , Francia

Título: Detection of positive selection from multi population samples using dense genome wide data : new multipoint methods and application to farm animal species

Tutor/es: Magali SanCristobal, Simon Boitard, Hugo Naya

Obtención del título: 2013

Becario de: Institut National de Recherche Agronomique , Francia

Sitio web de la Tesis: <https://www.dropbox.com/s/cxcnllidsspciern/Farielloetal2013.pdf>

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica de Poblaciones

2009 - 2010

Maestría

Master 2 Recherche: Mathématiques Appliquées: Probabilité et Statistiques

Institut de Mathématiques de Toulouse , Francia

Título: Tests for the detection of selection events on data from multiple populations.

Tutor/es: Magali SanCristobal, Simon Boitard

Obtención del título: 2010

Becario de: Institut de Mathématiques de Toulouse , Francia

Sitio web de la Tesis: Toulouse, Francia

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

Grado

2002 - 2007

Grado

Licenciatura en Matemática

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

Título: Modelos aleatorios en Genética de Poblaciones: Estimación de parámetros de mutación.

Tutor/es: Gustavo Guerberoff

Obtención del título: 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Aplicadas a la genética.

Formación complementaria

Postdoctorado

12 / 2013 - 11 / 2015

Detección de regiones genómicas asociadas a la selección y sus potenciales aplicaciones

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Becario de: Agencia Nacional de Investigación e Innovación , Uruguay

Palabras clave: scan genómico; SNP; detección de selección; secuenciado en pool

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

Cursos corta duración

11 / 2016 - 11 / 2016

Modelado y agrupamiento de datos de alta dimensión/ Asistencia

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

08 / 2016 - 08 / 2016

Un acercamiento a la didáctica de la matemática en la transición entre bachillerato y la universidad

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

02 / 2015 - 02 / 2015

Marker-Assisted Plant Breeding

Centro Universitario Regional Este - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay

08 / 2014 - 12 / 2014

Reconocimiento de Patrones

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

12 / 2011 - 12 / 2011

Análisis de Datos Longitudinales

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

10 / 2011 - 10 / 2011

Statistical Learning Methods For DNA-based Prediction of Complex Traits

Wageningen University & Research Center , Holanda

05 / 2009 - 06 / 2009

Análisis Convexo

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

03 / 2008 - 06 / 2008

Comunicación en el Aula Universitaria

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

03 / 2006 - 05 / 2006

Diseño de Unidades didácticas

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

Otras instancias

2013

Seminarios

Nombre del evento: Seminario de Probabilidad y Estadística

Institución organizadora: Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias , Uruguay

2012

Seminarios

Nombre del evento: Journal Club

Institución organizadora: Mathematical Department , Austria

2011

Seminarios

Nombre del evento: Ecole chercheurs Génomique et diversité des caractères à déterminisme complexe

Institución organizadora: Institut National de Recherche Agronomique (INRA) , Francia

2010

Seminarios

Nombre del evento: Seminario de Biomatemática

Institución organizadora: INRA, Toulouse , Francia

2010	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Seminario de Departamento <i>Institución organizadora:</i> Departamento de Genética Animal, INRA, Toulouse , Francia
2009	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Seminario de Estadística <i>Institución organizadora:</i> Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias , Uruguay
2008	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Seminario de Aprendizaje Automático <i>Institución organizadora:</i> Facultad de Ingeniería , Uruguay
2006	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Cadenas de Markov <i>Institución organizadora:</i> CMAT, Facultad de Ciencias , Uruguay
2005	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Seminario de Partículas <i>Institución organizadora:</i> Facultad de Ciencias , Uruguay
2012	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Presentación de resultados de investigación en inglés <i>Institución organizadora:</i> Institut National de Recherche Agronomique (INRA) , Francia
2011	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Redacción Científica en Inglés <i>Institución organizadora:</i> Institut National de Recherche Agronomique (INRA) , Francia
2011	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Zotero y la gestión de referencias bibliográficas <i>Institución organizadora:</i> Universidad de Toulouse , Francia

Construcción institucional

Durante el año 2015 estuve involucrada en la creación de una red nacional de predicción genómica. Actualmente estamos creando la identificación como grupo (<http://formularios.csic.edu.uy/grupos/grupos?tipo=unorw&id=882546>).

Idiomas

Alemán

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

Francés

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

Inglés

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

Portugués

Entiende (Bien) / Habla (Regular) / Lee (Bien)

Areas de actuación

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

Actuación Profesional

Cargos desempeñados actualmente

Desde: 02/2017
(Docente Grado 2 Titular, 40 horas semanales / Dedicación total) , Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay

Desde: 12/2015
(30 horas semanales) , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

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

Vínculos con la institución

08/2005 - 12/2009, *Vínculo:* Docente, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

Actividades

08/2005 - 12/2009

Docencia , Grado

Matemática I , Asistente , Licenciatura en Matemática

08/2005 - 12/2009

Docencia , Grado

Matemática II , Asistente , Licenciatura en Matemática

08/2005 - 12/2009

Docencia , Grado

Álgebra Lineal I para física , Asistente , Licenciatura en Matemática

08/2005 - 12/2009

Docencia , Grado

Bioestadística , Asistente , Licenciatura en Matemática

08/2005 - 12/2009

Docencia , Grado

Ecuaciones diferenciales , Asistente , Licenciatura en Matemática

03/2009 - 10/2009

Gestión Académica , Centro de Matemáticas

Comisión para la implementación del nuevo plan de estudios de la Licenciatura en Matemáticas, específicamente en la proposición de materias de biología para el eje matemática aplicada a otras ciencias

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

Vínculos con la institución

08/2005 - 09/2011, *Vínculo:* Docente, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

09/2011 - 01/2017, *Vínculo:* Asistente, Docente Grado 2 Titular, (20 horas semanales)

02/2017 - Actual, *Vínculo:* Docente Grado 2 Titular, (40 horas semanales / Dedicación total)

Actividades

08/2014 - Actual

Líneas de Investigación , IMERL , Laboratorio de Probabilidad y Estadística

Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK , Coordinador o Responsable

3/2015 - 07/2015

Docencia , Grado

Probabilidad y Estadística - Teórico , Asistente , Ingeniería Civil

08/2014 - 12/2014

Docencia , Grado

Bioestadística , Asistente , Unidad Asociada (Facultad de Ciencias)

03/2014 - 07/2014

Docencia , Grado

Probabilidad y Estadística , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Álgebra Lineal I , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Álgebra Lineal II , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Cálculo I , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Cálculo II , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Cálculo III , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

08/2005 - 09/2009

Docencia , Grado

Cálculo I anual (coordinador) , Asistente , Bachiller en Ciencias Básicas de Ingeniería

03/2014 - 07/2014

Otra actividad técnico-científica relevante , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)

Madrina por el orden docente en el curso introductorio en sus ediciones de marzo y julio

03/2009 - 03/2009

Otra actividad técnico-científica relevante , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)

Madrina por el orden docente en el curso introductorio

03/2016 - Actual

Gestión Académica , PEDECIBA , Matemáticas

Comisión de Estudios de Posgrado

10/2008 - 10/2010

Gestión Académica , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)

Suplente en la Comisión de Instituto

03/2007 - 09/2009

Gestión Académica , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia (IMERL)

Participación de la Comisión de Enseñanza

05/2017 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia

Análisis y Visualización de la Evolución de Virus , Coordinador o Responsable

05/2017 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Instituto de Matemática y Estadística Rafael Laguardia

Análisis y Visualización de la Evolución de Virus , Coordinador o Responsable

Institut Pasteur de Montevideo , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

[Vínculos con la institución](#)

07/2010 - 09/2010, *Vínculo:* , (40 horas semanales)

11/2011 - 03/2013, *Vínculo:* , (40 horas semanales)

12/2010 - 01/2011, *Vínculo:* , (40 horas semanales)

12/2012 - 02/2013, *Vínculo:* , (40 horas semanales)

[12/2013 - 11/2015, *Vínculo:* **Postdoctorado, \(35 horas semanales\)**](#)

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores

12/2015 - Actual, *Vínculo:* , (30 horas semanales)

Actividades

08/2014 - Actual

Líneas de Investigación , IPMont , Unidad de Bioinformática

Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK , Coordinador o Responsable

04/2014 - Actual

Líneas de Investigación , IPMont , Unidad de Bioinformática

Genoma Humano , Integrante del Equipo

06/2013 - Actual

Líneas de Investigación , IPMont-INRA Toulouse , Unidad de Bioinformática- Genphypse

Utilización de métodos de score local para detectar selección en datos de NGS (Next Generation Sequencing) a partir de conjuntos de individuos , Integrante del Equipo

01/2011 - 01/2011

Pasantías

Detección de selección mediante métodos bayesianos

07/2010 - 12/2010

Sistema Nacional de Investigadores

Pasantías

Detección de selección mediante métodos bayesianos

Ministerio de Salud Pública , Instituto Nacional de Donación y Trasplante de Células, Tejidos y Órganos , Uruguay

Vínculos con la institución

06/2008 - 08/2009, *Vínculo:* , (20 horas semanales)

Actividades

06/2008 - 08/2009

Líneas de Investigación

Validación de trasplante de córneas de individuos mayores de 60 años. , Integrante del Equipo

06/2008 - 06/2008

Docencia , Perfeccionamiento

Introducción a R , Organizador/Coordinador

Instituto Universitario Autónomo del Sur , Instituto Universitario Autónomo del Sur - Facultad de Ingeniería , Uruguay

Vínculos con la institución

03/2009 - 07/2009, *Vínculo:* Responsable de Probabilidad y Estadística, (6 horas semanales)

Sistema Nacional de Investigadores

Actividades

03/2009 - 07/2009

Docencia , Grado

Probabilidad y Estadística , Responsable , Licenciatura en Informática

Administración Nacional de Educación Pública , Consejo de Formación en Educación , Uruguay

Vínculos con la institución

02/2008 - 02/2008, *Vínculo:* , (20 horas semanales)

Institut National de Recherche Agronomique , Francia

Vínculos con la institución

03/2010 - 06/2010, *Vínculo:* , (40 horas semanales / Dedicación total)

10/2010 - 09/2013, *Vínculo:* Beca de Doctorado, (37 horas semanales / Dedicación total)

09/2014 - 10/2014, *Vínculo:* Pasa, (40 horas semanales)

Actividades

10/2010 - 09/2013

Líneas de Investigación

Detection of positive selection from multi populations samples using dense genome wide data: new multipoint methods and application to farm animal species , Integrante del Equipo

09/2014 - 10/2014

Pasantías , INRA, Toulouse , Genphyse

Pasantía en el laboratorio Genphyse, INRA, Toulouse como parte del premio a finalización de doctorado a docentes universitarios. En esta oportunidad aprovechamos para terminar un artículo pendiente de la tesis y enviarlo a la revista Molecular Ecology

Lineas de investigación

Título: Detection of positive selection from multi populations samples using dense genome wide data: new multipoint methods and application to farm animal species

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: Since initial domestication by Humans, farm animal species have experienced great phenotype diversification and thus represent an interesting model for the study of natural and artificial selection. Besides, the detection of selection signatures in these species can have substantial agronomic outcomes, pointing out genomic regions related to production traits or resistance to diseases. In the last years, many datasets generated by dense genotyping and next generation sequencing have become available, giving access to genome wide genotypic information from worldwide populations. This enables to scan entire genomes for signatures of natural and artificial selection. Many tests have been proposed in this context, in particular one common strategy consists in detecting regions with extremely large genetic differentiation between populations, which is interpreted as the signature of positive selection in one of the populations. However, many of the tests based on this idea are challenged by at least one of the two following features. First, as the number of available markers increases, the correlation between them also increases and needs to be taken into account. Second, many tests have been designed to compare populations only pairwise, or assume that the populations are independent. Considering more than two populations simultaneously should increase the power to detect selected regions, but this implies to account for correlations between populations, which are due to their common history. In this thesis I present two new statistical tests for the detection of positive selection signatures using dense genetic data collected from multiple populations. The first one is based on haplotypic differentiation between populations, which requires genetic data at the individual level. The second one consists in cumulating single marker signals using local score theory, which only requires data at the population level, as for instance that resulting from pool sequencing designs. Through simulated and real validation datasets, I show that these tests provide in many cases an increased detection power compared to existing single marker or haplotypic tests and are able to detect a wide range of signatures including hard, soft or incomplete sweeps. Applied to two data sets in sheep and quail, they also point out biologically relevant candidate genes under selection. One possible direction to extend these tests is to include also environmental variables or to account explicitly for migrations in our model.

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 (Single Nucleotide Polymorphism), indels (insertions or deletions), CNV (Copy Number Variation)) 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.

Equipos: Hugo Naya(Integrante); Lucia Spangenberg(Integrante)

Título: Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK

Tipo de participación: Coordinador o Responsable

Objetivo: Los tests FLK y hapFLK están adaptados a estructuras poblacionales que no presentan grandes migraciones entre poblaciones (el test es robusto a pequeñas migraciones). Para tomar en cuenta las relaciones entre poblaciones en estos tests se utiliza una matriz de parentesco. En este proyecto se pretende investigar la posibilidad de incorporar los datos brindados por las migraciones entre poblaciones. Para evaluar si esto funciona y si se gana potencia frente a las versiones anteriores, se harán simulaciones y se aplicarán los tests a datos reales. Este proyecto se presentó como posible tesis de la maestría en Ingeniería Matemática.

Título: Inclusión de migración entre poblaciones en los tests para detectar selección FLK y hapFLK

Tipo de participación: Coordinador o Responsable

Objetivo: Los tests FLK y hapFLK están adaptados a estructuras poblacionales que no presentan grandes migraciones entre poblaciones (el test es robusto a pequeñas migraciones). Para tomar en cuenta las relaciones entre poblaciones en estos tests se utiliza una matriz de parentesco. En este proyecto se pretende investigar la posibilidad de incorporar los datos brindados por las migraciones entre poblaciones. Para evaluar si esto funciona y si se gana potencia frente a las versiones anteriores, se harán simulaciones y se aplicarán los tests a datos reales. Este proyecto se presentó como posible tesis de la maestría en Ingeniería Matemática.

Título: Utilización de métodos de score local para detectar selección en datos de NGS (Next Generation Sequencing) a partir de conjuntos de individuos

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: Este método utiliza además de la información individual que brinda cada SNP, la información que surge de la dependencia entre SNPs adyacentes. Gracias a este método, es posible detectar selección en datos donde la deriva genética es muy grande, por lo tanto, los datos tienen demasiado ruido incorporado.

Equipos: Simon Boitard(Integrante); Magali SanCristobal(Integrante); Frédérique Pitel(Integrante)

Título: Validación de transplante de córneas de individuos mayores de 60 años.

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: El trabajo completo sobre la validación de las córneas fue publicado en el CD del VIII CLATSE

Proyectos

2017 - Actual

Título: Análisis y Visualización de la Evolución de Virus, *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable, *Descripción:* El principal objetivo de este proyecto es proponer y evaluar diferentes medidas, estadísticas o nuevos algoritmos para representar la capacidad mutacional de un virus. Con las medidas seleccionadas se desarrollará una aplicación (software) que permita la visualización de esa información brindando herramientas para analizar la evolución del virus. Es decir, ayudar en el análisis de las cepas y su evolución, resaltando de forma automática regiones de interés, tanto en la representación lineal de la secuencia genómica (secuencia ARN) como en la estructura 3D de la cápside (si se encuentra disponible). La aplicación generará figuras, videos, gráficas interactivas u otra representación adecuada de la información de forma que los usuarios podrán ver la evolución del virus en el tiempo, y usar los resultados del análisis para predecir las mutaciones más probables, o diseñar futuras vacunas, entre otras posibles aplicaciones. En caso de disponer de información de fitness del virus se presentará el "paisaje de fitness" de forma de poder identificar hacia dónde intentar arrinconar el virus para su extinción.

Tipo: Investigación

Alumnos: 2(Pregrado),

Equipo: Federico Lecumberry(Responsable)

Financiadores: Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR / Apoyo financiero

Producción científica/tecnológica

La genómica de poblaciones es el punto de encuentro entre la estadística y la genética. Mi trabajo consiste en desarrollar y extender métodos estadísticos para el análisis de datos principalmente genómicos. Este tipo de datos forman parte de los datos conocidos como n

Producción bibliográfica

Artículos publicados

Arbitrados

Completo

GIANOLA, D. ; FARIELLO, M.I.; NAYA H.; SCHÖN, C.

On the use of a genomic relationship matrix in genome-wide association studies. G3: Genes | Genomes | Genetics , 2016

Palabras clave: GWAS; genomic relationship; heritability; whole-genome regression

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Modelos lineales

Medio de divulgación: Internet ; *Lugar de publicación:* Estados Unidos ; *ISSN:* 21601836 ; *DOI:* 10.1534/g3.116.034256

<http://www.g3journal.org/content/early/2016/08/11/g3.116.034256.abstract>



SCOPUS



Completo

RECOQUILLAY J; PITEL F; ARNOULD C; LEROUX S; DEHAIS P; MORENO, C.; CALANDREAU L; BERTIN A; GOURICHON D; BOUCHEZ O; VIGNAL A; FARIELLO, M.I.; MINVIELLE F; BEAUMONT C; LETERRIER C; LE BIHAN-DUVAL E

A medium density genetic map and QTL for behavioral and production traits in Japanese quail. BMC Genomics, v.: 16 10, 2015

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Genómica

Medio de divulgación: Internet ; *ISSN:* 14712164 ; *DOI:* 10.1186/s12864-014-1210-9

<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/16/10/abstract>



SCOPUS



Completo

PIZZO L.; FARIELLO, M.I.; LEPANTO P.; AGUILAR P.S.; KIERBEL A.

An image analysis method to quantify CFTR subcellular localization. *Molecular and Cellular Probes*, 2014

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología del Desarrollo

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 08908508 ; DOI: 10.1016/j.mcp.2014.02.004

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0890850814000115>



SCOPUS



Completo

FARIELLO, M.I.; SERVIN B.; TOSSER-KLOPP, G.; RUPP, R.; MORENO, C.; SANCRISTOBAL, M.; BOITARD S.

Selection signatures in worldwide Sheep populations. PLoS ONE, v.: 9 8, 2014

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 19326203 ; DOI: 10.1371/journal.pone.0103813

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0103813>

The diversity of populations in domestic species offers great opportunities to study genome response to selection. The recently published Sheep HapMap dataset is a great example of characterization of the world wide genetic diversity in sheep. In this study, we re-analyzed the Sheep HapMap dataset to identify selection signatures in worldwide sheep populations. Compared to previous analyses, we made use of statistical methods that (i) take account of the hierarchical structure of sheep populations, (ii) make use of linkage disequilibrium information and (iii) focus specifically on either recent or older selection signatures. We show that this allows pinpointing several new selection signatures in the sheep genome and distinguishing those related to modern breeding objectives and to earlier post-domestication constraints. The newly identified regions, together with the ones previously identified, reveal the extensive genome response to selection on morphology, color and adaptation to new environments.



SCOPUS



Completo

FARIELLO, M.I.; BOITARD S.; NAYA H.; SANCRISTOBAL M.; SERVIN B.

Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation Among Hierarchically Structured Populations. Genetics, v.: 193 3, p.: 929 - 941, 2013

Palabras clave: selective sweeps; linkage disequilibrium; haplotypes

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00166731 ; DOI: 10.1534/genetics.112.147231

<http://www.genetics.org/content/193/3/929.short>

Este artículo fue incluido en el issues highlights de la revista el mes en el que fue publicado

(<http://www.genetics.org/content/193/3/NP.full>) y fue citado 14 veces según el sitio google scholar al 15 de agosto de 2014. El programa disponible on line de manera gratuita para aplicar el test ha sido descargado más de 400 veces. (<https://forge-dga.jouy.inra.fr/projects/hapflk/files>)

SCOPUS



Artículos aceptados

Sistema Nacional de Investigadores

Arbitrados

Completo

BOITARD S.; FARIELLO, M.I.; MERCIER S.; ROBELIN D.; FARAUT T.; C. ARNAUD; RECOQUILLAY J.; BOUCHEZ O.; SALIN G.; DEHAIS P.; GOURICHON D.; LEROUX S.; PITEL F.; LETERRIER C.; SANCRISTOBAL M.

Accounting for Linkage Disequilibrium in genome scans for selection without individual genotypes: the local score approach. Molecular Ecology, 2017

Palabras clave: Population Genomics; Genome Scan for Selection; linkage disequilibrium

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genómica de poblaciones

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 09621083 ; DOI: 10.1111/mec.14141

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mec.14141/full>



SCOPUS



Trabajos en eventos

Completo

FARIELLO, M.I.; A. ARMSOTRONG; A. FERNÁNDEZ

Genetic Prediction in bovine meat production: ¿Is worth integrating bayesian and machine learning approaches? A comprehensive analysis , 2015

Evento: Internacional , XX CIARP , Montevideo , 2015

Anales/Proceedings: Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications: 20th Iberoamerican Congress, CIARP 2015, Montevideo, Uruguay, November 9-12, 2015, Proceedings , 1 , 11 , 18

Editorial: Springer

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Predicción Genómica

Medio de divulgación: Internet;

<https://books.google.com.uy/books?id=MwLOCgAAQBAJ&pg=PA227&dq=Progress+in++pattern+recognition+CIARP+2015+proceedings+wiley&hl=es-419&sa=X&ved=0ahUKEwiq6afpgvDJAhWFNSYKHm5DRMQ6AEIGjAA#v=onepage&q&f=false>

Completo

FARIELLO, M.I.; BOITARD S.; MERCIER S.; ROBELIN D; FARAUT T; ARNOULD C; LE BIHAN-DUVAL E; RECOQUILLAY J; SALIN G; DEHAIS P; PITEL F; LETERRIER C; SANCRISTOBAL M.

Local Score Based Method Applied On Pool-Sequenced Behavior-Divergent Lines Precisely Detected Selection Signatures Related To Autism In Quail , 2014

Evento: Internacional , 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production , Vancouver , 2014

Anales/Proceedings: Proceedings

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Detección de selección

Medio de divulgación: Internet;

Financiación/Cooperación: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Beca

https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/670_paper_8971_manuscript_346_0.pdf?sfvrsn=2

Completo

SERVIN B.; BOITARD S.; CHEVALET C.; FARIELLO, M.I.; PHOCAS F; M SANCRISTOBAL

Accounting for population structure and haplotype diversity in whole genome scans for selection signatures , 2014

Evento: Internacional , World Congress of Genetics Applied to Livestock Production , Vancouver , 2014

Anales/Proceedings: Methods and Tools Arbitrado: SI

Medio de divulgación: Internet;

https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/674_paper_9323_manuscript_561_0b.pdf?sfvrsn=2

Resumen

FARIELLO, M.I.

Local score based method on pool-sequenced behaviour-divergent quail lines precisely detected selection signatures related to autism , 2013

Evento: Nacional , Petit Pois Déridé , Marseille , 2013

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

Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad

Medio de divulgación: Papel;

<http://ppd.imbe.fr/Local-score-based-method-on-pool.html>

Resumen expandido

FARIELLO, M.I.

Détection de locus sous sélection dans des populations hiérarchiquement structurées, à l'aide de marqueurs SNP denses , 2011

Evento: Nacional , 11ème forum des jeunes mathématicien-ne-s , Toulouse , 2011

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de Poblaciones

Medio de divulgación: Papel;

Completo

ÁLVAREZ I.; PÉREZ CAMPOS H.; SALDÍAS M.; CABRERA M.; SÁNCHEZ G.; LAZA S.; FARIELLO, M.I.; FORTEZA D.; SCAVINO M.

Análisis Morfológico Cuantitativo del Endotelio Corneal y Validación del Donante Expandido por Edad , 2008

Evento: *Internacional* , VII Congreso Latinoamericano de Estadística , Montevideo , 2008

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

Medio de divulgación: *CD-Rom*;

<http://www.iesta.edu.uy/clatse/index.php>

Producción técnica

Otros

Organización de eventos

Congreso / Otra

Modeling and Data Analysis for the Healthy Human Global Project , 2015

Uruguay , Inglés , Internet , <http://www.mispcamp.org/>

Duración: 1 semanas

Evento itinerante: NO, Catálogo: NO

La Capilla , Punta del Este

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur

Áreas del conocimiento: *Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Reconocimiento de patrones*

Información adicional: Este congreso fue en realidad un campamento de investigación. Se presentaron 4 juegos de datos y durante dos días y medio investigadores en biología y matemática aplicada trabajaron juntos para responder ciertas preguntas que quienes presentaron los datos tenían. Este congreso dio lugar a colaboraciones que se están gestando, ya que el trabajo en esos días fue el inicio de distintas colaboraciones entre investigadores de Uruguay y el Mundo.

Organización de eventos

Congreso / Otra

THE PRECISION MEDICINE REVOLUTION , 2015

Uruguay , Inglés , Internet , <http://www.mispcamp.org/tickets>

Duración: 1 semanas

Evento itinerante: NO, Catálogo: NO

Auditorio de Antel , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Pasteur / ANII

Áreas del conocimiento: *Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud*

Información adicional: Evento sobre la revolución que estamos viviendo en medicina de precisión. Este evento siguió el formato de las charlas TED.

Evaluaciones

Evaluación de Eventos

2016

Nombre: XXI Iberoamerican Congress on Pattern Recognition,

Pontificia Universidad Católica del Perú

revisión de 3 artículos

Evaluación de Eventos

2015

Nombre: Computational Immunology Research Camp,

Organización del evento

Evaluación de Eventos

2015

Nombre: XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition,

Facultad de Ingeniería, UdelaR

5 revisiones

Evaluación de Publicaciones

2017

Nombre: Scientific Reports,

Cantidad: Menos de 5

1 review

Evaluación de Publicaciones

2017

Nombre: Genetica,

Cantidad: Menos de 5

1

Evaluación de Publicaciones

2016

Nombre: Molecular Biology and Evolution,

Cantidad: Menos de 5

1 en 2016

Evaluación de Publicaciones

2015

Nombre: Journal of Theoretical Biology,

Cantidad: Menos de 5

1 en marzo 2015, segunda revisión del mismo en junio de 2015

Evaluación de Publicaciones

2015

Nombre: Molecular Ecology Resources,

Cantidad: Menos de 5

1 revisión en junio 2015, 1 revisión en setiembre de 2015

Evaluación de Publicaciones

2013

Nombre: PLOS ONE,

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013

Evaluación de Publicaciones

2013 / 2016

Nombre: Animal: An International Journal of Animal Bioscience,

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013 1 evaluación 2016 y sus dos posteriores re-evaluaciones

Evaluación de Publicaciones

2013 / 2014

Nombre: Molecular Ecology,

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2013, 2 evaluaciones en 2014

Evaluación de Publicaciones

2012

Nombre: Heredity,

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2012

Evaluación de Publicaciones

2011

Nombre: BMC Genetics Selection Evolution ,

Cantidad: Menos de 5

1 evaluación 2011

Formación de RRHH

Tutorías en marcha

Grado

Tesis/Monografía de grado

GENÉTICA DE POBLACIONES: Modelos estocásticos básicos , 2016

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Alicia Alonso

Instituto de Perfeccionamiento y Estudios Superior 'Juan E. Pivel Devoto' , Uruguay , Diploma en Matemática

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Estadística y Probabilidad / Genética de poblaciones

País/Idioma: Uruguay/Español

Otras

Otras tutorías/orientaciones

The Bayesian Alphabet Strickes Again: GUT and GMUT , 2015

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Sebastián Castro

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Matemáticas / Matemática Aplicada / Predicción Genómica

Medio de divulgación: Internet, País/Idioma: Uruguay/Español

Información adicional: Con Sebastián estamos intentando agregar información de vías metabólicas utilizando modelos Bayesianos en la predicción de características complejas.

Otras tutorías/orientaciones

Búsqueda de huellas de selección por resistencia a parásitos en ovinos uruguayos. , 2014

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Nicolás Frioni

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Biotecnología Agropecuaria / Biotecnología Agrícola y Biotecnología Alimentaria / Bioestadística

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Bioinformática

País/Idioma: Uruguay/Español

Otros datos relevantes

Premios y títulos

2013 Beca de Posdoctorado (Nacional) ANII

2013 Beca finalización de doctorado académico de docentes universitarios (Nacional) CSIC

2014 Investigador Grado 3 (Nacional) PEDECIBA Matemáticas

Presentaciones en eventos

Congreso

Darwin en el país de las matemáticas , 2016

Tipo de participación: Conferencista Invitado, *Carga horaria:* 50

Referencias adicionales: Argentina; *Nombre del evento:* VII Escuela de Biomatemática; *Nombre de la institución promotora:* FAMAF

Congreso

A Local Score Based Method Applied to Behavior-divergent Quail Lines Sequenced in Pools Detects Selection Signatures on Homologous Genes Related to Autism , 2015

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 25

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* SMBEBA: Investigating biological adaptation with NGS: data and models ; *Nombre de la institución promotora:* Society for Molecular Evolution and Biology

Congreso

Genetic Prediction in bovine meat production: ¿Is worth integrating bayesian and machine learning approaches? A comprehensive analysis , 2015

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 50

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* XX Iberoamerican Congress on Pattern Recognition; *Nombre de la institución promotora:* Asociación Internacional de Reconocimiento de Patrones

Congreso

Local Score Based Method Applied On Pool-Sequenced Behavior-Divergent Lines Precisely Detected Selection Signatures Related To Autism In Quail , 2014

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 36

Referencias adicionales: Canadá; *Nombre del evento:* WCGALP; *Nombre de la institución promotora:* American Society of Animal Science

Congreso

Método basado en el score local aplicado a perdcas seleccionadas de manera divergente por su comporamiento secuenciadas en pool detecta genes relacionados con el autismo en humanos. , 2013

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 40

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* Petit Pois Déridé; *Nombre de la institución promotora:* CNRS

Congreso

Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation in Structured Populations , 2013

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

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* Mathematical and Computational Evolutionary Biology; *Nombre de la institución promotora:* CNRS - LIRMM

Congreso

A new haplotype test for the detection of selection signatures using data from multiple populations , 2012

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 30

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* Conférence Jaques Monod; *Nombre de la institución promotora:* CNRS

Congreso

hapFLK: An haplotype test for detecting selection signatures using data from multiple populations , 2012

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 45

Referencias adicionales: Irlanda; *Nombre del evento:* Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution; *Nombre de la institución promotora:* Society for Molecular Biology and Evolution

Congreso

Détection de locus sous sélection dans des populations hiérarchiquement structurées, à l'aide de marqueurs SNP denses. , 2011

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 30

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* Forum des jeunes mathématiciennes; *Nombre de la institución promotora:* Universidad Paul Sabatier

Palabras clave: Seleccion

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

Congreso

Tests for the detection of selection events on data from multiple populations , 2010

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 50

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* IV BIOMAT; *Nombre de la institución promotora:* FaMAF

Congreso

Validación de la utilización de córneas de pacientes de mas de 60 años para trasplante. , 2008

Tipo de participación: Expositor oral,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* VII CLATSE; *Nombre de la institución promotora:* Facultad de Ciencias Económicas.

Seminario

Darwin and the mathematics (tests for detecting selection) , 2014

Tipo de participación: Conferencista Invitado, *Carga horaria:* 1

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Ciclo de Seminarios; *Nombre de la institución promotora:* Institut Pasteur Montevideo

Seminario

Genética de poblaciones: métodos de detección de selección ('a la Darwin') , 2014

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

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Seminario de Probabilidad y Estadística; *Nombre de la institución promotora:* Centro de Matemáticas, Facultad de Ciencias

Encuentro

Darwin en el país de las matemáticas , 2016

Tipo de participación: Conferencista Invitado, *Carga horaria:* 10

Referencias adicionales: Argentina; *Nombre del evento:* Jornada de Bioestadística; *Nombre de la institución promotora:* Universidad Nacional del Litoral

Encuentro

Predicción Genómica en producción de carne bovina: ¿Vale la pena integrar aproximaciones bayesianas con machine learning? , 2015

Tipo de participación: Conferencista Invitado, *Carga horaria:* 30

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* III Jornadas de Estadística Aplicada; *Nombre de la institución promotora:* Centro Universitario Regional Este

Encuentro

Detección de genes ligados al autismo en dos líneas divergentes de codornices mediante el método de score local , 2014

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 27

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* II Jornadas de Estadística Aplicada; *Nombre de la institución promotora:* Polo de Desarrollo Universitario "Modelización y Análisis de Recursos Naturales" (MAREN), Centro Universitario de la Región Este (CURE), Rocha

Encuentro

Detección de genes ligados al autismo en dos líneas divergentes de codornices mediante el método de score local , 2014

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 30

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* II Jornadas de Estadística Aplicada; *Nombre de la institución promotora:* Centro Universitario Regional Este

Encuentro

hapFLK: A haplotype test for detecting selection signatures using data from multiple populations , 2012

Tipo de participación: Poster, *Carga horaria:* 15

Referencias adicionales: Francia; *Nombre del evento:* Journée de l'école doctorale SEVAB; *Nombre de la institución promotora:* SEVAB

Encuentro

Método estadístico de detección de selección, mediante clustering local de haplotipos. , 2010

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 24

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* III Jornadas de Ingeniería Matemática; *Nombre de la institución promotora:* Facultad de Ingeniería Udelar

Indicadores de producción

<i>Producción bibliográfica</i>	12
<i>Artículos publicados en revistas científicas</i>	5
Completo (Arbitrada)	5
<i>Artículos aceptados para publicación en revistas científicas</i>	1
Completo (Arbitrada)	1
<i>Trabajos en eventos</i>	6
Completo (Arbitrada)	1
Completo (No Arbitrada)	3
Resumen (No Arbitrada)	1
Resumen expandido (No Arbitrada)	1
<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>	2
<i>Productos tecnológicos</i>	0

<i>Procesos o técnicas</i>	0
<i>Trabajos técnicos</i>	0
<i>Otros tipos</i>	2
<i>Evaluaciones</i>	13
Evaluación de Eventos	3
Evaluación de Publicaciones	10
<i>Formación de RRHH</i>	3
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</i>	0
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</i>	3
Tesis/Monografía de grado	1
Otras tutorías/orientaciones	2

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores