



Curriculum Vitae

Hugo Mario NAYA MONTEVERDE



Actualizado: 28/04/2017

Publicado: 20/07/2017

Sistema Nacional de Investigadores

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información

Categorización actual: Nivel II

Ingreso al SNI: Activo(01/03/2009)



Evaluador perteneciente a comité,
participó en: 2013, 2014

Datos generales

Información de contacto

E-mail: naya@pasteur.edu.uy

Institución principal

Unidad de Bioinformática / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Uruguay

Dirección institucional

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

Teléfono: (+5982) 5220910

Fax: 5224185

E-mail/Web: naya@pasteur.edu.uy / www.pasteur.edu.uy

Formación

Formación concluida

Formación académica/Titulación

Posgrado

2000 - 2004

Doctorado

Doctorado en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

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

Título: Aspectos evolutivos del contenido en guanina y citosina (G+C) de los genomas procariotas

Tutor/es: Héctor Musto

Obtención del título: 2004

Becario de: Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay

Palabras clave: contenido GC; procariotas; evolución

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica Computacional

Grado

1995 - 1999

Grado

Licenciatura en Ciencias Biológicas

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

Título: Factores de corrección en extensión de lactancias

Tutor/es: Jorge Ignacio Urioste Aguerre

Obtención del título: 1999

Palabras clave: extensión de lactancias; genética lechera

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Mejoramiento Genético Animal

Formación complementaria

Postdoctorado

2005 - 2005

University of Wisconsin - Madison , Estados Unidos

Becario de: University of Wisconsin-Madison , Estados Unidos

Palabras clave: métodos Bayesianos MCMC; modelo filogenético

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

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética

Cuantitativa

2004 - 2004

Stazione Zoológica de Napoli , Italia

Palabras clave: contenido G+C

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

Construcción institucional

Idiomas

Español

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

Francés

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

Inglés

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

Portugués

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

Areas de actuación

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Bioinformática

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Genómica Computacional

Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Actuación Profesional

Cargos desempeñados actualmente

Desde: 01/2006

Responsable de la Unidad de Bioinformática , (/ Dedicación total) , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Desde: 10/2013

Area Biología, Docente Grado 4 , (60 horas semanales) , Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay

Desde: 11/2011

Profesor Agregado , (Docente Grado 4 Titular, 5 horas semanales) , Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay

Desde: 03/2012

Profesor titular , (4 horas semanales) , Universidad ORT Uruguay - Facultad de Ingeniería , Uruguay

Desde: 06/2012

Profesor Visitante Especial , (5 horas semanales) , Universidade Federal da Bahia , Brasil

Institut Pasteur de Montevideo , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Vínculos con la institución

01/2006 - Actual, *Vínculo:* Responsable de la Unidad de Bioinformática, / Dedicación total)

Actividades

06/2012 - Actual

Líneas de Investigación , Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática
Análisis transcripcional en Leptospiras formadoras de biofilms , Coordinador o Responsable

06/2012 - 09/2012

Docencia , Maestría

Bioinformática I (Algorítmica en Bioinformática) , Responsable , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

06/2011 - 09/2011

Docencia , Maestría

Bioinformática I (Algorítmica en Bioinformática) , Responsable , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

03/2011 - 05/2011

Docencia , Maestría

Introducción a la Genética Cuantitativa , Organizador/Coordinador , CP - FAgro

10/2010 - 12/2010

Docencia , Maestría

Taller de Bioinformática , Responsable , PEDECIBA - Maestría en Bioinformática

06/2010 - 09/2010

Docencia , Maestría

Bioinformática I (Algorítmica en Bioinformática) , Responsable , Maestría por PEDECIBA

03/2010 - 05/2010

Docencia , Maestría

Introducción a los Modelos Lineales en Genética Cuantitativa , Responsable , CP - FAgro

10/2009 - 12/2009

Docencia , Maestría

Taller de Bioinformática , Responsable , PEDECIBA

08/2009 - 10/2009

Docencia , Maestría

Bases de la Genética Cuantitativa , Organizador/Coordinador , CP - FAgro

09/2008 - 11/2008

Docencia , Maestría

Introducción a la Genómica Computacional , Organizador/Coordinador , Maestría en Ciencias Biológicas (PEDECIBA)

08/2007 - 11/2007

Docencia , Maestría

Introducción a la Genómica Computacional , Organizador/Coordinador , PEDECIBA

06/2007 - 07/2007

Docencia , Maestría

Introducción a la programación de aplicaciones bioinformáticas en bash , Responsable , Maestría en Ciencias Biológicas (PEDECIBA)

05/2007 - 06/2007

Docencia , Maestría

Linear Models in Quantitative Genetics , Responsable , CP - FAgro

06/2008 - 07/2008

Docencia , Doctorado

Advanced Course on Bioinformatics and Comparative Genome Analysis , Organizador/Coordinador , EMBO

05/2008 - 06/2008

Docencia , Doctorado

Alineamiento de secuencias , Responsable , INTA

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores

05/2008 - 05/2008

Docencia , Doctorado

Alineamiento de secuencias , Responsable , INTA

04/2007 - 04/2007

Docencia , Doctorado

Herramientas bioinformáticas para genómica comparativa de procariotas , Responsable , INTA

04/2007 - 04/2007

Docencia , Doctorado

Herramientas bioinformáticas para genómica comparativa de procariotas , INTA

06/2006 - 06/2006

Docencia , Doctorado

The first joint Pasteur/Wellcome Trust course on genomics in South America

04/2011 - 04/2011

Otra actividad técnico-científica relevante

Escuela Latinoamericana de Genética Humana (Caxias do Sul - Brasil)

11/2007 - 11/2007

Otra actividad técnico-científica relevante

“Third Meeting STIC-AMSUD”, Taller de Bioinformática y Sistemas de Información Biológica”

11/2014 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Strengthening technical and human capacities for genomic services exports (URUGENOMES) , Coordinador o Responsable

01/2007 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Unidad de Bioinformática

Generación de capacidad de anotación de genomas , Integrante del Equipo

02/2013 - 02/2015

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Análisis transcripcional en Leptospiras formadoras de biofilms

01/2008 - 01/2010

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Unidad de Bioinformática

High-Content High-Throughput Flow cytometry: Development of a multi-application technical platform , Coordinador o Responsable

01/2008 - 01/2009

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Unidad de Bioinformática

Data Quality Management for Model Improvement in GWAS , Coordinador o Responsable

01/2007 - 01/2009

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Unidad de Bioinformática

Merging, InduCing and Reasoning with Ontologies in BIOinformatics – The MICROBIO Project , Integrante del Equipo

01/2007 - 01/2009

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Desarrollo de capacidades bioinformáticas en el área de anotación genómica

01/2007 - 07/2008

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Institut Pasteur de Montevideo , Unidad de Bioinformática

Dominancia de un único genotipo de especies apomícticas: deriva genética o genotipos generalistas en Paspalum dilatatum

10/2005 - 11/2005

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Institut Pasteur de Montevideo

Análisis de herramientas informáticas disponibles para la implementación de un LIMS en el IP - Montevideo

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay

Vínculos con la institución

10/2013 - Actual, *Vínculo: Area Biología, Docente Grado 4, (60 horas semanales)*

Actividades

03/2000 - 12/2005

Docencia , Maestría

Genómica e introducción a las herramientas de bioinformática , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

03/2000 - 12/2005

Docencia , Maestría

Genética molecular, aspectos básicos y aplicados , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

06/2007 - 07/2007

Docencia , Doctorado

Introducción a la programación de aplicaciones bioinformáticas en bash , Ciencias Biológicas

08/2006 - 11/2006

Docencia , Doctorado

Introducción a la Genómica Computacional , Ciencias Biológicas

02/2010 - Actual

Gestión Académica , Maestría en Bioinformática

Coordinador

04/2009 - Actual

Gestión Académica , PEDECIBA

Consejo Científico del Área Biología (Suplente)

03/2009 - 02/2010

Gestión Académica , Maestría en Bioinformática

Coordinador alternativo

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

Vínculos con la institución

11/2001 - 12/2006, *Vínculo: Asistente. Grupo Mejoramiento Genético Animal, (40 horas semanales)*

11/2011 - Actual, *Vínculo: Profesor Agregado, Docente Grado 4 Titular, (5 horas semanales)*

Actividades

11/2011 - Actual

Líneas de Investigación

Genómica Cuantitativa , Coordinador o Responsable

03/2001 - 12/2005

Docencia , Grado

Zootecnia

03/2001 - 12/2005

Docencia , Grado

Mejoramiento Genético en Bovinos de Carne. EEMAC

03/2001 - 12/2005

Docencia , Grado

Bovinos de Carne. EEMAC

03/2012 - 05/2012

Docencia , Maestría

Introducción a los Modelos Lineales en Genética Cuantitativa , Organizador/Coordinador , Maestría en Ciencia Animal

01/2003 - 03/2004

Capacitación/Entrenamientos dictados , Facultad de Agronomía , Departamento de Producción Animal y Pasturas
Descripción de diferentes tipos de pigmentación en la zona del vellón y no vellón en una majada experimental Corriedale

03/2004 - Actual

Gestión Académica , Colegio de Posgrados
Miembro

03/2005 - 03/2008

Proyectos de Investigación y Desarrollo , PDT
Disminución de fibras pigmentadas en Corriedale por vías genéticas , Integrante del Equipo

03/2002 - 03/2004

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Facultad de Agronomía - Facultad de Veterinaria. CSIC
Fibras coloreadas en Corriedale , Integrante del Equipo

03/2002 - 03/2004

Proyectos de Investigación y Desarrollo , ARU - SCAAU - Fac. Agronomía - INIA
Evaluación genética de reproductores ABERDEEN ANGUS

01/2002 - 12/2002

Proyectos de Investigación y Desarrollo , ARU - SCHU - Fac. Agronomía - INML - INIA
Mejoras al modelo de evaluación de leche en la raza Holando en Uruguay, corrección por heterogeneidad de varianzas , Integrante del Equipo

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

[Vínculos con la institución](#)

05/2000 - 07/2000, *Vínculo:* Asist. Lab Org. y Evolución del Genoma, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

Actividades

03/2000 - 12/2003

Docencia , Grado
Biología Molecular

08/2002 - 09/2002

Pasantías , Univ. Pierre et Marie Curie, Paris VI , Atelier Bio Informatique
Pasantía

06/2006 - 06/2008

Proyectos de Investigación y Desarrollo , PDT
Dinámica evolutiva de la maquinaria traduccional de nuevos aminoácidos , Integrante del Equipo

01/2001 - 12/2001

Proyectos de Investigación y Desarrollo , Laboratorio de Organización y Evolución del Genoma. DINACYT
Estudio sobre la relación entre el contenido en GC genómico y la respiración aerobia y anaerobia en organismos procariotas y eucariotas

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

[Vínculos con la institución](#)

03/2012 - Actual, *Vínculo:* Profesor titular, (4 horas semanales)

Actividades

03/2012 - Actual

Docencia , Grado
Bioinformática I , Licenciatura en Biotecnología

07/2012 - 08/2012

Docencia , Grado
Bioinformática II , Licenciatura en Biotecnología

Vínculos con la institución

06/2012 - Actual, Vínculo: *Profesor Visitante Especial, (5 horas semanales)*

Actividades

03/2012 - Actual

Líneas de Investigación , UFBA-Salvador , Instituto de Biología

Formación de biofilms en Leptospiras , Integrante del Equipo

11/2012 - 11/2012

Docencia , Especialización

Ferramentas bioinformáticas para análises de expressão gênica , Responsable , Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade

06/2013 - 06/2013

Docencia , Perfeccionamiento

INTRODUÇÃO À BIOINFORMÁTICA PARA ANÁLISE DE GENOMAS DE PROCARIOTOS , Responsable , Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade

10/2014 - 11/2014

Docencia , Doctorado

Curso Teórico-Prático em Genômica e Evolução , Responsable , Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade

10/2013 - 11/2013

Docencia , Doctorado

BIOINFORMÁTICA PARA ANÁLISE DE GENOMAS DE PROCARIOTOS , Responsable , Programa de pós-graduação em genética e biodiversidade

Lineas de investigación

Título: Análisis transcripcional en Leptospiras formadoras de biofilms

Tipo de participación: Coordinador o Responsable

Objetivo: La leptospirosis es una infección causada por diferentes especies del género *Leptospira*. Es una enfermedad endémica que afecta a humanos y animales de producción. Recientemente, se describió la capacidad formadora de biofilms en diferentes cepas de *Leptospira*. Esta capacidad es un reconocido factor de virulencia en muchas especies bacterianas, de las cuales se conocen casi en su mayoría los mecanismos genéticos involucrados en el desarrollo de este fenotipo. Sin embargo, en *Leptospira* la identidad y función de los genes involucrados en la formación de biofilms es prácticamente desconocida. Haciendo uso de herramientas de genómica comparativa y de la gran cantidad de información genómica que recientemente ha sido generada para diversas cepas de *Leptospira*, determinaremos el conjunto de genes asociados a la formación de biofilms. Además, mediante secuenciación masiva del transcriptoma, determinaremos el perfil de expresión de genes en diferentes etapas de formación de biofilms. Esta aproximación brindará información acerca de la funcionalidad de los genes responsables de la generación de este fenotipo y permitirá encontrar nuevos genes involucrados. Finalmente, la información obtenida será utilizada para reconstruir las vías metabólicas más importantes relacionadas a la formación de biofilms en *Leptospira* y compararla con otras especies bacterianas, lo que proporcionará información acerca de la evolución de los determinantes genéticos de este factor de virulencia. Los resultados de este Proyecto tendrán gran impacto en el conocimiento de las bases genéticas de la leptospirosis, el cual en un futuro podrá ser utilizado para mejorar los métodos terapéuticos y planes de contingencia de la enfermedad.

Sistema Nacional de Investigadores

Equipos: Lucía Spangenberg(Integrante); Gregorio Iraola(Integrante); Paula Ristow(Integrante)

Palabras clave: Leptospira; Biofilms; Transcriptómica

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Genómica funcional

Título: Formación de biofilms en Leptospiras

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: La leptospirosis es una infección causada por diferentes especies del género *Leptospira*. Es una enfermedad endémica que afecta a humanos y animales de producción. Recientemente, se describió la capacidad formadora de biofilms en diferentes cepas de *Leptospira*. Esta capacidad es un reconocido factor de virulencia en muchas especies bacterianas, de las cuales se conocen casi en su mayoría los mecanismos genéticos involucrados en el desarrollo de este fenotipo. Sin embargo, en *Leptospira* la identidad y función de los genes involucrados en la formación de biofilms es prácticamente desconocida. Haciendo uso de herramientas de genómica comparativa y de la gran cantidad de información genómica que recientemente ha sido generada para diversas cepas de *Leptospira*, procuramos determinar el conjunto de genes asociados a la formación de biofilms. El conocimiento de los genes que son diferencialmente expresados durante la formación de biofilms en leptospiras tendrá implicaciones importantes en el conocimiento de los mecanismos que confieren el fenotipo patogénico, además de aportar información básica acerca de las bases moleculares implicadas en la formación de biofilms bacterianos. También puede tener derivaciones en el desarrollo de biotecnologías, a través del desarrollo de nuevas estrategias de inmunoprotección y biofarmacológicas.

Equipos: Lucía Spangenberg(Integrante); Gregorio Iraola(Integrante); Paula Ristow(Integrante)

Palabras clave: Leptospira; Biofilms

Título: Genómica Cuantitativa

Tipo de participación: Coordinador o Responsable

Objetivo: La línea de trabajo que comenzamos a desarrollar pretende incorporar el uso de información genómica en la selección de animales domésticos. Para ello se trabaja en las metodologías que permiten el uso de la información obtenida a través de las tecnologías de marcadores densos (SNPs) o de secuenciación masiva. Al mismo tiempo se desarrolla la formación de un grupo especializado en bioinformática de animales domésticos.

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genómica funcional

Proyectos

2002 - Actual

Título: Evaluación genética de reproductores ABERDEEN ANGUS,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Equipo: Jorge Urioste(Responsable)

Financiadores: Otra institución nacional / Apoyo financiero

2007 - Actual

Título: Generación de capacidad de anotación de genomas, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo

Tipo: Investigación

Alumnos:

Financiadores: Otra institución nacional / Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias / Apoyo financiero

2014 - Actual

Título: Strengthening technical and human capacities for genomic services exports (URUGENOMES), *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable, *Descripción:* The general objective of the project is to develop local capacity in Uruguay for the analysis of human genomic sequences, both in research and support for genomic medicine and scientific development of new products and technologies. The project will have two main components: (i) the strengthening of human capacities, and; (ii) the sequencing and analysis of human genomes in Uruguay. Component I: Strengthening Human Capacities in Uruguay for genomic services exports. The goal of this component is the formation of a group of researchers, whose training will end in a specialization in human genomics, and whom will form the core group of a new multidisciplinary laboratory on human genome based at IP Montevideo in Uruguay. This group of highly qualified technologists will be composed by graduate students (preferably PhDs) and recent postdocs with extensive expertise in genomics, bioinformatics, human genetics, population, quantitative, biological anthropology, biostatistics or other disciplines related to human genomics. In a first stage, each member of the core group will have an individual training plan comprised by general courses to be taken in Uruguay, so as to allow a leveling base that will ensure the success of a second stage, in which the researchers will participate in a set of specific tailored-made courses on the latest advances in human genomics and personalized medicine in South Korea. It is expected that this core group will in turn train at least 50 other students and technologists from Uruguay in the areas of bioinformatics, genomics and personalized medicine, as well as 15 researchers from the Latin American region. Component II: Sequencing of Human Genomes for genomic services exports. The goal of this component is to produce scientific and technical advancements in the sequencing and analysis of 80 human genomes, which will generate genome information able to unveil ancestral origins of both Amerindian and African ancestry in Uruguay, as well as to generate a series of scientific results in personalized medicine and lung cancer genomics and treatment that will be groundbreaking for the development of the field in the country. This component will be divided in 3 different stages; 1) Ancestry Sequencing Program (8 months): In this first stage, there will be a characterization at the genomic level of key individuals with (admixed) Amerindian and African ancestry in Uruguay. In this stage, a number of 20 genomes will be sequenced and the bioinformatics analysis will be performed at the IP Montevideo; 2) General Uruguayan Population Sequencing (12 months). During this second stage, the pilot-sequencing program will be extended to 30 more genomes using the validated protocols from the first stage, but now with the aim of covering the genomic variability of the whole country; 3) Genome Sequencing Medical Interest (12 months): In this third and final stage, a comprehensive program for medical genomics will be established, starting with the sequencing of 30 additional genomes, targeting cases with medical interest and high impact in Uruguay. These genomes will be solved with a much higher coverage in order to include low frequency variants

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Lucía Spangenberg(Integrante); Carlos Robello(Integrante); María Inés Fariello(Integrante)

Palabras clave: Genoma Humano; Antropología genética; Genómica médica

Áreas 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 / Genética y Herencia / Genómica evolutiva

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica médica

2001 - 2001

Título: Estudio sobre la relación entre el contenido en GC genómico y la respiración aerobia y anaerobia en organismos procariotas y eucariotas,

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Héctor Musto(Responsable); Héctor Romero(Integrante)

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

2002 - 2002

Título: Mejoras al modelo de evaluación de leche en la raza Holando en Uruguay, corrección por heterogeneidad de varianzas, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Equipo: Jorge Urioste(Responsable)

Financiadores: Otra institución nacional / Apoyo financiero

2002 - 2004

Título: Fibras coloreadas en Corriedale, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Roberto Kremer(Responsable); Jorge Urioste(Responsable)

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

2005 - 2005

Título: Análisis de herramientas informáticas disponibles para la implementación de un LIMS en el IP - Montevideo, *Descripción:* Estudio de diferentes alternativas para la implementación de un sistema de manejo de la información de laboratorio en el Institut Pasteur de Montevideo

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Financiadores: Otra institución nacional / Institut Pasteur de Montevideo / Remuneración

2006 - 2008

Título: Dinámica evolutiva de la maquinaria traduccional de nuevos aminoácidos, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Héctor Romero(Responsable); Martín Graña(Integrante)

Financiadores: DINACYT/DICYT/CONICYT / Apoyo financiero

2005 - 2008

Título: Disminución de fibras pigmentadas en Corriedale por vías genéticas, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Investigación

Alumnos: 1(Pregrado), 1(Maestría/Magister),

Equipo: Roberto Kremer(Responsable); Jorge Urioste(Responsable)

Financiadores: DINACYT/DICYT/CONICYT / Apoyo financiero

2007 - 2008

Título: Dominancia de un único genotipo de especies apomícticas: deriva genética o genotipos generalistas en *Paspalum dilatatum*,

Tipo: Desarrollo

Alumnos: 1(Pregrado),

Equipo: Pablo Speranza(Responsable)

Financiadores: DINACYT/DICYT/CONICYT / Apoyo financiero

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores

2008 - 2009

Título: Data Quality Management for Model Improvement in GWAS, *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable,

Tipo: Investigación

Alumnos: 1(Maestría/Magister),

Equipo: Raúl Ruggia(Responsable)

Financiadores: Institución del exterior / Microsoft Research / Apoyo financiero

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

2007 - 2009

Título: Desarrollo de capacidades bioinformáticas en el área de anotación genómica,

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Fernando Alvarez-Valín(Responsable); Fabián Capdevielle(Integrante)

Financiadores: Otra institución nacional / Apoyo financiero

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Anotación Genómica

2007 - 2009

Título: Merging, InduCing and Reasoning with Ontologies in BIOinformatics – The MICROBIO Project, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Financiadores: Otra institución nacional / STIC-Amsud Pasteur / Apoyo financiero

2008 - 2010

Título: High-Content High-Throughput Flow cytometry: Development of a multi-application technical platform, *Tipo de participación:* Coordinador o Responsable,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Equipo: Jean Michel García(Responsable); Pierre-Olivier Vidalain (Responsable); Amadou Sall(Responsable)

Financiadores: Institución del exterior / Institut Pasteur / Apoyo financiero

2013 - 2015

Título: Análisis transcripcional en Leptospiras formadoras de biofilms,

Tipo: Investigación

Alumnos: 2(Pregrado), 1(Maestría/Magister),

Equipo: Lucía Spangenberg(Integrante); Gregorio Iraola(Integrante); Paula Ristow(Integrante)

Financiadores: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

Palabras clave: Biofilms; Transcriptómica; Leptospira

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Microbiología

Producción científica/tecnológica

Nuestra área de trabajo se centra en el análisis de datos biológicos. Las nuevas tecnologías en el área de biología molecular han llevado a enormes desafíos en el manejo de la información, producto del volumen de la misma y su heterogeneidad. En este contexto, los métodos de análisis y de integración de la información constituyen un área muy activa de la biología computacional. En particular, resulta de nuestro interés la información generada mediante chips de SNPs de alta densidad, los métodos de análisis de estos datos, el tratamiento de los datos faltantes, el registro de metadatos y posibilidades de integración de diferentes estudios a través de propiedades de calidad definidas sobre los mismos. Otras áreas de trabajo incluyen análisis de datos en Citometría de Flujo de Alto Rendimiento, y genómica funcional, particularmente algoritmos de predicción de genes blanco para microRNAs. Una línea de trabajo relativamente marginal, involucra la genómica evolutiva. Parte importante de nuestro trabajo anterior consistió en la búsqueda de posible factores eco-fisiológicos que afectan el contenido G+C de los organismos procariontas. En este sentido, mostramos la asociación existente entre aerobiosis y alto contenido G+C y aportamos tres posibles hipótesis seleccionistas que los podrían estar explicando. Contribuimos además con algunos manuscritos al debate alrededor de la importancia de la temperatura óptima de crecimiento en el contenido G+C de los procariontas, tanto a nivel general como de algún grupo específico. En este contexto, en lo metodológico, aportamos el modelo mixto filogenético

bayesiano como forma de estimar correlaciones filogenéticas entre caracteres, además de la estimación de la incidencia de otros factores evolutivos. Otros aportes en esta línea de trabajo incluyen análisis composicionales de genomas particulares, la descripción de posibles artefactos metodológicos y dos métodos para predecir el contenido G+C genómico en procariontes a partir de una muestra de genes. Otros trabajos comprenden el análisis de información y estimación de parámetros genéticos en el área de mejoramiento genético animal. En particular, recientemente describimos y comparamos el uso de modelos Poisson y Poisson con Exceso de Ceros (ZIP) en el modelado del número de lunares en ovinos como variable Proxym del número de fibras pigmentadas por animal. A pesar de la dificultad en el tratamiento genético/estadístico del número de lunares su medición es mucho más sencilla y barata que la medición del número de fibras por lo que podría integrarse fácilmente en programas de mejora. En la actualidad, como responsable de la Unidad de Bioinformática del Institut Pasteur de Montevideo, nuestras responsabilidades incluyen brindar servicios en bioinformática a la comunidad científica y especialmente el análisis de datos de las plataformas de microarrays y secuenciación masiva. Recientemente comenzamos a ejecutar (como responsable del mismo) el proyecto Genoma Humano Uruguay (URUGENOMES), el que tiene como objetivos el desarrollo de capacidades nacionales en el área de genómica humana, tanto a nivel de antropología biológica como en el área de genómica médica. Al mismo tiempo, intensificamos nuestro trabajo en genómica de patógenos bacterianos, desarrollando métodos de predicción y evolución de la patogenicidad.

Producción bibliográfica

Artículos publicados

Arbitrados

Completo

LUNA F; NAYA H; NAYA DE

Understanding evolutionary variation in basal metabolic rate: An analysis in subterranean rodents. *Comparative Biochemistry and Physiology A-Molecular and Integrative Physiology*, v.: 206, p.: 87 - 94, 2017

Palabras clave: basal metabolic rate; subterranean rodents

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 10956433 ; DOI: 10.1016/j.cbpa.2017.02.002



SCOPUS



Completo

DALLAGIOVANNA B; PEREIRA IT; ORIGA-ALVES AC; SHIGUNOV P; NAYA H; SPANGENBERG L

lncRNAs are associated with polysomes during adipose-derived stem cell differentiation. *Gene*, v.: 610, p.: 103 - 111, 2017

Palabras clave: long non-coding RNA ; polysomes; adipose-derived

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 03781119 ; DOI: 10.1016/j.gene.2017.02.004



SCOPUS



Completo

NAYA H; PEÑAGARICANO F; URIOSTE JI

Modelling female fertility traits in beef cattle using linear and non-linear models. *Journal of Animal Breeding and Genetics (E)*, 2017

Palabras clave: beef cattle fertility; non-linear models

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 14390388

Completo

NAYA DE; NAYA H; LESSA EP

Brain size and thermoregulation during the evolution of the genus Homo. Comparative Biochemistry and Physiology A-Molecular and Integrative Physiology, 2016

Palabras clave: brain size; themoregulation; Homo sapiens

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 10956433 ; DOI: 10.1016/j.cbpa.2015.09.017



SCOPUS



Completo

IRAOLA G; SPANGENBERG L; LOPES-BASTOS B; GRAÑA M; VASCONCELOS L; ALMEIDA A; GREIF G; ROBELLO C; RISTOW P; NAYA H

Transcriptome sequencing reveals wide expression reprogramming of basal and unknown genes in Leptospira biflexa biofilms. mSphere, 2016

Palabras clave: Leptospira biflexa; Transcriptomics

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 23795042 ; DOI: 10.1128/mSphere.00042-16

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

SPANGENBERG L; GRAÑA M; GREIF G; SUAREZ-RIVERO JM; KRYSZTAL K; TAPIÉ A; BOIDI M; FRAGA V; LEMES A; GUEÇAIMBURÚ R; CERISOLA A; SÁNCHEZ-ALCÁZAR JA ; ROBELLO C; RAGGIO V; NAYA H

3697G>A in MT-ND1 is a causative mutation in mitochondrial diseases. Mitochondrion, v.: 28, p.: 54 - 59, 2016

Palabras clave: mitochondrial genome; MT-ND1; 3697G>A

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica médica

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



SCOPUS



Completo

PICCIRILLO A; NIERO G; CALLEROS L; PEREZ R; NAYA H; IRAOLA G

Campylobacter geochelonis sp. nov. isolated from the western Hermann's tortoise (Testudo hermanni hermanni). International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (E), 2016

Palabras clave: Campylobacter geochelonis; systematic microbiology

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 14665034 ; DOI: 10.1099/ijsem.0.001219



Completo

GIANOLA D; FARIELLO MI; NAYA H; SCHÖN CC

Genome-wide association studies with a genomic relationship matrix: a case study with wheat and Arabidopsis. G3: Genes | Genomes | Genetics , v.: 6 10, p.: 3241 - 3256, 2016

Palabras clave: GWAS; Relationship matrix

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 21601836 ; DOI: 10.1534/g3.116.034256



SCOPUS



Completo

DE LOS CAMPOS G; GIANOLA D; TORO MA; NAYA H; SCHÖN CC; SORENSEN D

Do Molecular Markers Inform About Pleiotropy?. Genetics, 2015

Palabras clave: GWAS; Pleiotropy; Molecular Markers

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00166731 ; DOI: pii:genetics.115.179978



Completo

FERNANDEZ-CALERO T; GARCÍA-SILVA MR; PENA A; ROBELLO C; PERSSON H; ROVIRA C; NAYA H; CAYOTA A

Profiling of small RNA cargo of extracellular vesicles shed by Trypanosoma cruzi reveals a specific extracellular signature. Molecular and Biochemical Parasitology, 2015

Palabras clave: Trypanosoma cruzi; small RNAs; extracellular vesicles

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 01666851 ; DOI: 10.1016/j.molbiopara.2015.03.003



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

LASERRE M; BERNÁ L; GREIF G; DÍAZ-VIRAQUÉ F; IRAOLA G; NAYA H; CASTRO-RAMOS M; JUANBELTZ A; ROBELLO C

Whole-Genome Sequences of Mycobacterium bovis Strain MbURU-001, Isolated from Fresh Bovine Infected Samples. Genome Announcements, 2015

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Microbiología genómica

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA.01237-15



Completo

GUTIERREZ V; REGO N; NAYA H; GARCÍA G

First complete mitochondrial genome of the South American annual fish Austrolebias charrua (Cyprinodontiformes: Rivulidae): peculiar features among cyprinodontiforms mitogenomes. BMC Genomics, 2015

Palabras clave: mitochondrial genome; Austrolebias charrua; Cyprinodontiformes

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 14712164 ; DOI: 10.1186/s12864-015-2090-3



Completo

SANCHEZ AL; URIOSTE JI; PEÑAGARICANO F; NEIMAUR K; SIENRA I; NAYA H; KREMER R

Genetic parameters of objectionable fibers and of their associations with fleece traits in Corriedale sheep. Journal of Animal Science, 2015

Palabras clave: fibras pigmentadas; Corriedale sheeps

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 00218812 ; DOI: 10.2527/jas.2015-9619



Completo

TOSAR ROVIRA JP; ROVIRA C; NAYA H; CAYOTA A

Mining of public sequencing datasets supports a non-dietary origin for putative foreign miRNAs: underestimated effects of contamination in NGS. RNA (New York, N.Y.), 2014

Palabras clave: microRNAs

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica funcional

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 13558382



Completo

GREIF G; IRAOLA G; BERNÁ L; COITINHO C; RIVAS CM; NAYA H; ROBELLO C

Complete genome sequence of Mycobacterium tuberculosis strain MtURU-001, isolated from a rapidly progressing outbreak in Uruguay. Genome Announcements, v.: 2 1, 2014

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis; complete genome

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica evolutiva

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Microbiología

ISSN: 21698287

<http://genomea.asm.org/content/2/1/e01220-13.full>

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

LAPORTA J; ROSA GJM; NAYA H; CARRIQUIRY M

Liver functional genomics in beef cows on grazing systems: novel genes and pathways revealed. Physiological Genomics, v.: 46 4, p.: 138 - 147, 2014

Palabras clave: Microarrays; liver functional genomics; cows

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Nutrición

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 10948341



Completo

GARCÍA-SILVA MR; DAS NEVES RF; CABRERA-CABRERA F; SANGUINETTI J; MEDEIROS LC; ROBELLO C; NAYA H; FERNANDEZ-CALERO T; SOUTO-PADRON T; DE SOUZA W; CAYOTA A

Extracellular vesicles shed by Trypanosoma cruzi are linked to small RNA pathways, life cycle regulation, and susceptibility to infection of mammalian cells. Parasitology Research, v.: 113 1, p.: 285 - 304, 2014

Palabras clave: Trypanosoma cruzi; small RNAs

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 09320113



Completo

PALACIOS F; ABREU C; PRIETO D; MORANDE P; RUIZ S; FERNANDEZ-CALERO T; NAYA H; LIBISCH G; ROBELLO C; LANDONI AI; GABUS R; DIGHIRO G; OPPEZZO P

Activation of the PI3K/AKT pathway by microRNA-22 results in CLL B-cell proliferation. Leukemia, 2014

Palabras clave: microRNAs; CLL; Leukemia; PI3K/AKT pathway

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Ecofisiología

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 08876924 ; DOI: 10.1038/leu.2014.158



Completo

NAYA H; URIOSTE JI; PEÑAGARICANO F; LÓPEZ-CORREA R; KREMER R

Incidence and relationships of black skin spots in the fleece area and pigmentation traits in commercial Corriedale flocks. Small Ruminant Research, v.: 120 1, p.: 64 - 70, 2014

Palabras clave: Sheep pigmentation; spots; wool

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

ISSN: 09214488 ; DOI: 10.1016/j.smallrumres.2014.05.002

[http://www.smallruminantresearch.com/article/S0921-4488\(14\)00141-2/abstract](http://www.smallruminantresearch.com/article/S0921-4488(14)00141-2/abstract)



SCOPUS



Completo

ZYCH J; SPANGENBERG L; STIMAMIGLIO M; ABUD AP; SHIGUNOV P; MARCHINI FK; KULIGOVSKY C; COFRÉ AR; SCHITTINI AV; AGUIAR AM; SENEGAGLIA A; BROFMAN PR; GOLDENBERG S; DALLAGIOVANNA B; NAYA H; CORREA A

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, v.: 23 22, p.: 2791 - 2802, 2014

Palabras clave: stem cells; polysomes

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genómica funcional

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 15473287 ; DOI: 10.1089/scd.2013.0496



SCOPUS



Completo

BERNÁ L; IRAOLA G; GREIF G; COITINHO C; RIVAS CM; NAYA H; ROBELLO C

Whole Genome Sequencing of an isoniazid resistant clinical isolate of Mycobacterium tuberculosis Strain MtURU-002 from Uruguay. Genome Announcements, v.: 2 4, 2014

Palabras clave: Mycobacterium tuberculosis; isoniazid resistance

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Microbiología

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Genómica evolutiva

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA.00655-14



Completo

IRAOLA G; PEREZ R; NAYA H; PAOLICCHI F; PASTOR E; VALENZUELA S; CALLEROS L; VELILLA A; HERNANDEZ M; MORSELLA C

Genomic evidences for the emergence and evolution of pathogenicity and niche preferences in the genus Campylobacter. Genome Biology and Evolution, 2014

Palabras clave: Campylobacter; pathogenicity evolution

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 17596653 ; DOI: 10.1093/gbe/evu195



SCOPUS



Completo

BOZINOVIC F; FERRI-YÁÑEZ FRANCISCO ; NAYA H; ARAÚJO MB; NAYA DE

Thermal tolerances in rodents: species that evolved in cold climates exhibit a wider thermoneutral zone. Evolutionary Ecology Research, v.: 16, 2014

Palabras clave: Thermal tolerance; rodents

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 15220613



SCOPUS

Completo

NAYA DE; SPANGENBERG L; NAYA H; BOZINOVIC F

Thermal conductance and basal metabolic rate are part of a coordinated system for heat transfer regulation. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, v.: 280 1767, 2013

Palabras clave: Thermal conductance; Metabolic rate

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 09628452 ; DOI: 10.1098/rspb.2013.1629



SCOPUS



Completo

SPANGENBERG L; CORREA A; DALLAGIOVANNA B; NAYA H

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

Palabras clave: microRNAs; alternative polyadenylation

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

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0075578>



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

IRAOLA G; PEREZ R; NAYA H; PAOLICCHI F; HARRIS D; LAWLEY TD; REGO N; HERNANDEZ M; CALLEROS L; CARRETTO L; VELILLA A; MORSELLA C; MENDEZ A; GIOFFRE A

Complete Genome Sequence of Campylobacter fetus subsp. venerealis Biovar Intermedius, Isolated from the Prepuce of a Bull. Genome Announcements, v.: 1 4, 2013

Palabras clave: Campylobacter fetus; complete genome

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: 21698287

Completo

SPANGENBERG L; SHIGUNOV P; ABUD AP; COFRÉ AR; STIMAMIGLIO M; KULIGOVSKY C; ZYCH J; SCHITTINI AV; COSTA AD; REBELATTO CK; BROFMAN PR; GOLDENBERG S; CORREA A; NAYA H; DALLAGIOVANNA B

Polysome profiling shows extensive posttranscriptional regulation during human adipocyte stem cell differentiation into adipocytes. Stem Cell Research, v.: 11 2, p.: 902 - 912, 2013

Palabras clave: Polysome profiling; posttranscriptional regulation; stem cells

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Genómica funcional

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 18735061



SCOPUS

Completo

FARIELLO MI; BOITARD S; NAYA H; SAN CRISTOBAL M; SERVIN B

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

Palabras clave: selection signatures

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00166731

SCOPUS

Completo

ESPASANDÍN AC; URIOSTE JI; NAYA H; ALENCAR MM

Genotype x Production Environment Interaction for Weaning Weight in Angus Populations of Brazil and Uruguay. *Livestock Science*, v.: 151 2, p.: 264 - 270, 2013

Palabras clave: Genotype x Environment interaction

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 18711413



SCOPUS

Completo

REGO N; BIANCHI S; MORENO P; PERSSON H; KVIST A; PENA A; OPPEZZO P; NAYA H; ROVIRA C; DIGHIERO G; PRITSCH O
Search for an aetiological virus candidate in chronic lymphocytic leukaemia by extensive transcriptome analysis. *British Journal of Haematology*, v.: 157 6, p.: 709 - 717, 2012

Palabras clave: Leukaemia; Transcritomic

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica funcional

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00071048 ; DOI: 10.1111/j.1365-2141.2012.09116.x



SCOPUS



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

NAYA DE; SPANGENBERG L; NAYA H; BOZINOVIC F

Latitudinal patterns in rodent metabolic flexibility. *American Naturalist*, v.: 179 6, p.: 179, 2012

Palabras clave: Metabolic flexibility

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00030147



SCOPUS

Completo

IRIARTE A; SANGUINETTI M; FERNANDEZ-CALERO T; NAYA H; RAMÓN A; MUSTO H

Translational selection on codon usage in the genus *Aspergillus*. *Gene*, 2012

Palabras clave: codon usage; *Aspergillus*

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 03781119



SCOPUS

Completo

IRAOLA G; VAZQUEZ G; SPANGENBERG L; NAYA H

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

Palabras clave: Human pathogens; Pathogenicity prediction

Áreas 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

TRUJILLO AI; PEÑAGARICANO F; GRIGNOLA MP; NICOLINI P; CASAL A; ESPASANDÍN AC; NAYA H; CARRIQUIRY M; CHILIBROSTE P

Using high resolution melting analysis to identify variation of NPY, LEP and IGF-1 genes in Angus cattle. *Livestock Science*, 2012

Palabras clave: Angus cattle; energy metabolism

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Ciencia Animal y Lechería / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 18711413



SCOPUS

Completo

NAYA DE; SPANGENBERG L; NAYA H; BOZINOVIC F

How does evolutionary variation in basal metabolic rates arise? A statistical assessment and a mechanistic model. *Evolution*, v.: 67 5, p.: 1463 - 1476, 2012

Palabras clave: Metabolic rate

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00143820



SCOPUS

Completo

PERSSON H; KVIST A; REGO N; STAAF J; VALLON-CHRISTERSSON J; LUTS L; LOMAN N; JONSSON G; NAYA H; HOGLUND M; BORG A; ROVIRA C

Identification of new microRNAs in paired normal and tumor breast tissue suggests a dual role for the ERBB2/Her2 gene. *Cancer Research*, v.: 71 1, p.: 78 - 76, 2011

Palabras clave: microRNAs; Breast Cancer

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00085472



SCOPUS

Completo

DUHAGON MA; SMIRCICH P; FORTEZA D; NAYA H; WILLIAMS N; GARAT B

Comparative genomic analysis of dinucleotide repeats in *TriTryps*. *Gene*, 2011

Palabras clave: *TriTryps*; dinucleotide repeats

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 03781119



SCOPUS

Completo

SPANGENBERG L; BATTKE F; GRAÑA M; NIESELT K; NAYA H

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

PEÑAGARICANO F; ZORRILLA P; NAYA H; ROBELLO C; URIOSTE JI

Gene expression analysis identifies new candidate genes associated with the development of black skin spots in Corriedale sheep. *Journal of Applied Genetics*, 2011

Palabras clave: black spots; gene expression; Corriedale sheeps

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genómica funcional

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 12341983



SCOPUS

Completo

GASCUE C; TAN PL; CARDENAS-RODRIGUEZ M; LIBISCH G; FERNANDEZ-CALERO T; LIU YP; ASTRADA S; ROBELLO C; NAYA H; KATSANIS N; BADANO JL

A Direct Role of Bardet-Biedl Syndrome Proteins in Transcriptional Regulation. *Journal of Cell Science*, 2011

Palabras clave: Bardet-Biedl

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00219533



Completo

GONZALEZ-RECIO O; WEIGEL K; GIANOLA D; NAYA H; ROSA GJM

L2-Boosting algorithm applied to high dimensional problems in genomic selection. *Genetical Research*, v.: 92, p.: 227 - 237, 2010

Palabras clave: dense markers; L2-boosting algorithm

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00166723



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

PEÑAGARICANO F; URIOSTE JI; NAYA H; DE LOS CAMPOS G; GIANOLA D

Assessment of Poisson, Probit and linear models for genetic analysis of presence and number of black spots in Corriedale sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics-Zeitschrift Für Tierzucht Und Zuchtungsbiologie*, 2010

Palabras clave: Generalized linear model; Black spots in Corriedale

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

ISSN: 09312668



Completo

BIANCHI S; MORENO P; LANDONI AI; NAYA H; OPPEZZO P; DIGHIERO G; GABUS R; PRITSCH O

Immunoglobulin heavy chain V-D-J gene rearrangement and mutational status in Uruguayan patients with chronic lymphocytic leukemia. *Leukemia and Lymphoma*, v.: 51 11, p.: 2070 - 2078, 2010

Palabras clave: Chronic Lymphocytic Leukemia

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 10428194



Completo

HAMON T; GRAÑA M; RAGGIO V; GRABAR N; NAYA H

Identification of relations between risk factors and their pathologies or health conditions by mining scientific literature. *MEDINFO 2010 Proceedings of the 13th World Congress on Medical and Health Informatics*, v.: 160, p.: 964 - 968, 2010

Palabras clave: Risk factors; Natural language processing

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

ISSN: 09269630 ; DOI: 10.3233/978-1-60750-588-4-964



Completo

GARCÍA JM; GAO A; HE PL; CHOI J; TANG W; BRUZZONE R; SCHWARTZ O; NAYA H; NAN FJ; LI J; ALTMAYER R; ZUO JP
High-throughput screening using pseudotyped lentiviral particles: a strategy for the identification of HIV-1 inhibitors in a cell-based assay. *Antiviral Research*, v.: 81 3, p.: 239 - 247, 2009

Palabras clave: HIV; Pseudotyped lentiviral particles; High-throughput screening; HTS; Cocktail library; NNRTI

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / HIV

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 01663542

http://www.elsevier.com/wps/find/journaldescription.cws_home/521852/description#description



SCOPUS

Completo

DE LOS CAMPOS G; NAYA H; GIANOLA D; CROSSA J; LEGARRA A; MANFREDI E; WEIGEL K; COTES JM

Predicting Quantitative Traits with Regression Models for Dense Molecular Markers and Pedigrees. Genetics, v.: 182, p.: 375 - 385, 2009

Palabras clave: dense markers

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Estadística

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00166731 ; DOI: 10.1534/genetics.109.101501

SCOPUS Sistema Nacional de Investigadores 

Completo

ROMERO H; PEREIRA E; NAYA H; MUSTO H

Oxygen and GC profiles in marine environments. *Journal of Molecular Evolution*, v.: 69, p.: 203 - 206, 2009

Palabras clave: aerobiosis; GC content; Metagenomics

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00222844 ; DOI: 10.1007/s00239-009-9230-9



SCOPUS



Completo

WEIGEL K; DE LOS CAMPOS G; GONZALEZ-RECIO O; NAYA H; WU XL; LONG N; ROSA GJM; GIANOLA D

"Predictive ability of direct genomic values for Lifetime Net Merit of Holstein sires using selected subsets of single nucleotide polymorphism markers. *Journal of Dairy Science*, v.: 92, p.: 5248 - 5257, 2009

Palabras clave: dense markers; predictive ability

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00220302



SCOPUS

Completo

SABBIA V; ROMERO H; MUSTO H; NAYA H

Composition profile of the human genome at the chromosome level. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, v.: 27, p.: 361 - 370, 2009

Palabras clave: human genome; compositional profile; GC content

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 07391102



SCOPUS

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

NAYA H; URIOSTE JI; CHANG YM; RODRIGUES-MOTTA M; KREMER R; GIANOLA D

A comparison between Poisson and Zero-inflated Poisson regression models with an application to number of black spots in Corriedale sheep. *Genetics Selection Evolution*, v.: 40, p.: 379 - 394, 2008

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 0999193X ; Idioma/Pais: Español/Francia



Completo

JUBANY S; TOMASCO I; PONCE DE LEÓN I; MEDINA K; CARRAU F; ARRAMBIDE N; NAYA H; GAGGERO C

Toward a global database for the molecular typing of *Saccharomyces cerevisiae* strains. *Fems Yeast Research*, v.: 8, p.: 472 - 484, 2008

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Biología Molecular
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 15671356 ; Idioma/Pais: Inglés/Inglaterra



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

MARTON S; GARCIA MR; ROBELLO C; PERSSON H; TRAJTENBERG F; PRITSCH O; ROVIRA C; NAYA H; DIGHIRO H; CAYOTA A

Small RNAs analysis in CLL reveals a deregulation of miRNA expression and novel miRNA candidates of putative relevance in CLL pathogenesis. Leukemia, v.: 22, p.: 330 - 338, 2008

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Genómica Funcional del Cáncer

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 08876924 ; Idioma/Pais: Inglés/Inglaterra



Completo

URIOSTE JI; CHANG YM; NAYA H; GIANOLA D

Genetic variability in calving success in Aberdeen Angus cows under extensive recording. *Animal*, v.: 1, p.: 1081 - 1088, 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 17517311 ; Idioma/Pais: Inglés/Inglaterra



Completo

SABBIA V; PIOVANI R; RODRÍGUEZ-MASEDA H; NAYA H; ROMERO H; MUSTO H

Trends of amino acid usage in the proteins from the human genome. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, v.: 25, p.: 55 - 59, 2007

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 07391102 ; Idioma/Pais: Inglés/Estados Unidos



Completo

MUSTO H; NAYA H; ZAVALA A; ROMERO H; ALVAREZ-VALIN F; BERNARDI G

Genomic GC level, optimal growth temperature, and genome size in prokaryotes.. Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 347 1, p.: 1 - 3, 2006

Palabras clave: prokaryotes; genome evolution; genome size; GC level; optimal growth temperature

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 0006291X ; Idioma/Pais: Inglés/Estados Unidos



Completo

NAYA H; GIANOLA D; ROMERO H; URIOSTE JI; MUSTO H

Inferring parameters shaping amino acid usage in prokaryotic genomes via Bayesian MCMC methods.. Molecular Biology and Evolution, v.: 23 1, p.: 203 - 211, 2006

Palabras clave: Bayesian methods; MCMC; amino acid usage; genome evolution; linear models; GC content

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

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 07374038 ; Idioma/Pais: Inglés/Estados Unidos



Completo

ZAVALA A; NAYA H; ROMERO H; SABBIA V; PIOVANI R; MUSTO H

Genomic GC content prediction in prokaryotes from a sample of genes.. Gene, v.: 357 2, p.: 137 - 143, 2005

Palabras clave: Genome; Bacteria; Estimator; Prediction

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

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 03781119 ; Idioma/Pais: Inglés/Holanda



Completo

MUSTO H; NAYA H; ZAVALA A; ROMERO H; ALVAREZ-VALIN F; BERNARDI G

The correlation between genomic G+C and optimal growth temperature of prokaryotes is robust: a reply to Marashi and Ghalanbor.. Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 330 2, p.: 357 - 360, 2005

Palabras clave: genome evolution; isochores; DNA thermodynamic stability

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 0006291X ; Idioma/Pais: Inglés/Estados Unidos



Completo

NAYA H; ZAVALA A; ROMERO H; RODRÍGUEZ-MASEDA H; MUSTO H

Correspondence analysis of amino acid usage within the family Bacillaceae.. Biochemical and Biophysical Research Communications, v.: 325 4, p.: 1252 - 1257, 2004

Palabras clave: optimal growth temperature; genomic GC; proteome; multivariate analysis; genome evolution

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 0006291X ; Idioma/Pais: Inglés/Estados Unidos



Completo

MUSTO H; NAYA H; ZAVALA A; ROMERO H; ALVAREZ-VALIN F; BERNARDI G

Correlations between genomic GC levels and optimal growth temperatures in prokaryotes.. Febs Letters, v.: 573 1 3, p.: 73 - 77, 2004

Palabras clave: genome evolution; isochores; DNA thermodynamic stability

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00145793 ; Idioma/Pais: Inglés/Holanda



Completo

NAYA H; ROMERO H; ZAVALA A; ALVAREZ B; MUSTO H

Aerobiosis increases the genomic guanine plus cytosine content (GC%) in prokaryotes.. Journal of Molecular Evolution, v.: 55 3, p.: 260 - 264, 2002

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00222844 ; Idioma/Pais: Inglés/Alemania



Sistema Nacional de Investigadores

Completo

ZAVALA A; NAYA H; ROMERO H; MUSTO H

Trends in codon and amino acid usage in Thermotoga maritima.. Journal of Molecular Evolution, v.: 54 5, p.: 563 - 568, 2002

Palabras clave: codon usage; amino acid usage; amino acid frequency; Thermotoga maritima; GC3 content

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00222844 ; Idioma/Pais: Inglés/Alemania



Completo

NAYA H; ROMERO H; CARELS N; ZAVALA A; MUSTO H

Translational selection shapes codon usage in the GC-rich genome of Chlamydomonas reinhardtii.. Febs Letters, v.: 501 2 3, p.: 127 - 130, 2001

Palabras clave: codon usage; translational selection; mutational bias; Chlamydomonas reinhardtii

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

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 00145793 ; Idioma/Pais: Inglés/Holanda



No Arbitrados

Completo

Sistema Nacional de Investigadores

REGO N; NAYA H; LAMOLLE G; ALVAREZ-VALIN F

Evolutionary and comparative genomics of leptospira. Electronic Journal of Communication Information and Innovation in Health, v.: 1 2, 2007

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

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 19816286 ; Idioma/Pais: Inglés/Brasil

Artículos aceptados

Trabajos en eventos

Resumen

VALENZUELA S; TORRES-DINI D; NAYA H

Base de datos del genero Eucalyptus; respuesta para garantizar su trazabilidad. , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , Balneario Solís , 2012

Palabras clave: Eucalyptus

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

Medio de divulgación: Papel;

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Apoyo financiero; Agencia Nacional de Investigación e

Innovación / Beca

Resumen

VALENZUELA S; TORRES-DINI D; CARRASCO-LETELIER L; NAYA H

Estudio metagenómico en suelos forestados con Eucalyptus , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB

Palabras clave: Metagenómica

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

Medio de divulgación: Papel;

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Apoyo financiero; Agencia Nacional de Investigación e

Innovación / Beca

Resumen

IRAOLA G; VAZQUEZ G; SPANGENBERG L; NAYA H

Predicción de patogenicidad bacteriana en humanos , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: patogenicidad

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

Medio de divulgación: Papel;

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Apoyo financiero; DINACYT/DICYT/CONICYT / Beca

Resumen

SPANGENBERG L; ABUD AP; SHIGUNOV P; COFRE A; KULIGOVSKY C; STIMAMIGLIO M; CORREA A; NAYA H; DALLAGIOVANNA B

Estudios bioinformáticos de la diferenciación de células madre mesenquimales con tecnologías de nueva generación , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: Células madre

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

Medio de divulgación: Papel;

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Apoyo financiero; Agencia Nacional de Investigación e

Innovación / Beca

Resumen

TOSAR ROVIRA JP; BONILLA B; SANGUINETTI J; NAYA H; CAYOTA A

¿Somos lo que comemos? ARNs pequeños de origen bacteriano, vegetal y animal presentan una amplia distribución en tejidos humanos , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: pequeños ARNs

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Biología celular

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

ALONSO N; ZORRILLA P; PEÑAGARICANO F; NAYA H; URIOSTE JI; ROBELLO C

Selección contra fibras pigmentadas en ovinos corriedale: estudio de la expresión de genes candidatos asociados a la melanogénesis , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: fibras pigmentadas

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

GARCÍA-SILVA MR; CABRERA-CABRERA F; SANGUINETTI J; GÜIDA MC; ROBELLO C; FERNANDEZ-CALERO T; NAYA H; CAYOTA A

Trypanosoma cruzi secreta microvesículas al medio con relevancia en la comunicación celular , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: Trypanosoma cruzi

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Biología celular

Medio de divulgación: Papel;

Sin financiamiento / Otra; No corresponde / Otra

Sistema Nacional de Investigadores

Resumen

NAYA DE; SPANGENBERG L; NAYA H; BOZINOVIC F

Un modelo para explicar la evolución reciente de la tasa metabólica basal , 2012

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la SUB , 2012

Palabras clave: tasa de metabolismo basal

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ecología / Ecofisiología

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

Resumen

MEGRAN D; NAYA H; PRITSCH O

Genes de inmunoglobulinas en el genoma bovino , 2012

Evento: Nacional , 2012

Palabras clave: inmunoglobulinas

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

MONTEVERDE S; DEL PINO A; PIAGGIO J; NAYA H

Impactos físicos en el suelo por cerdos en pastoreo , 2012

Evento: Nacional , 7as. Jornadas Técnicas de Veterinaria , 2011

Palabras clave: impacto físico en suelo; producción de cerdos a campo

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

SANCHEZ AL; URIOSTE JI; NAYA H; NEIMAUER K; SIENRA I; KREMER R

Correlaciones genéticas entre definiciones alternativas de fibras pigmentadas en ovinos corriedale , 2012

Evento: Regional , XXXVII Congreso de la Sociedad Chilena de Producción Animal , 2012

Palabras clave: fibras pigmentadas

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Comisión Sectorial de Investigación Científica - UDeLaR / Apoyo financiero

<http://www.sochipa.cl/congreso/ocs/index.php/congreso2012/Congreso2012/paper/view/40>

Resumen

NAYA H; REGO N

Something like a needle in a haystack: Search for an etiological virus candidate in chronic lymphocytic leukaemia by extensive transcriptome analysis , 2011

Evento: Regional , Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional , Córdoba , 2011

Palabras clave: Chronic Lymphocytic Leukemia ; Viral etiology; Next Generation Sequencing

Áreas 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

VALENZUELA S; SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H

Revisiting the GC content aerobiosis hypothesis , 2011

Evento: Regional , Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional , Córdoba , 2011

Palabras clave: aerobiosis; GC content; phylogenetic mixed model; bayesian model average

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

Medio de divulgación: Internet;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

ELÍAS WR; POCAY L; NAYA H

Process automation system for bioinformatics tasks using pipelines database , 2011

Evento: Regional , Conferencia de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional , Córdoba , 2011

Palabras clave: bioinformatics pipelines

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

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

MONTEVERDE S; DEL PINO A; PIAGGIO J; NAYA H

Metales pesados en la producción de cerdos a campo , 2011

Evento: Nacional , 7as. Jornadas Técnicas de Veterinaria , 2011

Palabras clave: metales pesados; producción de cerdos a campo

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

SANCHEZ AL; URIOSTE JI; PEÑAGARICANO F; NAYA H; NEIMAUER K; SIENRA I; KREMER R

Genetic parameter estimation of black spots and fleece traits in Corriedale sheep , 2011

Evento: Regional , XXXVI Congreso de la Sociedad Chilena de Producción Animal , Punta Arenas, Chile , 2011

Palabras clave: fibras pigmentadas

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Zootecnia

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Completo

HAMON T; GRAÑA M; RAGGIO V; GRABAR N; NAYA H

Identification of relations between risk factors and their pathologies or health conditions by mining scientific literature , 2010

Evento: Internacional , 13th World Congress on Medical and Health Informatics , Cape Town, South Africa , 2010

Palabras clave: Text mining

Áreas 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

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

PEÑAGARICANO F; URIOSTE JI; NAYA H; DE LOS CAMPOS G; GIANOLA D

Genetic Analysis of Black Spots in Corriedale Sheep Using Poisson, Probit and Linear Models , 2010

Evento: Internacional , 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. , Leipzig, Germany , 2010

Palabras clave: Generalized Linear Models; Dark spots in sheep

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel;

Financiación/Cooperación: Sin financiamiento / Otra

Resumen

SPANGENBERG L; REGO N; ROMERO H; NAYA H

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

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

Palabras clave: Comparative model

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

Medio de divulgación: CD-Rom;

Resumen

FERNANDEZ T; SPANGENBERG L; CHAPARRO A; REGO N; MARIN M; NAYA H

Understanding implications of tissue-specific codon usage in human , 2010

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

Palabras clave: codon usage

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

Medio de divulgación: CD-Rom;

Resumen

REGO N; GRAÑA M; LAMOLLE G; ALVAREZ-VALIN F; NAYA H

Lifestyle, gene repertory and base composition bias in spirochetes , 2010

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

Palabras clave: Leptospira; comparative genomics

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

Medio de divulgación: CD-Rom;

Resumen

NAYA H; PETRIGH R; REGO N; VALENTINI B; ECHAIDE I; FARBER M

Integrated in silico-wet biology approach for improving the annotation of Babesia bigemina perforin family , 2010

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

Palabras clave: Babesia; perforins

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

Medio de divulgación: CD-Rom;

Resumen

GONZALEZ-REYMÚNDEZ A; NAYA H; SPERANZA P

Simulación de la estructuración geográfica de la variabilidad genética en especies del género Paspalum: Deriva Genética o Dominancia Genotípica , 2009

Evento: Nacional , XIV Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , 2009

Palabras clave: simulaciones espaciales de genotipos

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

Medio de divulgación: CD-Rom;

Resumen

GRAÑA M; ROMERO H; DANS P; NAYA H

Scaling properties of biopolymers assessed through protein crystal structures , 2009

Evento: Internacional , ISMB/ECCB 2009 , Estocolmo , 2009

Palabras clave: comparative genomics

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

Medio de divulgación: Papel;

Resumen

RUGGIA R; NAYA H

Improving Meta-Analysis based GWAS through data quality management , 2009

Evento: Internacional , Microsoft Research Conference , Seattle , 2009

Palabras clave: GWAS

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

Medio de divulgación: Papel;

Resumen

ROMERO H; GRAÑA M; DANS P; NAYA H

Scaling in Biology: Exploring Surface-to-Volume Ratios and other Properties within Thousands of X-ray Structures , 2007

Evento: Internacional , ECCB2006 , Eilat , 2007

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; Idioma/Pais: Inglés/Israel;

Resumen

URIOSTE JI; PEÑAGARICANO F; LOPEZ R; LLANEZA F; LAFUENTE C; LOPEZ MASS C; NAYA H; KREMER R

Variability in pigmentation levels on Corriedale sheep: Preliminary results. 2. Pigmentation in non-fleece areas , 2007

Evento: Internacional , XX Congreso de ALPA , Cusco , 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Idioma/Pais: Español/Perú;

Resumen

PEÑAGARICANO F; URIOSTE JI; LOPEZ R; LLANEZA F; LAFUENTE C; LOPEZ MASS C; NAYA H; KREMER R
Variability in pigmentation levels on Corriedale sheep: Preliminary results. 2. Pigmentation in non-fleece areas , 2007
Evento: Internacional , XX Congreso de ALPA , Cusco , 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: CD-Rom; *Idioma/Pais:* Español/Perú;

Resumen

NAYA H; URIOSTE JI; CHANG YM; RODRIGUES-MOTTA M; KREMER R; GIANOLA D
REGRESIÓN DE POISSON Y POISSON CON EXCESO DE CEROS APLICADA AL MODELADO DE LUNARES EN OVEJAS
CORRIEDALE , 2007

Evento: Nacional , XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , 2007

Palabras clave: Poisson con exceso de ceros; ZIP

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Bioestadística

Medio de divulgación: Papel;

Resumen

REGO N; NAYA H; ALVAREZ-VALIN F
REDUCCIÓN GENÓMICA EN ESPIROQUETAS PATÓGENAS , 2007

Evento: Nacional , 2007

Palabras clave: Leptospira; genómica comparativa

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

Medio de divulgación: Papel;

Completo

NAYA H

Comparative Methods in Genomics from a Bayesian MCMC Perspective , 2006

Evento: Internacional , Global Dialogues on Emerging Science and Technology , Petrópolis , 2006

Palabras clave: métodos Bayesianos MCMC

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 / Biología y Biología de la Evolución / Genómica Evolutiva

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Completo

NAYA H; ROMERO H; REGO N; ARRAMBIDE N

Estimación del contenido G+C genómico a partir de una muestra de genes , 2006

Evento: Internacional , 2das. Jornadas de la Red Iberoamericana de Bioinformática , Buenos Aires , 2006

Palabras clave: contenido G+C; algoritmos heurísticos

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

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

Medio de divulgación: Internet; *Idioma/Pais:* Español/Argentina;

Resumen

NAYA H; ROMERO H

An heuristic approach to incorporate prior information into prokaryotic genomic GC prediction , 2006

Evento: Internacional , ISMB, 2006 , Fortaleza , 2006

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

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Resumen

NAYA H; URIOSTE JI; CHANG YM; RODRÍGUEZ-MOTTA M; KREMER R; GIANOLA D

Poisson and Zero-Inflated Poisson regression applied to the modeling of black spots in corriedale sheep , 2006

Evento: Internacional , 8th WCGALP , 2006

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética Cuantitativa
Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Resumen

PIOVANI R; NAYA H; SABBIA V; MUSTO H

Codon instability at high GC level in the comparison between Human and Chimpanzee , 2006

Evento: Internacional , ISMB, 2006 , Fortaleza , 2006

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

Medio de divulgación: CD-Rom; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Resumen

SABBIA V; PIOVANI R; NAYA H; MUSTO H

Characterization of homogeneous and heterogeneous regions in the human genome and compositional features of individual chromosomes , 2006

Evento: Internacional , ISMB, 2006 , Fortaleza , 2006

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

Medio de divulgación: CD-Rom; *Idioma/Pais:* Español/Brasil;

Resumen

ROMERO H; NAYA H; ZAVALA A; MUSTO H; ALVAREZ-VALIN F; BERNARDI G

Selective forces driving Guanine+Cytosine (GC%) content in prokaryotes , 2004

Evento: Internacional , ECCB/ISMB , Glasgow , 2004

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Escocia;

Resumen

ROMERO H; NAYA H; ZAVALA A; MUSTO H; ALVAREZ-VALIN F; BERNARDI G

Selective forces and GC% content in prokaryotes , 2004

Evento: Internacional , Gordon Conference on Theoretical Biology and Biomathematics , Tilton, NH , 2004

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Estados Unidos;

Resumen

ZAVALA A; ROMERO H; NAYA H; MUSTO H

Codon usage in Cyprinidae fishes, evidence of translational selection , 2003

Evento: Internacional , XIX International Congress of Biochemistry and Molecular Biology , Toronto , 2003

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Canadá;

Resumen

PEREIRA GI; DE MIQUELERENA JM; URIOSTE JI; NAYA H; LÓPEZ C; SURRACO L

Presencia de fibras pigmentadas en una majada experimental Corriedale , 2003

Evento: Internacional , 12º Congreso Mundial Corriedale , Montevideo , 2003

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Español/Uruguay;

Resumen

KREMER R; URIOSTE JI; NAYA H; ROSÉS L; RISTA L; LÓPEZ C

Incidence of skin spot and pigmentation in Corriedale sheep , 2003

Evento: Internacional , IX World Congress in Animal Production , Porto Alegre , 2003

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Resumen

ESPASANDÍN AC; URIOSTE JI; NAYA H; ROSÉS L; RISTA L; LÓPEZ C

Identification of production environments in Angus populations of Brazil and Uruguay using cluster analysis , 2003

Evento: Internacional , IX World Congress in Animal Production , Porto Alegre , 2003

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Brasil;

Resumen

URIOSTE JI; NAYA H; CHILIBROSTE P

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. I Descripción de la población , 2002

Evento: Regional , Congreso de AAPA , Buenos Aires , 2002

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Español/Argentina;

Resumen

NAYA H; URIOSTE JI; CHILIBROSTE P

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. II Ajuste de un modelo bifásico , 2002

Evento: Regional , Congreso de AAPA , Buenos Aires , 2002

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Español/Argentina;

Resumen

CHILIBROSTE P; NAYA H; URIOSTE JI

Evaluación cuantitativa de curvas de lactancia de vacas Holando en Uruguay. III Implicancias biológicas de las curvas de lactancia multifásicas , 2002

Evento: Regional , Congreso de AAPA , Buenos Aires , 2002

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Español/Argentina;

Resumen

NAYA H; URIOSTE JI; FRANCO J

Identification of production environment and presence of GxE interaction in Uruguay using Holstein Herds records , 2002

Evento: Internacional , 7th WCGALP , Montpellier , 2002

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Mejoramiento Genético

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Francia;

Resumen

ROMERO H; ZAVALA A; NAYA H; MUSTO H

Rearrangement and the , 2001

Evento: Internacional , 27th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies , Lisboa , 2001

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais:* Inglés/Portugal;

Resumen

ZAVALA A; NAYA H; ROMERO H; MUSTO H

Uso de codones sinónimos en *Oncorhynchus mykiss*: evidencias de selección , 2000

Evento: Nacional , Congreso de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , Montevideo , 2000

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais*: Español/Uruguay;

Resumen

NAYA H; MUSTO H; ROMERO H; ZAVALA A

Hidrofobicidad, propiedades composicionales, uso de codones sinónimos y frecuencia de aminoácidos en los genomas completamente secuenciados de las bacterias *Neisseria meningitidis* y *Thermotoga maritima* , 2000

Evento: Nacional , 2º Encuentro de Jóvenes Biólogos , Montevideo , 2000

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

Medio de divulgación: Otros; *Idioma/Pais*: Español/Uruguay;

Producción técnica

Productos

Software , Obra

Sistema Nacional de Investigadores

NAYA H; SPANGENBERG L

BacFier: a Java software for the classification of bacterial pathogenesis , BacFier es un software para predecir si una bacteria es patógena para los humanos basado en su composición genómica , 2012

Aplicación: NO

Institución financiadora: Parcialmente ANII a través de beca de doctorado a Lucía Spangenberg

Palabras clave: patogenicidad bacteriana

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

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

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

Software , Obra

NAYA H; SPANGENBERG L

bcool: Bringing to light significant Columns correlated with Organism Labels , 2011

Aplicación: NO

Institución financiadora: ANII parcialmente (beca de doctorado a Lucía Spangenberg)

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

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

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

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

Trabajos Técnicos

Informe o Pericia técnica

URIESTE JI; NAYA H; RAVAGNOLO O; AGUILAR I

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus , 2004

Palabras clave: Evaluación Genética

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel; *Ciudad*: /Uruguay

Informe o Pericia técnica

URIOSTE JI; DE MATTOS D; NAYA H; RAVAGNOLO O; SOARES DE LIMA JM; CALISTRO A

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus , 2003

Palabras clave: Evaluación Genética

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel; *Disponibilidad:* Irrestringida; *Ciudad:* /Uruguay

Informe o Pericia técnica

URIOSTE JI; NAYA H

Evaluación Genética de Reproductores Aberdeen Angus , Catálogo para la selección de reproductores de la raza Aberdeen Angus , 2002

Palabras clave: Evaluación Genética

Areas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

Medio de divulgación: Papel; *Disponibilidad:* Irrestringida; *Ciudad:* /Uruguay

Evaluaciones

Evaluación de Publicaciones

2011 / 2011

Nombre: Computers in Biology and Medicine,

Cantidad: Menos de 5

Evaluación de Publicaciones

2011 / 2011

Nombre: Frontiers in Genetics,

Cantidad: Menos de 5

Miembro del Review Editorial Board para Frontiers in Livestock Genomics

Evaluación de Publicaciones

2011 / 2011

Nombre: Biomathematics,

Cantidad: Menos de 5

Miembro del Editorial Board

Evaluación de Publicaciones

2007 / 2008

Nombre: Journal of Molecular Evolution,

Cantidad: Menos de 5

Evaluación de Publicaciones

2006 / 2011

Nombre: Gene,

Cantidad: De 5 a 20

Formación de RRHH

Tutorías concluidas

Posgrado

Tesis de maestría

Plataformas de workflows científicos basadas en tecnologías avanzadas de middleware , 2013

Tipo de orientación: Asesor/Orientador

Nombre del orientado: Guzmán Llambías

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay , PEDECIBA

Palabras clave: Workflows científicos

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Tesis de maestría

Aspectos bioinformáticos de pequeños ARNs no codificantes , 2012

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Álvaro Pena

PEDECIBA

Palabras clave: microRNAs; Algoritmos de predicción de genes blanco

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Sistema Nacional de Investigadores

Tesis de doctorado

Detección de loci bajo selección en poblaciones subdivididas utilizando marcadores SNP densos , 2012

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: María Inés Fariello

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay , Doctorado en Ciencias Biológicas

Palabras clave: test de selección; marcadores SNPs densos

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Genética y Herencia / Genética de poblaciones

País/Idioma: Uruguay/Español

Tesis de doctorado

Estudios bioinformáticos de los mecanismos de diferenciación y autorenovación de las células madre adultas , 2010

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Lucía Spangenberg

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay , PEDECIBA

Palabras clave: Bioinformática; Integración de información; Células madre

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Tesis de maestría

Caracterización genética de la presencia de lunares en la raza Corriedale mediante enfoques cuantitativos y moleculares , 2009

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Francisco Peñaricano

Facultad de Agronomía - UDeLaR , Uruguay , Maestría en Ciencias Agrarias

Palabras clave: fibras pigmentadas; análisis de expresión por microarrays ; comparación de modelos

Áreas del conocimiento: Ciencias Agrícolas / Producción Animal y Lechería / Cría Animal / Genética Cuantitativa

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

Grado

Tesis/Monografía de grado

Genes de inmunoglobulinas en el genoma bovino , 2012

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Daniela Megrian

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Bioquímica

Palabras clave: inmunoglobulinas

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

Pais/Idioma: Uruguay/Español

Tesis/Monografía de grado

Caracterización de presencia de ortólogos y parálogos en diferentes especies del género *Leptospira*, con reconstrucción de diferentes vías , 2012

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Gabriel Martínez

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Bioquímica

Palabras clave: *Leptospira*; ortólogos / parálogos

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

Pais/Idioma: Uruguay/Español

Sistema Nacional de Investigadores

Tesis/Monografía de grado

Caracterización de una familia de metiltransferasas hipotéticas de función desconocida de *Mycobacterium tuberculosis* mediante el uso de herramientas bioinformáticas y análisis de Microarrays , 2009

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Leonardo Delgado

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Bioquímica

Palabras clave: predicción de función; metiltransferasas; *Mycobacterium tuberculosis*

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

Pais/Idioma: Uruguay/Español

Tesis/Monografía de grado

Sistema de Recuperación de Evidencia Experimental , 2009

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Gabriela Romero

Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay , Ingeniería en Computación

Palabras clave: Procesamiento de Lenguaje Natural; evidencia experimental

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

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

Tesis/Monografía de grado

Aerobiosis, evolución del contenido GC en procariotas y la explosión de datos genómicos: varios años después , 2009

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Sebastián Valenzuela

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Ciencias Biológicas

Palabras clave: contenido GC; aerobiosis; procariotas

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

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

Tesis/Monografía de grado

Diseño e implementación de base de datos y pipelines flexibles de análisis para genómica comparativa de espiroquetas , 2009

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Luisina Pocay, Walter Elía

Universidad Nacional de Entre Ríos , Argentina , Licenciatura en Bioinformática

Palabras clave: genómica comparativa; pipelines de análisis

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

Medio de divulgación: Papel, *País/Idioma:* Argentina/Español

Tesis/Monografía de grado

Aspectos bioinformáticos de pequeños ARNs , 2008

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Álvaro Pena

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Ciencias Biológicas

Palabras clave: microRNAs; Leucemia Linfoide Crónica

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Información adicional: Defensa acordada para el 20 de diciembre 2011

Tesis/Monografía de grado

Análisis de Información en Citometría de Flujo , 2008

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Germán Viera, Gastón Pirez, Julián Magnone

Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay , Ingeniería en Computación

Palabras clave: High Throughput Flow Cytometry; Análisis de datos multidimensionales

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

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

Tesis/Monografía de grado

Buscando relaciones entre enfermedades y genes a partir de la literatura biomédica , 2008

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Federico Romero, Helena Muñoz

Facultad de Ingeniería - UDeLaR , Uruguay , Ingeniería en Computación

Palabras clave: Procesamiento de Lenguaje Natural; relación gen-enfermedad

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

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

Otras

Sistema Nacional de Investigadores

Iniciación a la investigación

Actividad tejida específica del Receptor de Estrógenos: herramientas bioinformáticas para el análisis comparativo de expresión génica , 2009

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Tamara Fernandez

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Palabras clave: uso de codones; genómica comparativa; análisis de expresión por microarrays

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

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

Tutorías en marcha

Posgrado

Tesis de maestría

Análisis Metagenómico de suelos bajo cultivo de *Eucalyptus grandis* , 2012

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Sebastián Valenzuela

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay , Maestría en Bioinformática

Palabras clave: Metagenómica

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Tesis de maestría

Bioinformática aplicada a la predicción y modelado de patógenos bacterianos emergentes , 2012

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Gregorio Iraola

Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas , Uruguay , Maestría en Bioinformática

Palabras clave: Patógenos

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Sistema Nacional de Investigadores

Tesis de maestría

Caracterización tejido específica de expresión de tRNAs y componentes de la maquinaria traduccional humana: integración de datos masivos de perfiles de expresión con ensayos cuantitativos , 2010

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Tamara Fernandez

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay , PEDECIBA

Palabras clave: Bioinformática; tRNAs

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Tesis de maestría

Evolución de las vías de señalización INS-IGFs en mamíferos: aproximación genómica para el estudio de sus receptores , 2009

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Natalia Rego

Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay , PEDECIBA

Palabras clave: receptores; genómica comparativa

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

País/Idioma: Uruguay/Español

Otros datos relevantes

Jurado/Integrante de comisiones evaluadoras de trabajos académicos

Tesis

Candidato: Lorena Etcheverry

CANCELA H; CABALLERO I; NAYA H; MAROTTA A

Plataforma para la evaluación de calidad de datos: aplicación a experimentos con Microarrays , 2010

Tesis (Maestría en Informática (UDELAR-PEDECIBA)) - Facultad de Ingeniería - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Palabras clave: Calidad de datos; Microarrays

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

Tesis

Candidato: Guillermo Lamolle

NUNES E; MUSTO H; NAYA H

La mutación, la función y la evolución , 2006

Tesis (Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)) - Facultad de Ciencias - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Trabajo de conclusión de curso de pregrado

Candidato: Elisa Budelli

WONSEBER D; TESTURI C; CANCELA H; NAYA H

Algoritmos de predicción de la estructura secundaria en proteínas , 2006

Trabajo de conclusión de curso, (Pregrado) (Ingeniería en Computación) - Facultad de Ingeniería - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Trabajo de conclusión de curso de pregrado

Candidato: Diego Espinosa

CANCELA H; MOTZ R; NAYA H

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes , 2005

Trabajo de conclusión de curso, (Pregrado) (Ingeniería en Computación) - Facultad de Ingeniería - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Trabajo de conclusión de curso de pregrado

Candidato: Pablo Gallo

CANCELA H; MOTZ R; NAYA H

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes , 2005

Trabajo de conclusión de curso, (Pregrado) (Ingeniería en Computación) - Facultad de Ingeniería - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Trabajo de conclusión de curso de pregrado

Candidato: Federico Sotto

CANCELA H; MOTZ R; NAYA H

Cadenas ocultas de Markov para la predicción de genes , 2005

Trabajo de conclusión de curso, (Pregrado) (Ingeniería en Computación) - Facultad de Ingeniería - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Trabajo de conclusión de curso de pregrado

Candidato: Gonzalo Pereira

URIOSTE JI; KREMER R; NAYA H

Descripción de diferentes tipos de pigmentación en la zona de vellón y no vellón en una majada experimental Corriedale , 2004

Trabajo de conclusión de curso, (Pregrado) (Ingeniería Agronómica) - Facultad de Agronomía - UDeLaR - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Indicadores de producción

<i>Producción bibliográfica</i>	113
<i>Artículos publicados en revistas científicas</i>	64
Completo (Arbitrada)	63
Completo (No Arbitrada)	1
<i>Artículos aceptados para publicación en revistas científicas</i>	0
<i>Trabajos en eventos</i>	49
Completo (No Arbitrada)	4
Resumen (No Arbitrada)	45
<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>	5
<i>Productos tecnológicos</i>	2

Sin registro o patente	2
<i>Procesos o técnicas</i>	0
<i>Trabajos técnicos</i>	3
<i>Otros tipos</i>	0
<i>Evaluaciones</i>	5
Evaluación de Publicaciones	5
<i>Formación de RRHH</i>	19
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</i>	15
Tesis de maestría	3
Tesis de doctorado	2
Tesis/Monografía de grado	9
Iniciación a la investigación	1
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</i>	4
Tesis de maestría	4

Sistema Nacional de Investigadores

Sistema Nacional de Investigadores