

## Lista 2011 de posibles tutores de las diversas áreas

Enrique Lessa

---

Laboratorio de Evolución, Facultad de Ciencias, UdeLar. Actualmente se está integrando a un nuevo Departamento de Ecología y Evolución.

Evolución, genética de poblaciones, filogenética, estudios de adaptación a nivel molecular. Esperamos incorporar aspectos genómicos en un futuro próximo.

Fabián Capdeville

---

Anotación genómica y minería de datos genómicos.

Fernando Álvarez

---

Instituto de Biología - Dpto. de Biología Celular y Molecular - Sección Biomatemática, Facultad de Ciencias.

Héctor Musto

---

Docente de la Facultad de Ciencias en el Laboratorio de Organización y Evolución del Genoma, Depto. de Ecología y Evolución (Grado 5).

Hugo Naya

---

Jefe Unidad de Bioinformática en Institut Pasteur de Montevideo.

Luis Acerenza

---

Laboratorio de Biología de Sistemas, Dpto. de Biología Celular y Molecular, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias.

Martín Graña

---

Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo.

Mercedes González

---

Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias.

Ricardo Fraiman

---

Centro de Matemática, Facultad de Ciencias.

Federico Iribarne Restuccia

---

Centro de Bioinformática Estructural. DETEMA. Facultad de Química

Simulaciones de Sistemas Biomoleculares. Diseño de Compuestos Bioactivos.

Margot Paulino

---

Jefe del Centro de Bioinformática Estructural. DETEMA. Facultad de Química.

Simulaciones de Sistemas Biomoleculares. Diseño de Compuestos Bioactivos.

Nuestro interés se puede describir en dos líneas principales:

-Por un lado, nos interesa asociar nuestras estrategias al uso de GPUs para cálculos acelerados de grandes sistemas biomoleculares (incluyendo membranas). Específicamente nuestro interés está basado en realizar cálculos de dinámica molecular para la evaluación de energías libres de interacción por el método FEP, usando el software NAMD y el campo de fuerzas charmm31 (o la versión más actualizada del mismo).

-Por otro lado, otro tipo de actividades de nuestro grupo está basada en el Screening virtual, generación de bases de datos con descriptores y desarrollo de tratamientos estadísticos para la dilucidación de las correlaciones estructura-actividad por diferentes metodologías (algoritmos genéticos, análisis de componentes principales, entre otras). Creemos que la cotutoría de especialistas en estadística será un gran aporte a nuestras estrategias.

Pablo Dans

---

G3 PEDECIBA Química.

Grupo de simulaciones Biomoleculares, Institut Pasteur de Montevideo.  
Química teórica, simulaciones.

Sergio Pantano

---

Grupo de Simulaciones Biomoleculares, Institut Pasteur de Montevideo.

Bioinformática estructural, simulaciones moleculares.

José Tort

---

Profesor Agregado Genética en Facultad de Medicina.

Carlos Luna

---

Instituto de Computación, Facultad de Ingeniería – UdeLaR.

Métodos Formales. Aplicación de métodos formales, por ejemplo, pero no exclusivamente, a seguridad informática.

Dina Wonsever

---

Grupo de Procesamiento de Lenguaje Natural, INCO, Facultad de Ingeniería.

Eduardo Grampín

---

Departamento de Arquitectura y Redes, Facultad de Ingeniería.

Posible propuesta en el tema de “redes complejas”, que utiliza una batería de conocimientos, herramientas, algoritmia, que son aplicables a procesos dinámicos y complejos, como por ejemplo un ser vivo. Se plantea en principio, un estudio de estado del arte, y quizás surja alguna aplicación sobre la marcha. Todo esto surge de que las redes han dejado de ser planificadas, y se desarrollan más o menos como

Franco Robledo/ Pablo Rodríguez Bocca

---

Laboratorio de Probabilidad y Estadística (LPE), Facultad de Ingeniería, UDELAR. Aplicación de las Random Neural Network (RNN) para el análisis de propagación de epidemias sobre ciertas topologías de grafos que modelan la red de contactos entre individuos. Es bien conocido que las RNN son eficaces como herramienta de predicción en el contexto de redes telecomunicaciones. En esta propuesta, queremos analizar el resultado de aplicar las RNN en tipologías de redes en contextos de propagación de epidemias.

Héctor Cancela

---

Investigación Operativa, INCO, Facultad de Ingeniería.

Pablo Ezzatti

---

(Centro de Cálculo), Instituto de Computación, Facultad de Ingeniería.

Computación de alto desempeño (HP). Plantea las siguientes opciones de trabajo:

- a- Un relevamiento profundo y exhaustivo del uso del GPUs para el cómputo de problemas de bioinformática.

- b- Un relevamiento del uso de GPUs para el cómputo de problemas de bioinformática y la implementación en estos dispositivos de algún método particularmente interesante para el área.

Eduardo Canale

---

Laboratorio de Probabilidad y estadística, Facultad de Ciencias y Facultad de Ingeniería. Para poder comprender la dinámica de la mayoría de sistemas biológicos debemos tratarlos como una red de elementos en continua interacción. El objetivo de esta propuesta es comprender como la estructura de dicha red de conexiones puede condicionar los procesos dinámicos que ocurren en ella. En particular, analizar ciertas topologías de redes biológicas respecto a la propiedad de sincronización: "Almost Global synchronization" (AGS).

Gabriel Camaño

---

Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias Económicas y de Administración.

Métodos Bayesianos y Clásicos de Inferencia y análisis. Procesos Estocásticos.

Gonzalo Perera

---

Laboratorio de Probabilidad y estadística, Facultad de Ciencias y Facultad de Ingeniería.

Gustavo Guerberoff

---

Laboratorio de Probabilidad y estadística, Facultad de Ciencias y Facultad de Ingeniería. El LPE desarrolla investigación aplicada, básico-aplicada, y básica en modelización estocástica y estadística. Además, desarrolla investigación en conjunto con otras unidades e institutos de FING en tópicos como ser: Optimización, Optimización Estocástica, Network Reliability, etc.

Juan Kalemkerian

---

Laboratorio de Probabilidad y estadística, Facultad de Ciencias y Facultad de Ingeniería.

Marco Scavino

---

Instituto de Matemática y Estadística 'Rafael Laguardia', Facultad de Ingeniería – UdeLaR. En el ámbito de los estudios de asociación del genoma completo (GWAS, genome-wide association studies) se recaba información sobre miles de individuos basada en la medición de centenares de miles de polimorfismos de nucleótido simple (SNP), lo cual ha originado muchos desafíos estadísticos en el diseño y análisis de dichos estudios. En particular se trata de determinar si la nueva capacidad técnica de establecer genotipos en los conjuntos de SNP

permitirá identificar regiones del genoma asociadas con ciertas enfermedades. Desde el punto de vista estadístico se deben enfrentar problemas de pruebas de hipótesis múltiples, que requieren diseñar esquemas específicos para el control de la tasa de error global de las pruebas y la maximización de la potencia según el diseño tasa de error global de las pruebas y la maximización de la potencia según el diseño elegido para el GWAS.

Javier Baliosian

---

Departamento de Arquitectura de computadores y redes. Instituto de Computación, Facultad de Ingeniería.