Predio Dr. Alberto Cassano - CCT CONICET Santa Fe
Colectora Ruta Nac. 168 km 0 – Paraje "El Pozo"
S3007ABA Santa Fe, Argentina
(+54 342) 4511370 int. 4001/4003
imal@santafe-conicet.gov.ar
www.imal.conicet.gov.ar



Instituto de Matemática Aplicada del Litoral "Dra. Eleonor Harboure" CONICET - UNL

"2025 Año de la Reconstrucción de la Nación Argentina"

SEMINARIO DEL IMAL 2025

"Macías-Segovia"

Predicción genómica mediante aprendizaje profundo

María Inés Fariello

Resumen. La selección genómica es una metodología predictiva que busca seleccionar las mejores unidades de producción respecto de una característica medible de un organismo a partir de su información genómica. Para ello, se pre-entrena un modelo predictivo con una muestra de referencia la cual contiene datos genotípicos y fenotípicos. Posteriormente con este modelo entrenado se hacen predicciones para genotipos candidatos para los cuales únicamente se cuenta con información genotípica. Esta metodología está revolucionando el mejoramiento genético ya que incrementa la ganancia genética por unidad de tiempo y ahorra recursos significativos en el fenotipado. Sin embargo, su implementación práctica es todavía compleja ya que requiere alta precisión en las predicciones para que su implementación sea exitosa. Además en el caso de especies de producción agrícola, como los granos, las variables ambientales tienen mucha influencia también, por lo que integrar estos datos en la predicción mejora mucho la predicción. Exploramos diferentes arquitecturas de redes neuronales, con el objetivo de mejorar las predicciones obtenidas a partir de modelos más clásicos utilizados en el área o de aprendizaje automático. Veremos diferentes maneras de reducir la dimensionalidad de los datos y el impacto en algunos modelos.

Bio. María Inés Fariello es profesora adjunta con dedicación total en el Instituto de Matemática y Estadística de la Facultad de Ingeniería de la Universidad de la República e integrante del Centro Interdisciplinario de Ciencia de Datos y Aprendizaje Automático (CICADA). Su área de trabajo combina probabilidad y estadística con aplicaciones a la genómica.

Viernes 31 de octubre, 15:30 horas

El seminario se realizará con formato virtual.

Los datos de conexión Zoom son los siguientes:

ID de reunión: 833 9603 6882 Código de acceso: .kg %+8rX@h

NOTA: en algunos casos copiar y pegar el ID y el código no funciona para establecer la conexión. Probar tipear ambos.