



UNIÓN EUROPEA
Fondo Europeo de
Desarrollo Regional (FEDER)
Una manera de hacer Europa



Parte A. DATOS PERSONALES

| | |
|--------------------|-------------------------------|
| Nombre y apellidos | Isabel A. Nepomuceno Chamorro |
|--------------------|-------------------------------|

A.1. Situación profesional actual

| | | | |
|-----------------------|--|--------------|------------|
| Organismo | Universidad de Sevilla | | |
| Dpto./Centro | Lenguajes y Sistemas Informáticos | | |
| Dirección | ETS Ingeniería Informática. Av. Reina Mercedes s/n 41012 Sevilla | | |
| Categoría profesional | Profesora Titular | Fecha inicio | 11-11-2019 |
| Palabras clave | Applied Machine Learning | | |

A.2. Formación académica (*título, institución, fecha*)

| Licenciatura/Grado/Doctorado | Universidad | Año |
|------------------------------|------------------------|------|
| Ingeniería Informática | Universidad de Sevilla | 2003 |
| Dr. Informática | Pablo de Olavide | 2011 |

A.3. Indicadores generales de calidad de la producción científica

- **Acreditada a Profesora Titular de Universidad (2015)**
- **Dos sexenios de investigación (2006-2011,2012-2017).**
- **Premio extraordinario de tesis.**
- **Trabajos Fin de Master.**
- **Publicaciones totales en revistas del JCR:**
 - ✓ Número de artículos: 21.
 - ✓ Desglose por cuartiles: 14(Q1), 4(Q2), 3(Q4)
- **Citas en Google Scholar:**
 - ✓ Número total citas: 315
 - ✓ Índice h: 10

Parte B. RESUMEN LIBRE DEL CURRÍCULUM (*máximo 3500 caracteres, incluyendo espacios en blanco*)

Isabel Nepomuceno es Ing. Informática (2003) y Doctora por la Univ. Pablo de Olavide (2011) con Premio Extraordinario. Inició su investigación en el campo de la Computación Natural, modelo de computación no convencional basado en sistemas celulares, con 1 publicación en la revista de impacto JUCS. En 2005 la reorientó hacia el campo de Minería de Datos (MD) Aplicada, centrando su investigación en el campo de análisis de datos de expresión y validación de resultados. En cuanto validación, destaca la metodología y herramienta CARGENE, trabajo aceptado en la revista indexada International JDDB (J. of Data Mining and Bioinformatics). En cuanto análisis de datos de expresión génica, destaca una metodología de inferencia de redes de genes denominada RegNet (2010) en la revista Q1 BMC Bioinformatics (top 5 de su categoría); fue etiquetado por la revista como "Highly Accessed" por recibir más de 1000 visitas en los primeros 30 días. RegNet fue adaptada como técnica supervisada dando lugar a SATuRNo, que en colaboración con el "Laboratory of Cardiovascular Research of the CRP-Santé" (LCR) de Luxemburgo se aplicó a la predicción de la respuesta clínica de pacientes que han sufrido un infarto de miocardio y una operación



percutánea primaria. Esta colaboración se materializó en dos estancias de investigación (4 meses entre 2009 y 2010) al LCR, bajo la supervisión del Dr. Azuaje, financiadas en parte por becas competitivas y fondos del centro a visitar. La colaboración culminó con la publicación de SATuRNo (2011) en Bioinformatics (primera de su categoría Q1). Actualmente se mantiene la colaboración con el equipo de Luxemburgo, prueba de ello es el resultado publicado en la revista BMC Genomics (Q1) y más recientemente Plos Computational Biology (Q1). En el primer trabajo se ha aplicado, entre otras técnicas de MD, la metodología RegNet a una serie de experimentos realizados sobre el organismo modelo del pez cebra con el objetivo de identificar biomarcadores de enfermedades cardiovasculares. Fue etiquetado como “Highly Accessed” y recomendado por el editor. Además, se ha publicado en la revista IEEE-ACM TCBB (Transaction on Computational Biology and Bioinformatics) T1, la herramienta software que implementa la metodología RegNet y en la revista JCSS (Journal of Computer and System Sciences) T1, una nueva metodología de análisis de datos de expresión génica basada en reglas de asociación. Ha iniciado dos líneas de investigación consistentes en: integrar información a priori en modelos no supervisados y supervisados a partir de datos de scRNA-seq entre otros, obteniendo como resultados una publicación en CMPB (Computer Methods and Programs in Biomedicine) T1 y BioData Mining Q1 con el grupo de Bioinformática Clínica del Virgen del Rocío; aplicar Machine Learning a datos del ámbito clínico, de manera más concreta, al problema clínico de predicción de respuesta a tratamiento radioterápico de tumores de próstata, obteniendo como resultados varios resúmenes en congresos y un trabajo aceptado en la revista indexada Tumori (Journal of Experimental and Clinical Oncology). Actualmente, su interés principal en investigación son el aprendizaje automático interpretable y modelos generativos de Deep learning. Finalmente, destacar más de 30 publicaciones en congresos nacionales e internacionales.

A continuación señalo otros indicadores de calidad:

- Miembro del Scientific Board de la red Europea MSCA Initial Training Network “Machine Learning Frontiers in Precision Medicine”.
- Co-IP del proyecto Bidasgri: Tecnologías Big Data Para Smart Grids. Agencia Andaluza del Conocimiento, Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad. 90.000€ Director Principal: José C. Riquelme Santos.
- Participación como investigadora a tiempo completo en 4 proyectos del Plan Nacional de I+D+i, 1 proyecto de excelencia de la Junta de Andalucía, 3 redes nacionales de investigación y 1 red del V Programa Marco de la Unión Europea.
- Obtención de dos sexenios de investigación (2006-2011, 2012-2017).
- Una estancia de 3 meses en la Plataforma de Genómica y Bioinformática de Andalucía. Una estancia de 4 meses en el Cardiovascular Research Lab del CRP Luxembourg. Y la colaboración en curso con el equipo de Oncología Radioterápica del Hospital Virgen del Rocío de Sevilla.
- Profesora de la asignatura extinguida de Máster Minería de Datos Aplicada y de la actual asignatura de Fundamentos de Ingeniería de Datos, en donde se evalúan a los alumnos mediante retos Kaggle.
- Miembro de la comisión académica del Master Oficial en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas en el que imparte también docencia.

Parte C. MÉRITOS MÁS RELEVANTES *(ordenados por tipología)*

C.1. Publicaciones

[1] Integrating pathway knowledge with deep neural networks to reduce the dimensionality in single-cell RNA-seq data. P Gundogdu, C Loucera, I Alamo-Alvarez, J Dopazo, I Nepomuceno BioData mining 15 (1), 1-21

[2] Ten quick tips for biomarker discovery and validation analyses using machine learning

- R Diaz-Uriarte, E Gómez de Lope, R Giugno, H Fröhlich, PV Nazarov, ...PLoS computational biology 18 (8), e1010357
- [3] Generation of synthetic data with conditional generative adversarial networks
B Vega-Márquez, C Rubio-Escudero, I Nepomuceno-Chamorro. Logic Journal of the IGPL 30 (2), 252-262
- [4] OCEAN: Ordinal classification with an ensemble approach. B Vega-Márquez, IA Nepomuceno-Chamorro, C Rubio-Escudero, ...Information Sciences 580, 221-242
- [5] Use of Deep Learning Architectures for Day-Ahead Electricity Price Forecasting over Different Time Periods in the Spanish Electricity Market. B Vega-Márquez, C Rubio-Escudero, IA Nepomuceno-Chamorro, ...Applied Sciences 11 (13), 6097
- [6] Isabel A Nepomuceno-Chamorro, Juan Nepomuceno, José L Galván-Rojas, Belén Vega-Márquez, Cristina Rubio-Escudero (2020) Using prior knowledge in the inference of gene association networks Applied Intelligence 07.
- [7] Belén Vega Márquez, Isabel de los Ángeles Nepomuceno Chamorro, Natividad Jurado Campos, Cristina Rubio Escudero (2020) Deep Learning Techniques to Improve the Performance of Olive Oil Classification. Frontiers Chem. (Artificial Intelligence in Chemistry).
- [8] Pairwise gene GO-based measures for biclustering of high-dimensional expression data. Nepomuceno J., Troncoso A., Nepomuceno-Chamorro I.A, Aguilar-Ruiz, J.S., BioData Mining, 2018, 11(1): 4:1-4:19. DOI: 10.1186/s13040-018-0165-9
- [9] Cristina Rubio-Escudero, Justo Valverde-Fernández, Isabel A Nepomuceno-Chamorro, Beatriz Pontes-Balanza, Yoedusvany Hernández-Mendoza, Alfonso Rodríguez-Herrera (2017) Data Mining Techniques Applied to Hydrogen Lactose Breath Test PLOS ONE 12.
- [10] María Martínez-Ballesteros, Jose M García-Heredia, Isabel A Nepomuceno Chamorro, José C Riquelme-Santos (2017) Machine learning techniques to discover genes with Potential Prognosis Role in Alzheimer's Disease using different biological sources Information Fusion 36: 114-129 July.
- [11] Isabel A Nepomuceno Chamorro (2016) Model tree to improve the inference of gene association networks AI Communications 29: 547--549.
- [12] Nepomuceno JA, Troncoso Lora A, Nepomuceno-Chamorro IA, Aguilar-Ruiz JS. Integrating biological knowledge based on functional annotations for biclustering of gene expression data. Computer Methods and Programs in Biomedicine 119: 3. 163-180, 2015.
- [13] Lopez Guerra JL, Matute R, Puebla F, Sánchez-Reyes A, Pontes B, Rubio C, Nepomuceno Chamorro IA, Acevedo C, Isa N, Lengua R, raena-Fernández JM, Rivin del Campo E, Ortiz MJ, Azinovic I. Ethnic difference in risk of toxicity in prostate cancer patients treated with dynamic arc radiation therapy. Tumori (In press) 2015.
- [14] Nepomuceno-Chamorro IA, Márquez AE, Aguilar Ruiz JS. Building transcriptional association networks in Cytoscape with RegNetC IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, 2014.
- [15] Rodius, Nazarov, Nepomuceno-Chamorro, Jeanty, González-Rosa, Ibberson, M Benites da Costa, Xenarios, Mercader, Azuaje. Transcriptional response to cardiac injury in the zebrafish: systematic identification of genes with highly concordant activity across in vivo models BMC Genomics 15: 852 October, 2014.
- [16] Martínez-Ballesteros M., Nepomuceno-Chamorro I.A., Riquelme J.C. Discovering gene association networks by multi-objective evolutionary quantitative association rules. Journal of Computer and System Sciences, Vol. 80 (1), pp. 118-136, 2014.
- [17] Martínez-Ballesteros M., Nepomuceno-Chamorro I.A., Riquelme J.C. (2013) Discovering gene association networks by multi-objective evolutionary quantitative association rules Journal of Computer and System Sciences.
- [18] Nepomuceno-Chamorro I.A., Azuaje F., Devaux Y., Nazarov P.V., Muller A., Aguilar-Ruiz J.S., Wagner D. (2011) Prognostic transcriptional association networks: a new supervised approach based on regression trees. Bioinformatics 27: 2. 252-258 Jan.
- [19] Nepomuceno-Chamorro I.A., Aguilar-Ruiz J.S., Riquelme J.C. (2010) Inferring gene regression networks with model trees. BMC Bioinformatics 11: 10.

C.2. Proyectos

Co-Investigador principal:

- - BIDASGRI: Tecnologías Big Data para Smart Grids (US-1263341)

Investigador:

- Big Data Streaming: Analisis De Datos Masivos Continuos. Modelos Descriptivos. MICINN TIN2017-88209-C2-2-R. Financiación 116.039 euros. 2018-2020.
- Big Time-Aware Data: Análisis de Datos Masivos Indexados en el Tiempo. Reglas y Clustering (TIN2014-55894-C2-1-R - Equipo de Investigación)
- Análisis Inteligente de Información Biológica y Medioambiental. MICINN TIN2011-28956-C02-02. Financiación 47.000 euros
- Modelos Avanzados para el Análisis Inteligente de Información. Aplicación a Datos Biomédicos y Medioambientales. P11-TIC-7528. Financiación 30.000 euros
- HERCULES: Heurísticas Escalables para la Extracción de Conocimiento en Grandes Volúmenes de Información. MEC TIN 2007-68084-C02-02. Financiación: 99.200 euros
- MINERVA: Técnicas emergentes de minería de datos para la extracción de conocimiento de grandes volúmenes de información: aplicación a datos científicos e industriales. MEC TIN2004-00159. Financiación: 82.570 euros

C.3. Contratos, méritos tecnológicos o de transferencia

- CREACIÓN DE UN SISTEMA DE ACCESO UNIVERSAL A LA WEB DEL CONOCIMIENTO.
Empresa/Administración financiadora: FECYT
Duración, desde: 2004 hasta 2005 (120 días)
Investigador responsable: Dr. Rafael Infante
Financiación al investigador: 4.000 euros

C.4. Premios

Premio extraordinario de Tesis.

C.5. Redes de investigación internacional

Miembro del Scientific Board de la red Europea MSCA Initial Training Network "Machine Learning Frontiers in Precision Medicine".

C.6. Evaluación de la Investigación

- Evaluador de Tesis 2011 de la UPC.
Tesis: Signal Processing Techniques for Brain tumor Diagnosis from Magnetic Resonance Spectroscopy Data
- Miembro de los Comités de Programa de conferencias principales en mi área: JISBD, HAIS, JISBD, ISDA, BBC, EVABIO.
- Revisor habitual de múltiples conferencias y revistas internacionales.

C.7. ESTANCIAS

- LABORATORY OF CARDIOVASCULAR RESEARCH OF THE PUBLIC RESEARCH CENTRE FOR HEALTH (CRP-SANTÉ).
Ciudad: Luxemburgo
Duración: 4 meses durante 2009 y 2010.
Calidad: investigadora invitada.
- MEDICAL GENOME PROJECT.
Ciudad: Sevilla
Duración: 3 meses, 2014.
Calidad: investigadora invitada.

C.8. CARGOS ACADEMICOS

Secretaría del Dpto. de Lenguajes y Sistemas Informáticos de la Universidad de Sevilla.