

1^{er} CONGRESO

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

16, 17 y 18 octubre, 2024
FERIA DE VALENCIA



SECRETARÍA TÉCNICA
TEL +34 932 212 242

congresoseibc@geyseco.es · www.congresoseibc.com



PRESENTACIÓN

En Octubre 2024, la Sociedad Española de Bioinformática y Biología Computacional (SEBiBC), celebrará su primer congreso bianual donde profesionales del ámbito podrán compartir los últimos avances científicos en áreas de especial relevancia para la comunidad bioinformática, con ponentes nacionales e internacionales de primer nivel y un programa dinámico y transversal.

Así mismo, habrá sesiones de carácter técnico y mesas redondas donde se debatirá el presente y futuro de nuestra profesión.

En el marco del congreso, RSG-Spain (grupo del Student Council de la ISCB) vuelve a organizar su Simposio Nacional de Estudiantes presencial para impulsar la formación y el desarrollo de jóvenes investigadores. El evento brindará un espacio para que los futuros profesionales presenten sus trabajos de investigación y desarrollo, así como trabajos de fin de estudios, para que expongan las últimas metodologías en demostraciones breves y para abordar temas relacionados con la bioinformática y la sociedad.

Esperamos que el congreso sea un catalizador para la comunidad dedicada a la Bioinformática y Biología Computacional en España y que pueda ofrecer oportunidades de colaboración e interacción entre los asistentes.

Algunas de las áreas temáticas a tratar:

- Bioinformática Estructural
- Biofísica Computacional
- Biología de Sistemas
- Evolución y Genómica Comparativa
- Bioinformática Agroalimentaria y del Medio Ambiente
- Bioinformática Traslacional y Clínica
- Aplicaciones de Inteligencia Artificial en la Bioinformática
- Análisis de datos ómicos
- Herramientas y desarrollo de métodos
- Infraestructuras bioinformáticas y servicios



SOBRE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

La Sociedad Española de Bioinformática y Biología Computacional (SEBiBC) es una asociación nacional sin ánimo de lucro que integra a profesionales, sociedades y asociaciones científicas relacionadas con la Bioinformática y la Biología Computacional, con el objeto de representar a este colectivo, promover sus logros y determinar y defender sus intereses.

La SEBiBC está llamada a actuar como un interlocutor cualificado tanto con la sociedad civil como con sus poderes públicos representativos y académicos, en sus áreas de competencia, para beneficio de la sociedad en general.

COMITÉ ORGANIZADOR

Angela del Pozo

Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz, FIBHULP (Madrid, Spain)

Fátima Sánchez-Cabo

Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, CNIC (Madrid, Spain)

Isabel Cuesta De La Plaza

Instituto de Salud Carlos III, ISCIII (Madrid, Spain)

Eduardo Andrés León

Instituto de Parasitología y Biomedicina "López-Neyra", CSIC (Granada, Spain)

Sara Monzón

Instituto de Salud Carlos III, ISCIII (Madrid, Spain)

Claudio Díaz García

Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, IRYCIS (Madrid, Spain)

COMITÉ ORGANIZADOR LOCAL

Sheila Zúñiga

Instituto de Investigación Sanitaria INCLIVA (Valencia, Spain)

Francisco García

Centro Investigación Príncipe Felipe, CIPF (Valencia, Spain)

COMITÉ CIENTÍFICO

Ana Conesa

Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I²SysBio - CSIC (Valencia, Spain). University of Florida (Florida, United States)

David Gómez

Navarra Biomed (Navarra, Spain). King Abdullah University of Science and Technology, KAUST (Thuwal, Saudi Arabia)

Ana Rojas

Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, CSIC (Sevilla, Spain)

David de Juan

Centro Nacional de Biotecnología, CNB - CSIC (Madrid, Spain)

Xavier Solé

Hospital Clínic de Barcelona (Barcelona, Spain)

Bruno Contreras

Estación Experimental de Aula Dei, CSIC (Zaragoza, Spain)

Adrián García

Centre for Genomics and Oncological Research, GENYO (Granada, Spain)

Pedro Carmona

Centre for Genomics and Oncological Research, GENYO (Granada, Spain)

Enrique Carrillo

IMDEA Alimentación (Madrid, Spain)

PROGRAMA

IX Simposio nacional de estudiantes de Bioinformática- RSG Spain

Con la colaboración de:



16 de Octubre

12:00 12:25	Registro
12:25 12:30	Palabras de Bienvenida – Adrián García Moreno
12:30 13:30	Comunicaciones Orales Seleccionadas – Clara Cabrero Tejero y Eva María Esquinas Román

C-0237 MONKEYPOX VIRUS GENOMIC ACCORDION STRATEGIES
Sara Monzón Fernández; Sarai Varona; Anabel Negro; Santiago Vidal-Freire; Juan Angel Patiño-Galindo; Susana Guerra; Adolfo García-Sastre; Isabel Cuesta; Maripaz P. Sánchez-Seco; Gustavo Palacios

C-0103 UNVEILING SHARED TRANSCRIPTOMIC PROFILES OF MELANOMA BRAIN METASTASES AND THE NEURODEGENERATIVE DISORDERS ALZHEIMER'S, PARKINSON'S AND MULTIPLE SCLEROSIS
Irene Soler Sáez; Alcida Karz; Marta R. Hidalgo; Borja Gómez-Cabañes; Adolfo López-Cerdán; José F. Català-Senent; María de la Iglesia-Vayá; Eva Hernando; Francisco García-García

C-0381 RADIOMICS TO PREDICT RADIOTHERAPY-INDUCED PNEUMONITIS AND DYSPNOEA IN LUNG CANCER
Carlos Lopez-Pleguezuelos; Martin Perez-Bacelar; Miguel E. Aguado-Barrera; Ramón Lobato; Patricia Calvo-Crespo; Carla Coedo-Costa; Olivia Fuentes-Ríos; Javier Manuel Galego-Carro; Ana Crujeiras-González; Antonio Gómez-Caamaño; Ana Vega

C-0135 A FUNCTIONAL CAR-T CELL ATLAS TO UNRAVEL THE REGULATORY MECHANISMS OF CAR-T CELLS
Sergio Cámara Peña; Maria E. Calleja-Cervantes; Paula Rodriguez-Marquez; Lorea Jordana-Urriza; Nir Yosef; Idoia Ochoa; Felipe Prosper; Juan R. Rodriguez-Madoz; Mikel Hernaez

C-0109 TREEPROFILER: A COMMAND-LINE TOOL FOR COMPUTING AND VISUALIZING PHYLOGENETIC PROFILES AGAINST LARGE TREES
Ziqi Deng Ana Hernández Plaza; Jaime Huerta Cepas



C-0257 FENCE DECOMPOSITION AND CHERRY COVERS IN PHYLOGENETIC NETWORKS

Joan Carles Pons Mayol; Pau Vives López; Yukihiro Murakami; Leo van Iersel

13:30 14:30	Almuerzo + Dinámica Social "Pipeline Assemble!" - Jacob González Isa
14:30 14:50	Charlas Flash – Rodrigo Senovilla Ganzo

C-0283 ROLE OF ALTERNATIVE SPLICING IN THE DEVELOPMENT OF LIVER FIBROSIS

Eva María Esquinas Román; Cristina Riobello; Jorge Cañas Martín; Alberto Tinahones Ruano; Joan Blázquez Vicens; Luis Pedro Iñiguez; Juan Valcárcel; Manuel Irimia; Ashwin Woodhoo; Marta Varela Rey

C-0063 DECIPHERING SEX-BASED DIFFERENCES IN ALCOHOL USE DISORDER FROM PLASMA EXTRACELLULAR VESICLE CONTENT USING DIFFERENT OMICS

Carla Perpiñá Clérigues; Susana Mellado Valero; Cristina Galiana-Roselló; María Pascual Mora; Francisco García-García

C-0271 BIAS ANALYSIS FOR LONG-READS TRANSCRIPTOMICS MULTI-SAMPLE DATASETS

Alejandro Paniagua de Pedro; Jorge Mestre-Tomás; Liudmyla Kondratova; Fabian Jetzinger; Stanley Cormack; Nathalia Vega; Sonia Tarazona; José Manuel Morante-Redolat; Isabel Fariñas; Luis Ferrández-Peral; Carolina Monzó; Ana Conesa

C-0198 GLIOBLASTOMA MOLECULAR BIOMARKER DISCOVERY THROUGH VARIANT CALLING ANALYSIS AND CIRCULAR DNA PROFILING

Patricia Fernández-Moreno; Daniela Gerovska; Marcos J. Araúzo-Bravo

C-0373 FECAL MICROBIOTA TRANSPLANTATION ALTERS THE PROTEOMIC LANDSCAPE OF INFLAMMATION IN HIV: IDENTIFYING BACTERIAL DRIVERS

Claudio Díaz-García; Elena Moreno; Alba Talavera; Lucía Martín-Fernández; Laura Martín-Pedraza; José A. Pérez-Molina; Sara González-Bodí; Jaime Huerta-Cepas; Fernando Dronda; María José Gosalbes; Laura Luna; María Jesús Vivancos; Santiago Moreno; Sergio Serrano-Villar;

C-0167 HTGANALYZER: NEW TOOL FOR QC AND ANALYSIS FOR HTG TRANSCRIPTOME PANEL

Laia Diez Ahijado; Aarón Marcén del Rincón; Lorena Marimon; Núria Peñuelas; Jaume Ordi; Natalia Rakislova; Robert Alberó Gallego

14:50 15:10	Presentación de RSG-Spain + Entrevista a Lorena Pantano, fundadora de RSG-Spain (Harvard Chan School, Director of Bioinformatics Platform) - Carlos Rangel Peláez y Fabián Robledo Yagüe
15:10 15:50	Plenaria: Carolina Monzó (Institute for Integrative Systems Biology I2SysBio, Postdoctoral Researcher) - Carla Perpiñá Clérigues e Irene Soler Sáez
15:50 16:00	Clausura y foto de familia - Adrián García Moreno



PROGRAMA

1^{er} Congreso de la Sociedad Española de Bioinformática y Biología Computacional (SEBiBC)

16 de Octubre

16:00 16:30	Ceremonia de Inauguración	
16:30 18:00	Comunicaciones Orales: Análisis de datos ómicos	Salón de Actos
	Moderadora: <i>Ana Conesa</i> . Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I ² SysBio - CSIC (Valencia, Spain). University of Florida (Florida, United States)	

C-0374 TURBOOMICS: A WEB-BASED PLATFORM FOR THE ANALYSIS OF UNTARGETED METABOLOMICS DATA USING A MULTI-OMICS INTEGRATIVE APPROACH

Rafael Barrero Rodríguez; José Manuel Rodríguez; Annalaura Mastrangelo; Alessia Ferrarini; Jesús Vázquez

C-0275 REVEALING THE PREVALENCE OF SUBOPTIMAL CELLS AND ORGANS IN REFERENCE CELL ATLASES: AN IMPERATIVE FOR ENHANCED QUALITY CONTROL

Tomàs Montserrat-Ayuso; Anna Esteve-Codina

C-0327 CHARACTERIZING SEX DIFFERENCES IN NEURODEGENERATIVE DISEASES THROUGH NOVEL AND INTEGRATIVE COMPUTATIONAL STRATEGIES: DIFNEROMICS PROJECT

Francisco García García; Marta R. Hidalgo; Irene Soler-Sáez; Fernando Gordillo; Borja Gómez-Cabañes; Rubén Grillo-Risco; Carla Perpiñá-Clérigues; Cristina Galiana-Roselló; Edmond Geraud-Aguilar; Zoraida Andreu; Jaime Llera-Oyola; Beatriz Rosón; Beatriz Dolader-Rabinad; Natalia del Rey Díez; José Francisco Català Senent; Adolfo López-Cerdán; Franca R. Guerini; Eva Hernando; Susana Barceló Cerdá; Vanja Tepavcevic; María de la Iglesia-Vayá; Amparo Galán; María Pascual; Amparo Oliver; Akiko Mizokami; Sara Gil-Perotin; Lucas Barea Moya; Jesus Alejandro Alzate-Grisales; Alejandro Mora-Rubio; Deborah J Burks

C-0345 ASSIGNING MUTATIONAL SIGNATURES TO INDIVIDUAL SAMPLES AND INDIVIDUAL SOMATIC MUTATIONS WITH SIGPROFILERASSIGNMENT

Marcos Díaz Gay; Ludmil B. Alexandrov



16:30 18:00	Comunicaciones Orales: Herramientas y desarrollo de métodos	Salón Castellón
	Modera: <i>Adrián García Moreno</i> . Centre for Genomics and Oncological Research, GENYO (Granada, Spain)	

C-0068 UNCOVERING MULTI-OMIC REGULATORY NETWORKS WITH MORE

Maidier Aguerralde-Martin; Carolina Monzó; Ana Conesa; Sonia Tarazona

C-0376 THE NAGEN-DATA ECOSYSTEM: A MODEL FOR SECURE AND EFFICIENT GENOMIC DATA ANALYSIS AND SHARING
Igor Ruiz de los Mozos Aliaga

C-0137 DEVELOPMENT OF AN AUTOMATED FRAMEWORK FOR THE COMPREHENSIVE ANALYSIS OF GENE EXPRESSION AND CLONETYPE REPERTOIRE DATA AT A SINGLE-CELL LEVEL
Gonzalo Soria Alcaide; Marta Portasany Rodríguez; Jorge García Martínez; Gonzalo García Aguilera; África González Murillo; Jaanam Lalchandani Lakhani; Elena García Sánchez; Manuel Ramírez Orellana

C-0319 IDENTIFYING SIMILAR ASTROCYTE POPULATIONS IN MOTOR CORTEX AND SPINAL CORD ACROSS INDEPENDENT SINGLE CELL STUDIES WITHOUT DATA INTEGRATION
Oscar Gonzalez Velasco Gonzalez Velasco; Rosanna Parlato; Charles D. Imbusch; Jochen Weishau; Benedikt Brors

16:30 18:00	Comunicaciones Orales: Biofísica Computacional	Salón Valencia
	Modera: <i>Ana Rojas</i> . Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, CSIC (Sevilla, Spain)	

C-0210 SMILES EMBEDDING USING A BERT ARCHITECTURE TO PREDICT PHYSICOCHEMICAL PROPERTIES

Maria Barranco Altirriba; Vivian Würf; Enrico Manzini; Josch K. Pauling; Alexandre Perera Lluna

C-0333 IN-VIVO LIVE CELL THERMODYNAMIC MAPPING
Diego Herráez Aguilar; Ramiro Perezan; Sandra Montalvo Quirós; Carlos del Pozo Rojas; Lucía Benito Barca; Rocío Rama Ballesteros; Francisco Monroy Muñoz

C-0268 INTEGRATING MACHINE LEARNING AND BRAIN MODELLING TO ASSESS BIOMARKERS' CAPABILITIES IN INFORMING ON ALTERATIONS OF CORTICAL CIRCUIT PARAMETERS IN DEMENTIA

Juan Miguel García; Alejandro Orozco Valero; Víctor Rodríguez González; Noemi Montobbio; Francisco Pelayo; Christian Morillas; Jesús Poza; Carlos Gómez; Pablo Martínez Cañada

C-0277 GENERATION OF TUMOR-SPECIFIC ANTIGENS BY THE TRANSLATION OF NON-CANONICAL ORFS

Marta Espinosa Camarena; Patrick Theunissen; Marta Ruiz; Jorge Ruiz-Orera; Beatriz Calvo-Serra; Robert Castelo; Carla Castro; Pablo Sarobe; Puri Fortes; Júlia Perera-Bel; M. Mar Albà

18:00 18:30	Pausa Café	Sesión Pósters
	Conferencia de Inauguración	Salón de Actos
18:30 19:30	<i>AlphaFold predicted structures expand our understanding of functional divergence in protein families.</i> <i>Christine Orengo, University College London (UCL)</i>	
19:30	Cocktail de Bienvenida	

17 de Octubre

09:00 10:00	Conferencia de Inicio	Salón de Actos
	Single cell and spatial transcriptomic atlases of the reproductive system across lifespan.	
	Luz García Alonso. Wellcome Sanger Institute	
10:00 10:30	Pausa Café	Sesión Pósters
10:00 10:30	Simposio AWS Health: Agilidad y eficiencia en el análisis de datos multiómica: Perspectivas desde el proyecto de UK Biobank". Ponente: PhD Anaïs González. Precision Medicine and Genomics Lead, EMEA, WWPS AWS	Sala Castellón
10:30 12:00	Comunicaciones Orales: Análisis de datos ómicos Modera: Enrique Carrillo . IMDEA Alimentación (Madrid, Spain)	Salón de Actos

C-0034 OMIC STUDY OF INTERMEDIATE PHENOTYPES IN COLORECTAL CANCER

Carmen Macías Real; Silvia Carlés González; Juan Fernández-Tajes; Ian Tomlinson; Ceres Fernández Rozadilla

C-0395 SOMATIC MUTATION INFERENCE FROM SINGLE-CELL TRANSCRIPTOMICS IN THE ESOPHAGUS

Darío González Menéndez; Sara Vidal Notari; Gabriel Piedrafit

C-0147 UNVEILING MICROANATOMICAL DOMAINS IN INFLAMMATORY BOWEL DISEASE (IBD) TISSUE THROUGH SPATIAL TRANSCRIPTOMICS ANALYSIS.

Marc Moro Buendía; Azucena Salas

C-0370 IDENTIFICACIÓN DE NEOEPÍTOPOS DERIVADOS DE ALTERACIONES DE SPLICING EN LA LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA: INTEGRACIÓN DE DATOS GENÓMICOS Y TRANSCRIPTÓMICOS

Maria Guaita-Céspedes; Beatriz Fernández-Blanco; Mireya Morote-Faubel; Cristina Martínez-Valiente; Lucía Rubio-López; Alessandro Liquori; Jose Cervera Zamora



10:30 12:00	Comunicaciones Orales: Aplicaciones de Inteligencia Artificial, "Machine Learning" y "Deep Learning" en Bioinformática Modera: Fátima Sánchez-Cabo . Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, CNIC (Madrid, Spain)	Salón Castellón
----------------	---	------------------------

C-0088 NETACTIVITY ENHANCES TRANSCRIPTIONAL SIGNALS BY COMBINING GENE EXPRESSION INTO ROBUST GENE SET ACTIVITY SCORES THROUGH INTERPRETABLE AUTOENCODERS

Carlos Ruiz Arenas; Irene Marín-Goñi; Liewei Wang; Idoia Ochoa; Luis A Pérez-Jurado; Mikel Hernaez

C-0305 SPATIALDDL: AN R PACKAGE TO DECONVOLUTE SPATIAL TRANSCRIPTOMICS DATA USING NEURAL NETWORKS

Diego Mañanes; Inés Rivero-García; Carlos Relajo; Miguel Torres; David Sancho; Daniel Jimenez-Carretero; Carlos Torroja; Fátima Sánchez-Cabo

C-0094 SYNTHETIC DATA ENABLE TO TRAIN DEEP LEARNING MODELS FOR VISUALIZING THE CELL AT MOLECULAR LEVEL

Antonio Martínez Sánchez; Lorenz Lamm; Marion Jasnin; Harold Phelippeau

C-0206 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DE GENES MEDIANTE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO: REVISIÓN Y OPTIMIZACIÓN DEL ESTUDIO (FIANNACA A. A., 2018).

José Luis López Carmona

10:30 12:00	Comunicaciones Orales: Bioinformática en medio ambiente y Biología de Sistemas Modera: Bruno Contreras . Estación Experimental de Aula Dei, CSIC (Zaragoza, Spain)	Salón Valencia
----------------	---	-----------------------

C-0350 BENCHMARKING OF GENOME ANNOTATION PIPELINES FOR PLANT SPECIES

Victor García-Carpintero; Yujie Zhu; María Gadea; Silvia Manrique; Aureliano Bombarely Gomez

C-0220 BEYOND MORPHOLOGY: UNVEILING BIOTIC INDEXES FOR WATER QUALITY ASSESSMENT THROUGH METAGENOMIC ANALYSIS OF MACROINVERTEBRATES

Rubén Cañas Cañas; Rosa Bermejo Ramirez; Ester Méndez Belinchón

C-0325 EVIDENCE FOR WIDESPREAD TRANSLATION OF 5' UNTRANSLATED REGIONS

Jose Maniuel Rodriguez; Federico Abascal; Daniel Cerdán-Vélez; Laura Martínez Gómez; Jesús Vázquez; Michael Tress

C-0042 PHYSIBOSS: ADVANCING THE PATH TO DIGITAL TWINS WITH MULTISCALE MODELLING

Miguel Ponce-de-Leon; Arnau Montagud Aquino; Vincent Noël; Annika Meert; Gerard Pradas; Alejandro Madrid; Thaleia Ntiniakou; Jose Estragués; Othmane Hayoun-Mya; Jose Carbonell; Emmanuel Barillot; Laurence Calzone; Alfonso Valencia

12:00
13:00

Mesa Redonda:
Retos y oportunidades en el uso de la IA en Bioinformática

Salón de Actos

Moderador y Panelista

Chema Sempere (Universidad Politécnica de Valencia y Coordinador Grupo de trabajo IA SEBiBC)

Panelistas

Mariam de la Iglesia (FISABIO-CIPF). **Ana Rojas** (CABD).

Alberto Labarga (Barcelona Supercomputing Centre).

Javier Blasco (Universidad de Zaragoza).

12:00
13:00

Mesa Redonda:
Bioinformática 2030: Innovación y Desafíos Profesionales

Sala Castellón

Moderador

Enrique Carrillo - IMDEA Alimentación (Madrid, Spain)

Ponentes

Diana de la Iglesia - Fujitsu

Álex Sánchez - Universidad de Barcelona

Sheila Zúñiga - INCLIVA

Pedro Carmona - Centro de Investigaciones Genómicas e Oncológicas (GENYO)

Laureano Carpio - Protoqsar



13:00
13:30

Pósters "flash talks"

Salón de Actos

C-0038 TRANSCRIPTOMA Y EPITRASCRIPTOMA MEDIANTE NANOPOROS DEL DESARROLLO HEPÁTICO BASADO EN IPSC HUMANAS

Pedro Garrido Rodríguez; María Llamas López; María Eugenia Chollet Dugarte; José Padilla Ruiz; Esther Navarro Manzano; Rosa Cifuentes Riquelme; Juan José Rojo Carrillo; Vicente Vicente; María Luisa Lozano; Sean Harrison; Gareth Sullivan; Javier Corral; Gerben Menschaert; Belén de la Morena Barrio;

C-0073 ALTERNATIVE SPLICING AS A GENE CONTROL MECHANISM IN SCHWANN CELL FUNCTIONS

Cristina Riobello Suárez; Paula Ayuso García; Sergio Velasco Avilés; Jorge Cañas Martín; Pedro Ferreira Rego; Eva María Esquinas Román; Luis Pedro Íñiguez; Manuel Irimia; Juan Valcárcel; Marta Varela Rey; Ashwin Woodhoo;

C-0084 A SINGLE CELL TRANSCRIPTOMICS META ANALYSIS REVEALS SEX-SPECIFIC PHENOTYPES IN MAIN BRAIN CELL TYPES IN PARKINSON'S DISEASE.

Fernando Gordillo-González; Irene Soler-Sáez; Borja Gómez-Cabañales; Hector Carceller; Cristina Galiana-Roselló; Marta R. Hidalgo; Francisco García-García;

C-0087 GENNIUS: AN ULTRAFast DRUG-TARGET INTERACTION INFERENCE METHOD BASED ON GRAPH NEURAL NETWORKS

Uxía Veleiro; Jesus de la Fuente; Guillermo Serrano; Marija Pizurica; Mikel Casals; Antonio Pineda-Lucena; Silve Vicent; Idoia Ochoa; Olivier Gevaert; Mikel Hernaez;

C-0103 UNVEILING SHARED TRANSCRIPTOMIC PROFILES OF MELANOMABRAINMETASTASESANDTHENEURODEGENERATIVE DISORDERS ALZHEIMER'S, PARKINSON'S AND MULTIPLE SCLEROSIS

Irene Soler Sáez; Alcida Karz; Marta R. Hidalgo; Borja Gómez-Cabañes; Adolfo López-Cerdán; José F. Català-Senent; María de la Iglesia-Vayá; Eva Hernando; Francisco García-García;

C-0109 TREEPROFILER: A COMMAND-LINE TOOL FOR COMPUTING AND VISUALIZING PHYLOGENETIC PROFILES AGAINST LARGE TREES

Ziqi Deng; Ana Hernández Plaza; Jaime Huerta Cepas



13:00 13:30	Pósters "flash talks"
	C-0135 A FUNCTIONAL CAR-T CELL ATLAS TO UNRAVEL THE REGULATORY MECHANISMS OF CAR-T CELLS <i>Sergio Cámara Peña; María E. Calleja-Cervantes; Paula Rodríguez-Marquez; Lorea Jordana-Urriza; Nir Yosef; Idoia Ochoa; Felipe Prosper; Juan R. Rodríguez-Madoz; Mikel Hernaez</i> C-0140 NEOAINT: INNOVATIVE TOOL FOR RNA-SEQ-BASED NEOANTIGEN IDENTIFICATION <i>Carlos Pérez Míguez; Adrián Mosquera Orgueira;</i> C-0150 A BIOINFORMATIC PIPELINE FOR THE IDENTIFICATION OF SNVS AND CNVS IN CIRCULATING TUMOR CELL CLUSTERS <i>Nair Varela-Rouco; Nuria Estévez-Gómez; Cristóbal Fernández-Santiago; Laura Tomás; José Antonio Trillo; Pilar Alvariño; João M Alves; Roberto Piñeiro; David Posada;</i> C-0192 SINGLE-CELL RNA-SEQ ANALYSIS REVEALS SEX AND CELL TYPE-SPECIFIC TRANSCRIPTIONAL RESPONSES IN ALZHEIMER'S DISEASE <i>Borja Gómez Cabañes; Irene Soler-Sáez; Fernando Gordillo González; Héctor Carceller; Marta R. Hidalgo; Francisco García-García;</i> C-0216 FROM DIVERSE SCANS TO GENERALIZATION: AN APPROACH FOR ROBUST ABDOMINAL ORGAN SEGMENTATION <i>Nicolás Álvarez Llopis;</i> C-0229 COXMOS: A NEW TOOL FOR SURVIVAL ANALYSIS ON OMICS AND MULTI-OMICS DATA <i>Pedro Salguero;</i> C-0236 IMPLEMENTATION OF A CUSTOM PIPELINE TO IDENTIFY AND CHARACTERIZE PLANT LONG NON-CODING RNAs <i>Pascual Villalba-Bermell; Joan Marquez-Molins; Gustavo Gomez;</i> C-0285 MOSIM: BULK AND SINGLE-CELL MULTI-LAYER REGULATORY NETWORK SIMULATOR <i>Carolina Monzó ; Carlos Martínez-Mira; Ángeles Arzalluz-Luque; Ana Conesa; Sonia Tarazona;</i> C-0287 AUTOMATION FOR FINDING SPECIES-SPECIFIC KMERS FOR PCR-CLAMPING <i>Ivan Lorca Alonso; Sandra González de la Fuente; Begoña Aguado Orea; María Santos Galindo; Paula Martínez García;</i>

C-0329 ORGANELLEPBA2: TOOLS FOR ORGANELLE ASSEMBLY AND NUCLEAR INTEGRANTS OF DNA DETECTION. <i>Victor García-Carpintero Burgos; Lluna Bellot; Aureliano Bombarely Gomez;</i>
C-0337 ISANXOT: A STANDALONE APPLICATION FOR THE INTEGRATIVE ANALYSIS OF MASS SPECTROMETRY-BASED QUANTITATIVE PROTEOMICS DATA <i>Jose Manuel Rodríguez Carrasco; Inmaculada Jorge; Emilio Camafeita; Jesús Vázquez;</i>
C-0340 BIOMEDPEDIA: A SEMANTICALLY-ENHANCED WEB RESOURCE FOR FILTERING, CLASSIFYING AND ANALYZING PUBLICATIONS IN A CONCRETE BIOMEDICAL AREA <i>María Antonia Parreño González; María del Carmen Legaz García; Fernando Pérez Sanz; Teresa Rubio Martínez-Abarca; Álvaro Hernández Vicente; Pablo Sánchez-Luengo Ruiz-Séiquer; Angel Esteban Gil;</i>
C-0344 BUGSI: BENCHMARKING UNIVERSAL GENES WITH SINGLE ISOFORMS <i>Tianyuan Liu; Alejandro Paniagua; Ana Conesa;</i>
C-0372 PATHMIR: AN OPEN WEB PLATFORM FOR FUNCTIONAL ENRICHMENT ANALYSIS OF MICRORNAs BASED ON THEIR TARGET GENES <i>María Antonia Parreño González; María del Carmen Legaz García; Fernando Pérez Sanz; Teresa Rubio Martínez-Abarca; Pablo Sánchez-Luengo Ruiz-Séiquer; Álvaro Hernández Vicente; Angel Esteban Gil;</i>
C-0377 CAASTOOLS, A BIOINFORMATICS TOOLBOX TO IDENTIFY AND TEST CONVERGENT AMINO ACID SUBSTITUTIONS THROUGH PHYLOGENETIC TESTING. <i>Fabio Barteri; Alejandro Valenzuela Seba; Xavier Farré; David de Juan; Gerard Muntané; Borja Esteve-Altava; Arcadi Navarro;</i>

13:30 15:00	Comida	
13:30 15:00	Simpósio Illumina: Leveraging genomics AI across next-generation sequencing – variants, annotation, & interpretation Ponente: Andrea Gori. Bioinformatics Sales Specialist, MED Department at Illumina	Salón de Actos



15:00 15:30	Pósters "flash talks"	Salón de Actos
	C-0044 BREAKING DATA SILOS: ESTABLISHING A FEDERATED NETWORK FOR GENOMIC VARIANTS ACROSS HOSPITALS <i>José Luis Villanueva Cañas; Guerau Fernandez; Joe Kane; Alejandro Moles-Fernández; Manuel Rueda; Marc Pybus; Cinthia Aguilera Román; Ania Alay; Celia Badenas Orquin; Nidia Barco-Armengol; Ignacio Blanco; Natalia Blay; Elisabeth Castellanos; Rafael de Cid; David Cordero; Eduardo Delgado De la Iglesia; Anna Esteve Garcia; Laura Gort Mas; Jordi Leno-Colorado; Oriol Lopez-Doriga; Irene Madrigal Bajo; Gemma Milla Martin; Aina Montalbán Casafont; Josep Oriola Ambrós; Miriam Potrony Mateu; Jordi Rambla; Laia Rodriguez-Revenga; Arnau Soler Costa; Nino Spataro; Eudald Tejero; Xavier Solé Acha; Babita Singh; Eva González Roca; Laureen Fromont; Ariadna Padró Miquel; Elena García-Arumi; Benjamin Rodriguez-Santiago; Delia Yubero;</i> C-0057 MAPPING THE DETECTABLE METABOLIC SPACE OF BIO-BASED PRODUCTION USING THE DETSPACE SERVER <i>Hèctor Martín; Ricardo Marín Bautista; Pablo Carbonell;</i> C-0065 SPATIAL TRANSCRIPTOMICS UNVEILS NOVEL POTENTIAL DISEASE MECHANISMS ASSOCIATED WITH THE BONE MARROW MICROENVIRONMENT IN MULTIPLE MYELOMA <i>Laura Sudupe; Emma Muiños-Lopez; Ana Rosa López Pérez; Amaia Vilas-Zornoza; Sarai Sarvide; Purificacion Ripalda-Cemborain; Paula Aguirre-Ruiz; Patxi San Martin-Uriz; Marta Larrayoz; Laura Alvarez-Gigli; Marta Abengoza-Muela; Itziar Cenzano; Miguel Cócera; Javier Ruiz; Ignacio Sancho; Azari Bantan; Aleksandra Kurowska; Jin Ye; Vincenzo Lagani; Bruno Paiva; Phillip Newton; Jesper Tegner; Borja Saez; Jose Angel Martinez-Climent; Isabel A. Calvo; David Gomez-Cabrero; Felipe Prosper;</i> C-0134 UNRAVELING THE PHYLOGENETIC SIGNAL OF GENE EXPRESSION FROM SINGLE-CELL RNA-SEQ DATA <i>Joao Miguel Fernandes Alves; Laura Tomás; David Posada;</i> C-0157 DATOS-CAT: METHODOLOGIES FOR THE STANDARDIZATION, INTEGRATION AND ANALYSIS OF POPULATION-BASED BIOMEDICAL COHORT GCAT <i>Aikaterini Lymperidou; Judith Martinez-Gonzalez; Alberto Labarga; Rafael de Cid; Ramon Mateo-Navarro; Guillem Bracons Cucó;</i> C-0185 PDA-CONSENSUS™: A CONSENSUS MOLECULAR CLASSIFIER FOR PANCREATIC DUCTAL ADENOCARCINOMA <i>Pablo Villoslada-Blanco; Lola Alonso; Sergio Sabroso-Lasa; Miguel Maquedano; Evangelina López de Maturana; Núria Malats</i>	

C-0196 COMPARATIVE ANALYSIS OF CLASSICAL AND DEEP SURVIVAL ANALYSIS METHODS FOR PREDICTING HOSPITALISATION AND EXITUS RISKS IN COPD PATIENTS FROM CATALONIA (SPAIN)
Enrico Manzini; Alexandre Perera Lluna;

C-0214 AN INTERPRETABLE AND ADAPTIVE AUTOENCODER FOR EFFICIENT TISSUE DECONVOLUTION
Jesus de la Fuente; Naroa Legarra Marcos; Guillermo Serrano; Irene Marín-Goñi; Aintzane Diaz-Mazkarian; Markel Benito Sendin; Ana García Osta; Krishna R. Kalari; Carlos Fernandez-Granda; Idoia Ochoa; Mikel Hernaez;

C-0260 INTRODUCTION AND EVOLUTION OF MTR MOSAIC GENES ASSOCIATED WITH AZITHROMYCIN-RESISTANT NEISSERIA GONORRHOEAE IN THE VALENCIAN REGION.
Andrea Sánchez Serrano; Luis Andrés-Villar; Fernando González-Candelas; Leonor Sánchez-Busó;

C-0265 UNCOILING VIRAL EVOLUTION: A COMPREHENSIVE ANALYSIS OF LARGE-SCALE DATA USING VIPERA (VIRAL INTRA-PATIENT EVOLUTION REPORTING AND ANALYSIS)
Miguel Álvarez-Herrera; Alejandro Sanz-Carbonell; Fernando González-Candelas; Mireia Coscollá;

C-0290 A GLOBAL SURVEY OF SYSTEM BIOLOGY-BASED PREDICTIONS OF NEW PHENOTYPE-GENOTYPE ASSOCIATIONS IN RARE DISEASES
Yolanda Benítez; Graciela Uria-Regojo; Pablo Mínguez;

C-0304 EPIBAC: A BIOINFORMATICS TOOL FOR ANALYZING ANTIMICROBIAL RESISTANT BACTERIA (AMR)
Alejandro Sanz-Carbonell; Irving Cancino-Muñoz; Carlos Valiente-Mullor; Natalia Mara Vera-Velasco; Lidia Ruiz-Roldán; Regina Antoni-Alandes; Fernando González-Candelas;

C-0312 UNRAVELING BIOMECHANICAL CONTROL MECHANISMS IN THE CELL NUCLEUS THROUGH THERMODYNAMIC MAPPING
Lucía Benito Barca; Macarena Calero; Ramiro Perezan; Sandra Montalvo Quirós; Francisco Monroy; Diego Herráez Aguilar;

C-0334 ANÁLISIS COMPUTACIONAL DEL EFECTO DE LOS FLAVONOIDES SOBRE LAS PROPIEDADES BIOMECÁNICAS DE LAS MEMBRANAS DE LOS ERITROCITOS.
Carlos del Pozo Rojas; Sandra Montalvo Quirós; Ramiro Perezan Rodríguez; Diego Herráez Aguilar;



15:00 15:30	Pósters "flash talks"
	C-0356 EVALUATION OF AN EXPLAINABLE AI ALGORITHM FOR THE CLASSIFICATION OF GENETIC VARIANTS IN HEREDITARY CANCER AND CLINICALLY RELEVANT VARIANTS FROM RARE DISEASES. <i>Laura Martínez Gomez; Raul Valin; Nooshin Bayat; Ana Fernandez; Shuya Abe; Shin-Ichiro Tago; Ceres Fernandez-Rozadilla; Jesus Garcia Mata; Masaru Fuji; Serban Georgescu;</i>
	C-0368 BIOINFORMATICS TOOLS TO EXPLOR THE MUTATIONAL LANDSCAPE OF CLONAL HEMATOPOIESIS IN SUBCLINICAL ATHEROSCLEROSIS <i>Jorge de la Barrera; Miriam Diez-Diez; Beatriz L. Ramos-Neble; Juan Carlos Silla-Castro; Borja Ibáñez; Valentin Fuster; Fatima Sanchez Cabo; Jose Javier Fuster;</i>
	C-0380 EXPLORING THE LINKAGE BETWEEN CRISPR-INDUCED BREAK REPAIR AND AAV INTEGRATION USING TARGETED AMPLICON SEQUENCING DATA <i>Martin Bilbao Arribas; Julen Torrens Baile; Laura Torella; Nerea Santana González; Nerea Zabaleta; Gloria Gonzalez Aseguinolaza;</i>
	C-0390 ANALYSIS OF EEG SIGNALS TO EVALUATE INTERHEMISPHERIC ASYMMETRIES: APPLICATION OF ACTIVE MATTER METHODOLOGIES IN POST-STROKE PATIENTS <i>Ramiro Perezan; Sandra Montalvo-Quirós; Carlos del Pozo-Rojas; Juan Pablo Romero; Francisco José Sánchez-Cuesta; Diego Herráez-Aguilar;</i>
	C-0391 IDENTIFYING CANDIDATE CONVERGENT AMINO ACID SUBSTITUTIONS RELATED TO CANCER ACROSS PRIMATE EVOLUTION <i>Miguel Ramon Alonso; Fabio Barteri; Alejandro Valenzuela; David Juan; Arcadi Navarro;</i>
	C-0394 INTEGRATIVE MULTI-OMICS CHARACTERIZATION OF KAWASAKI DISEASE VERSUS MULTISYSTEM INFLAMMATORY SYNDROME IN CHILDREN (MIS-C) <i>Marta Alonso-Caubilla; Rebeca Kennedy-Batalla; Jorge de la Barrera; Daniel Jiménez-Carretero; Manuel J. Gómez; Grupo Clínico Hospital Universitario La Paz; Grupo Clínico Hospital Universitario 12 Octubre; Grupo Clínico Hospital Universitario Gregorio Marañón; Alberto García-Salido; Teresa Albendea-Gómez; Rafael Correa-Rocha; Fátima Sánchez-Cabo*; Silvia Martin-Puig*;</i>

15:30 17:00	Taller (Demo Métodos). Patrocinado por RSG-Spain	Sala Castellón
	C-0297 DESARROLLO DE PEPTIDE MICROARRAI, PLATAFORMA PARA EL ANÁLISIS DE DATOS DE MICROARRAYS Y LA IDENTIFICACIÓN DE PÉPTIDOS BIOMARCADORES EMPLEANDO INTELIGENCIA ARTIFICIAL. <i>Sergio Olmos Piñero; Val Fernández Lanza; Miguel Ángel Sicilia Urbán; Belén de la Hoz Caballer; Javier Martínez Botas</i>	
	C-0197 HIGH-PERFORMANCE BIOINFORMATICS IN SCAYLE: LEVERAGING GPU ACCELERATION FOR ADVANCED GENOMIC ANALYSIS <i>Cristina Esteban Blanco; Jesús Lorenzana Campillo; Santiago Merino Bajo; Aroa Suárez Vega; Beatriz Gutiérrez Gil; Juan José Arranz; Hilde Pérez García</i>	
	C-0146 DOCKTOX: A MOLECULAR DOCKING PLATFORM FOR SCREENING SMALL MOLECULES TARGETING MOLECULAR INITIATING EVENTS (MIES) RELEVANT TO LIVER, KIDNEY AND BRAIN ADVERSE EVENTS <i>Rita Ortega-Vallbona; David Talavera-Cortés; Laureano E. Carpio; Erika Colombo; Alessandra Roncaglioni; Marina Garcia de Lomana; Emilio Benfenati; Domenico Gadaleta; Rafael Gozalbes; Eva Serrano-Candelas</i>	
	C-0358 UMIVAR: UMI-AWARE SIMULATION OF VARIANTS IN ALIGNMENT DATA FOR PIPELINE BENCHMARKING <i>Daniel G. Cambor; Jorge Martín-Arana; Francisco Gimeno-Valiente; Blanca García-Micó; Belén Martínez-Castedo; José F. Català-Senent; Fabián Robledo-Yagüe; Francisco Martínez-Picó; Andrés Cervantes; Noelia Tarazona</i>	
	C-0392 NOVEL COMPUTATIONAL APPROACH FOR DETECTING UNIPARENTAL DISOMY IN HIGH THROUGHPUT SEQUENCING DATA <i>Marta Sevilla Porras; Carlos Ruiz Arenas; Luis Alberto Pérez Jurado</i>	
	C-0292 INTEGRATED TOOLS FOR MANAGING AND ANALYZING HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING DATA WITHIN A BIOINFORMATICS CORE-FACILITY FOR PUBLIC HEALTH ACTIVITIES <i>Sara Varona Fernández; Sara Monzón Fernández; Luis Chapado; Pablo Mata Aroco; Jaime Ozáez; Daniel Valle-Millares; Víctor Manuel López Molina; Emilia Arjona Bolaños; Juan Ledesma; Isabel Cuesta de la Plaza</i>	

C-0093 GENOMIC FISHING AND DATA PROCESSING FOR MOLECULAR EVOLUTION RESEARCH
Hector Lorente Martinez; Ainhoa Agorreta Calvo; Etienne Kornobis; Diego San Mauro Martin

C-0362 SCDAVIS: A TOOL FOR MULTI-MODAL SINGLE-CELL DATA ANALYSIS AND VISUALIZATION
Carlos Torroja Fungairiño; Carlos Relaño Rupérez; Jon Enrique Sicilia Mambrilla; Daniel Jiménez Carretero; Fatima Sanchez Cabo

15:30 17:00	Taller: Inteligencia Artificial Generativa: <i>El bueno, el feo y el malo</i>	Salón de actos
Ponentes: Víctor Jiménez (Centro Nacional Investigaciones Cardiovasculares) José María Fernández (Barcelona Supercomputing Center) Javier Blasco (Universidad de Zaragoza)		
17:00 17:30	Pausa Café	Sesión Pósters
17:30 18:30	Conferencia Plant Genomes: Understanding Their Past and Managing Their Future <i>Doreen Ware, Cold Spring Harbor Laboratory (USA)</i>	Salón de Actos
18:30	Asamblea SEBiBC	Salón de Actos
21:30	CENA	



18 de Octubre

09:00 10:30	Comunicaciones Orales: Bioinformática Clínica y Traslacional Modera: <i>Xavier Solé</i> . Hospital Clínic de Barcelona (Barcelona, Spain)	Salón de Actos
C-0311 DISCOVERING A NEW PATIENT STRATIFICATION THROUGH A PRECISION MEDICINE APPROACH BASED ON MACHINE LEARNING ABLE TO DISTINGUISH TWO ORIGINS OF IMPLANTATION FAILURE. <i>Patricia Sebastián León; Antonio Parraga-Leo; Patricia Diaz-Gimeno</i> C-0331 A BIOINFORMATICS FRAMEWORK TO INCREASE THE DIAGNOSIS RATIO OF RARE DISEASES IN A HETEROGENOUS COHORT WITH SEQUENCED SAMPLES <i>Graciela Uría-Regojo (1); Yolanda Benítez (1,2); Pablo Mínguez (1,2,3)</i> C-0232 USING PUBLIC GENOMIC DATA TO SEARCH FOR NEOANTIGENS ACROSS PAEDIATRIC SOLID TUMOURS <i>Ramón Yarza; Andrea Moreno Manuel; Eduardo Candéal; Eduardo Aranda; Yurena Aguilar; Alba Fernández Gómez; Rebeca Sanz-Pamplona</i> C-0130 A CORRECTION-BASED BIOINFORMATICS ANALYSIS OF TUMOR-AGNOSTIC CTDNA WHOLE EXOME SEQUENCING ENHANCES MINIMAL RESIDUAL DISEASE DETECTION IN LOCALIZED COLON CANCER PATIENTS <i>Jorge Martín Arana; Francisco Gimeno-Valiente; Tenna Vesterman Henriksen; Blanca García-Micó; Belén Martínez-Castedo; Valentina Gambardella; Marisol Huerta; Carolina Martínez-Ciarpaglini; Juan Antonio Carbonell-Asins; Daniel G. Cambor; David Moro; Vicente Pla; Leticia Pérez-Santiago; Stephanie García-Botello; Alejandro Espí; Susana Roselló; Desamparados Roda; Claus Lindbjerg Andersen; Andrés Cervantes; Noelia Tarazona</i>		
09:00 10:30	Comunicaciones Orales: Herramientas y desarrollo de métodos Modera: <i>Pedro Carmona</i> . Centre for Genomics and Oncological Research, GENYO (Granada, Spain)	Salón Castellón

C-0269 ADVANCING ORTHOLOGY DETECTION METHODS FOR FUNCTIONAL PREDICTION
Ana Hernández-Plaza; Jaime Huerta-Cepas

C-0266 A PROPOSED WORKFLOW TO ANALYZE BACTERIAL TRANSCRIPTS IN RNA-SEQ FROM BLOOD EXTRACELLULAR VESICLES OF PEOPLE WITH MULTIPLE SCLEROSIS

Alex Martínez Ascensión; Miriam Gorostidi-Aicua; Ane Otaegui-Chivite; Ainhoa Alberro; Rocio del Carmen Bravo-Miana; Tamara Castillo-Trivino; Laura Moles; David Otaegui

C-0303 AMAP: ASSISTED MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS ANNOTATOR PIPELINE FOR ACCURATE PANGENOME ANALYSIS

Paula Ruiz Rodríguez; Mireia Coscolla

C-0240 BACTERIAL TAXONOMIC IDENTIFIER (BACTAX-ID) UN NUEVO MÉTODO DE CLASIFICACIÓN BACTERIANA.

Miguel D. Fernández de Bobadilla; Teresa M. Coque; Val F. Lanza

09:00 10:30	Comunicaciones Orales: Evolución Modera: <i>David de Juan</i> . Centro Nacional de Biotecnología, CNB - CSIC (Madrid, Spain)	Salón Valencia
----------------	--	-----------------------

C-0253 CLOSING THE PANGENOME: OPENNESS ANALYSIS OF >40,000 BACTERIAL GENOMES REVEALS THE LIMITS OF HEAPS' LAW.
Carlos Valiente Mullor; Fernando González Candelas

C-0082 THE CONSERVED EARLY BRAIN SHEDS LIGHT ON VERTEBRATE EVOLUTION

Rodrigo Senovilla Ganzo; Eneritz Rueda-Alaña; Enrique Vázquez de Luis; Henrik Kaessmann; Fernando García-Moreno

C-0058 HETEROGENEOUS PATTERNS OF EVOLUTION AMONG SARS-COV-2 GENES

Luis Daniel González Vázquez; Paula Iglesias Rivas; Miguel Arenas Busto

C-0143 TRACING THE EVOLUTIONARY DYNAMICS OF COLORECTAL CANCER THROUGH SINGLE-CELL PHYLOGENOMICS

Joao M Alves; Kylie Chen; Sonia Prado-López; Nuria Estévez-Gómez; Monica Valecha; Laura Tomás; Debora Chantada; Jose Manuel Cameselle-Teijeiro; Alexei Drummond; David Posada González

10:30 11:00	Pausa Café	Sesión Pósters
----------------	-------------------	-----------------------



11:00 12:30	Mesa Redonda Plataformas y Redes de Bioinformática en España	Salón de Actos
----------------	---	-----------------------

Modera

Angela del Pozo Fundación para la Investigación Biomédica del Hospital Universitario La Paz, FIBHULP (Madrid, Spain)

Ponentes

Eva Alloza (INB/ELIXIR-ES)

Carlos Parra (Hospital Virgen del Rocío y Delegado de la SEIS en Andalucía)

Pablo Mínguez (TransBioNet)

Pablo Chacón (Conexión Bioinfo CSIC)

11:00 12:30	Taller Strategies for International Funding of Computational Biology and Bioinformatics Groups Sponsored by the Conexión CSIC Biología Computacional y Bioinformática (BCB)	Salón Castellón
----------------	--	------------------------

Ana Conesa (I2SysBio, CSIC-UV): Marie Skłodowska Actions Doctoral Network program.

David Gómez Cabrero (Navarra Biomed / KAUST): Clinical Bioinformatics at Horizon Europe.

Patrick Aloy (IRB Barcelona): Structural Bioinformatics at the Horizon Europe Program.

Jamie Huerta Cepas (CBGP (UPM-INIA-CSIC): Chan Zuckerberg Initiative.

Mar Albá (IMIM): European Research Council.

12:30 13:30	Conferencia Functional, evolutionary and ecological significance of unknown genes in the global microbiome. Jaime Huerta-Cepas , Center for Plant Biotechnology and Genomics (CBGP)
13:30 14:00	Entrega de premios
14:00	Ceremonia de Clausura

INFORMACIÓN GENERAL

Fechas Congreso:

16 al 18 de Octubre de 2024

SEDE:

Feria Valencia

Av. de les Fires, s/n, Pobles de l'Oest

46035 València

Inscripciones

CUOTA DE INSCRIPCIÓN	HASTA EL 15/9/2024	DESDE EL 16/9/2024
	BÁSICA / COMPLETA*	BÁSICA / COMPLETA*<
SOCIOS	330€ / 380€*	360€ / 410€*
NO SOCIOS	400€ / 450€*	420€ / 470€*
ESTUDIANTES SOCIOS	130€ / 180€*	180€ / 230€*
ESTUDIANTES NO SOCIOS	200€ / 250€*	240€ / 290€*
Incluye asistencia, documentación y cafés		
*Incluye asistencia, documentación, cafés y cena		

CUOTA DE INSCRIPCIÓN	HASTA EL 15/9/2024	DESDE EL 16/9/2024
EVENTO RSG SPAIN SOCIOS	35€	95€
EVENTO RSG SPAIN NO SOCIOS	60€	120€
Incluye asistencia y documentación		



COLABORADOR ORO

FUJITSU

COLABORADORES PLATA



COLABORADORES BRONCE



COLABORADORES



CIAORG/2023/34



Postgrados

Empresa y Tecnología

Lidera proyectos
innovadores junto a
profesionales
expertos y partners
pioneros

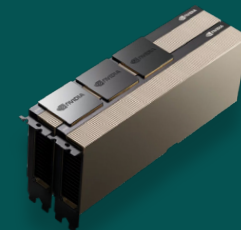
- MBA | Máster Universitario en Dirección y Gestión de empresas
- Máster en Bioinformática e IA aplicada a la Salud
- Máster en Inteligencia Artificial

Universidad Europea de Valencia
Paseo Alameda, 7. Valencia
(+34) 961 043 883

universidadeuropea.com/valencia

LA NUEVA APUESTA DE NVIDIA HACIA LA IA PARA BIOINFORMÁTICA

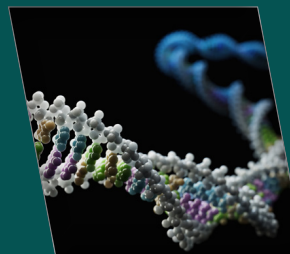
LA NUEVA H200 NVL CON 141GB DE MEMORIA
Y HASTA 3958 TFLOPS EN TENSOR CORE



CON SUSCRIPCIÓN GRATUITA DE 5 AÑOS A NVIDIA AI ENTERPRISE, QUE DA ACCESO A UNA BASTA COLECCIÓN DE APLICACIONES Y CONTENEDORES PARA MEDICINA DE PRECISIÓN.

ENTRE ELLAS:

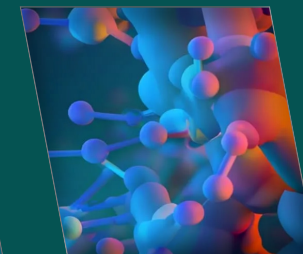
NVIDIA | PARABRICKS



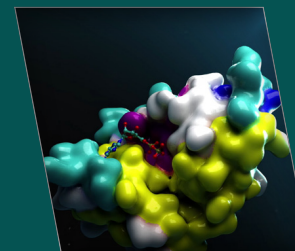
NVIDIA | CLARA



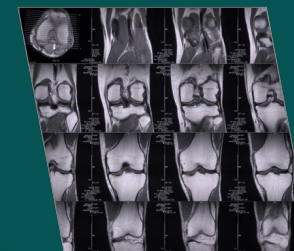
NVIDIA | NIM para ESMFold



NVIDIA | BioNeMo



NVIDIA | PyTorch



NVIDIA | MONAI

