

Villordo, Sergio Manuel

Datos Personales

DNI: 29.886.454 / CUIL N° 20-29886454-2
32 años (11-12-1982). Soltero, sin hijos.
Argentino.
Julian Alvarez 691, 2 "A", CABA, Argentina.
Teléfono particular:(011)15-69616454
Página web: <http://sergiovillordo.github.io/webpage/>
Email: villordosergiommanuel@gmail.com



Perfil Profesional

Científico de datos con amplia experiencia en minería de datos y extracción de conocimiento. Gran habilidad y talento para explotar información oculta en set de datos complejos. Sus mayores fortalezas incluyen la responsabilidad, fuerte capacidad de liderazgo y una gran motivación para el trabajo en equipo.

Facilidad para elaboración de reportes e informes y mucha claridad en la exposición de resultados. Actitud entusiasta y perseverante para alcanzar los objetivos del grupo. Rápida adaptación y aprendizaje ante nuevos desafíos.

Formación Académica

- **"Doctorado de la Universidad de Buenos Aires"** (en curso). Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina. Fecha de Ingreso: 20/09/10.
- **"Maestría en la Explotación de Datos y Descubrimiento del Conocimiento"** (en curso). Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina. Fecha de Ingreso: 12/04/13.
- **"Especialista en Explotación de Datos y Descubrimiento del Conocimiento"**. Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina. Fecha de finalización: 10/02/14.
- **"Diplomatura de Postgrado en Comunicación Científica, Médica y Ambiental"**. Instituto De Educación Continua, Universidad Pompeu Fabra. Buenos Aires, Argentina. Fecha de finalización: 14/07/12.
- **"Licenciado en genética"**. Facultad de ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina. Fecha de finalización: 05/03/09
- **"Técnico agrónomo"**. Instituto Agrotécnico Salesiano Pascual Gentilini, San José, Misiones Argentina. Fecha de finalización: 30/11/01.

Capacidades y aptitudes técnicas

- Búsqueda, limpieza y procesamiento de datos crudos (Herramientas empleadas: API de redes sociales, R, Python, OpenRefine, Tesseract).
- Diseño, implementación y manejo de bases de datos (Motores utilizados: SQLdf, PostgreSQL, SQLserver, MySQL).
- Desarrollo de modelos descriptivos y predictivos: Utilización de técnicas de regresión, métodos de clasificación por segmentación y árboles de decisión, técnicas de agrupamiento, modelos probabilísticos, redes neuronales, SVM, reglas de decisión, (Softwares empleados: R, SPSS, Weka, Matlab, Python, RapidMiner, JMP, Infostat).
- Generación y diseño de visualizaciones para el análisis y presentación de resultados (Herramientas utilizadas: Ggplot2, D3, Tableau, Illustrator, Inkscape).
- Utilización de sistemas de información geográfica (Manejo de herramientas: R-GIS, Qgis, gvGIS, PostGIS).
- Amplia experiencia en análisis de datos de datos de origen biológico: datos de secuenciación de nueva generación, imágenes de microscopía, sensores biofísicos, detectores de

fluorescencia y patrones de ensayos bioquímicos (Herramientas utilizadas: R, Biostrings, BioPerl, BioPython, Matlab, Perl, CodonCode, Origin, SigmaPlot).

- Gran habilidad para escribir reportes breves, concisos y organizados
- Amplia experiencia en el manejo de laboratorio de biología molecular y celular, y en la manipulación de virus.

Premios y distinciones

- “Hackaton Verde 2014”. Buenos Aires, 16 y 17 mayo de 2014. Organizado por el gobierno de la Ciudad de Buenos Aires. **Mención especial:** “Desarrollo de un modelo de regresión para la predicción de los niveles de residuos sólidos producidos en la ciudad de Buenos Aires”.
- “Hackaton AgroDatos 2014”, Buenos Aires, 25 de Octubre de 2014. Organizado por la Fundación Sadosky y el Ministerio de Ciencia y Tecnología de la Nación. **Mención especial** “Análisis predictivo del rendimiento de cultivos a escala de lote”.
- Facultad de ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina, 5 de marzo de 2009. **Mención especial** por dedicación al estudio durante la realización de la carrera de Grado “Licenciatura en Genética”

Antecedentes Profesionales

- 2014-2015. **Tesis de Maestría:** Laboratorio de Virología Molecular, Fundación Instituto Leloir. Buenos Aires, Argentina. **Tema de investigación:** “Utilización de técnicas de descomposición multidimensional y clustering difuso para detección de variantes de secuencia viral de baja frecuencia”.
- 2011-2012 **Especialización en el exterior:** Departamento de Microbiología e Inmunología. Universidad de California, San Francisco, USA. **Tema de investigación:** “Análisis de poblaciones virales mediante tecnologías de secuenciación profunda de ultra-resolución”.
- 2010-2015. **Tesis de doctorado:** Laboratorio de Virología Molecular, Fundación Instituto Leloir. Buenos Aires, Argentina. **Tema de investigación:** “Estudio de estructuras de ARN que regulan la replicación del virus del dengue”.
- 2008-2009 **Tesis de licenciatura:** Laboratorio de Inmunología Estructural. Fundación Instituto Leloir. Buenos Aires, Argentina. **Tema de investigación:** “Estudios genéticos y estructurales de anticuerpos de respuesta primaria contra antígenos proteicos”.
- 2006-2008 **Pasantía de especialización.** Laboratorio Biología Molecular Aplicada. Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina. **Tema de investigación:** “Estudios de la circulación de arbovirus transmitidos por mosquitos”.
- 2001-2002 **Tesina de tecnicatura:** Instituto Agrotécnico Pascual Gentilini, Misiones, Argentina. **Tema de investigación:** “Utilización de polímeros hidroabsorbentes en la agricultura”.

Idiomas

- Inglés** Nivel intermedio a avanzado.
- Portugués** Nivel intermedio.

Publicaciones en revistas científicas

- **Villordo S.M.**, Filomatori C., Sanchez-Vargas I., Blair C., Gamarnik A.V. “Dengue Virus RNA Structure Specialization Facilitates Host Adaptation”. PLoS Pathog. 2015 Jan 30;11(1):e1004604. doi: 10.1371/journal.ppat.1004604.
- De Borba L., **Villordo S.M.**, Iglesias N., Filomatori C., Gebhard L., Gamarnik A. “Overlapping Local and Long Range RNA-RNA Interactions Modulate Dengue Virus Genome Cyclization and Replication”. J Virol. 2015 Mar 15;89 (6):3430-7.

- **Villordo S.M.** And Gamarnik A.V. "Differential RNA sequence Requirement for Dengue Virus Replication in Mosquito and Mammalian Cells" *J Virol.* 2013 Aug;87(16):9365-72.
- Leal MC, Magnani N, **Villordo S.M.**, Marino Buslje C, Evelson P, Castano EM, Morelli L. "Transcriptional regulation of Insulin Degrading Enzyme modulates mitochondrial A[beta] catabolism and functionality". *J Biol Chem.* 2013 May 3;288(18):12920-31.
- Filomatori C.V., Iglesias N.G., **Villordo S.M.**, Alvarez D.E., Gamarnik A.V. "RNA sequences and structures required for the recruitment and activity of dengue virus polymerase". *J Biol Chem* (2011), 286, 6929-6939.
- **Villordo S.M.**, Alvarez D.E., Gamarnik A.V. "A balance between circular and linear forms of the dengue virus genome are crucial for viral replication". *RNA* (2010) 16, 2325-35.
- **Villordo S.M.**, Gamarnik A.V. "Genome cyclization as strategy for flavivirus RNA replication". *Virus Research* (2009) 139, 230-239.

Cursos

Métodos Actuales en Machine Learning. Pablo Granito, Lucas Uzal. Escuela de Ciencias Informáticas (ECI). Julio, 2014. Facultad de Ciencias Exactas. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.

Machine Learning. Coursera, free online courses, 2014. Andrew Ng, Stanford University, USA.

Neural Network and Machine Learning. Coursera, free online courses, 2014. Geoffrey Hinton, Toronto University, Canada.

Intensive Introductory Perl Programming course. Junio de 2012. Edita Karosiene, Department of Systems Biology. Technical, University of Denmark, Dinamarca.

Introducción a la Bioinformática. Septiembre de 2010. Fernán Agüero. Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Universidad de San Martín, Buenos Aires, Argentina.

Experiencia en Docencia

Adscripto alumno AD-HONOREM, cátedra: "Estadística I Y II", departamento de Genética, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina. Período: 11/07/2005 al 11/07/2006.

Adscripto alumno AD-HONOREM, cátedra: "Genética de Poblaciones y Cuantitativa", departamento de Genética, Universidad Nacional de Misiones, Misiones, Argentina. Período: 11/08/2006 al 11/08/2007.

Presentaciones a congresos internacionales

Villordo, S.M., Alvarez D.E., Gamarnik, A.V. "A Balance between Circular and Linear Forms of the Dengue Virus Genome is Crucial for Viral Replication". III ICGB Workshop on Human RNA Viruses. Buenos Aires, Argentina. Abril 2012

Villordo, S.M., Alvarez D.E., Gamarnik, A.V. "Different Conformations of Dengue Virus RNA Genome Are Crucial for Infectivity". A Re-Emerging Challenge in the Americas: Opportunities for Dengue Research Collaboration, National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID) National Institutes of Health (NIH). San Juan, Puerto Rico, USA. Febrero de 2011.

Villordo S.M., Filomatori C.V., Alvarez D.E., Iglesias N.G., and Gamarnik A.V. "Dynamic RNA Structures Involved in Dengue Virus Genome Amplification". 6th Mexican National Congress of Virology. Merida, Mexico. Noviembre de 2009.

Villordo S.M., Filomatori C.V., Alvarez D.E., Mondotte J.A., Gamarnik A.V., Location and Function of Dengue Virus Cyclization Sequences. 28th Annual Meeting, American Society for Virology, Vancouver, Canada. Julio de 2009.