Carlos Vigil Vásquez

Email: cvigil2@uc.cl Teléfono: +569-95644768 Github: github.com/cvigilv

EDUCACIÓN

Colegio Everest Santiago, Chile

Educación media científico-humanista completa; Marzo 2011 - Diciembre 2014

Pontificia Universidad Católica de Chile Santiago, Chile

Licenciatura en Bioquímica; Marzo 2015 - Septiembre 2020

Pontificia Universidad Católica de Chile Santiago, Chile

Alumno en vías de titulación en Bioquímica; Septiembre 2020 - presente

Habilidades

Lenguajes humanos: Castellano (nativo), Ingles (avanzado)
 Lenguajes de máquina: Julia, Python, LaTeX, R, C++, SQL, Bash

• Frameworks: Graphs.jl, CUDA.jl, Plots.jl, Scikit-Learn, Pandas, NumPy, Matplotlib, Seaborn, NetworkX,

Pingouin, dyplr, ggplot

• Herramientas: Git, GitHub, MySQL, SQLite

• Plataformas: Linux, MacOS

• Conocimientos prácticos: Sistemas de recomendación, métodos predictivos, estadística, programación lineal, teoría de grafos

/ redes, diseño experimental, visualización de datos

EXPERIENCIA

Laboratorio de Diseño Molecular, Pontificia Universidad Católica de Chile

Presencial / Remoto Julio 2017 - presente

Asistente de investigación de pregrado

Desarrollador de métodos predictivos para la determinación de blancos biológicos:
Desarrollador de herramientas para la priorización y selección de candidatos químicos:

PROYECTOS

- SLiP: SchuellerLab Ligand Priorization Pipeline: algoritmo de selección y priorización de candidatos químicos obtenidos a partir de un algoritmo predictivo desarrollado en el marco del Concurso de Investigación de Pregrado Invierno 2017. Implementación de flujo de trabajo ayudó a acelerar en un orden de 10 veces el proceso de búsqueda y selección de candidatos a pruebas experimentales para compuestos químicos en un contexto de desarrollo farmacológico para enfermedades trombóticas. Tecnología usada: GOLD, Python, Pandas, MatplotLib, Bash. Fecha de termino del proyecto: Diciembre, 2017
- Integrando información química, estructural y relacional para predecir interacciones proteína-ligando utilizando redes moleculares: algoritmo predictivo basado en redes heterogéneas para el descubrimiento y reposicionamiento de fármacos en un contexto de desarrollo y descubrimiento farmacológico desarrollado en el marco del curso BIO296F: "Seminario de Investigación". Desarrollo de método predictivo basado en redes mostró alcanzar y superar el rendimiento de métodos predictivos del estado del arte.

 Tecnología usada: Python, Pandas, NetworkX, Matplotlib, Seaborn, Sklearn, SQL, Bash. Fecha de termino del proyecto: Julio, 2020
- Paradoja de uniones débiles para la predicción de novo de blancos (en desarrollo): desarrollo de algoritmo predictivo basado en el formalismo de inferencia basada en redes junto con nociones de similitud química y la paradoja de uniones débiles desarrollado en el marco del curso BIO285D "Memoria de Investigación". El algoritmo propuesto demostró presentar un rendimiento predictivo mejor que el visto en el estado de arte, además de presentar ventajas para la predicción de blancos en escenarios complejos. Tecnología usada: Julia, Graphs.jl, CUDA.jl, Python, Pandas, Sklearn, Matplotlib, Seaborn, SQL, Bash. Fecha esperada para el termino del proyecto: Diciembre, 2021

Presentaciones

- Limits and potential of in silico target prediction by chemical similarity: Poster presentado en el marco del congreso internacional ISCB-LA (Octubre, 2018)
- DDTNBI: de novo target prediction using a social network-derived method: Poster presentado en el marco del congreso internacional ISMB/ECCB (Agosto, 2021)

Premios

- Concurso de Investigación de pregrado Invierno 2017: Proyecto ganador titulado: "Predicción y priorización in silico de nuevos blancos de fármacos."
- Concurso de Investigación de pregrado Verano 2020: Proyecto ganador titulado: "Utilización de redes bioquímicas para la predicción de nuevos fármacos para el factor Xa de coagulación (FXa)"

OTROS

- Codelegado de la Asociación de Estudiantes de Bioquímica (ANEB): Periodo: 2018
- Miembro de la Asociación de Estudiantes de Bioquímica (ANEB): Periodo: 2016 presente
- Miembro de la International Society for Computational Biology (ISCM): Periodo: 2018 y 2021