

# Maestría en Ingeniería Matemática

## Propuesta de Tesis



### Título de la propuesta

Procesamiento de señales e imágenes en aplicaciones biomédicas

### Identificación del proponente

Nombre: Federico Lecumberry

Lugar de trabajo: IIE, FIng / Institut Pasteur de Montevideo

Información de contacto: fefo@fing.edu.uy

### Área Temática

Procesamiento de señales e imágenes, reconocimiento de patrones, análisis de datos multidimensionales.

### Perfil esperado del estudiante

Se requieren conocimientos de Cálculo, Geometría Analítica, Álgebra Lineal, Probabilidad y Estadística, así como manejo de herramientas de programación. Se recomiendan conocimientos de Optimización. Ejemplos de perfiles: egresados de las carreras de Ingeniería Eléctrica, Ingeniería en Computación, o Licenciados en Matemática o Física.

### Resumen

En el “Laboratorio de Procesamiento de Señales” del Institut Pasteur de Montevideo (unidad mixta con Facultad de Ingeniería) realizamos investigación en procesamiento de señales con aplicaciones biomédicas. Como posibles líneas de investigación y sus aplicaciones mencionamos:

- Evaluación de nuevas metodologías para el análisis de consistencia y reducción de datos, y estimación de resolución con aplicación a reconstrucción de complejos macromoleculares y proteínas por Cristalografía de Rayos X.
- Desarrollo de modelos para segmentación y seguimiento de objetos, así como extracción de datos y su análisis estadístico en secuencias de imágenes de microscopía confocal o de fluorescencia.
- La “revolución en resolución” en microscopía óptica o super-resolución, refiere a nuevos métodos que permiten superar el límite físico dado por la difracción de la luz. En esta línea buscamos trabajar con algunos métodos estocásticos de procesamiento de las imágenes adquiridas.
- Las técnicas modernas de extracción de datos genómicos logran datos de muy alta dimensionalidad donde el análisis con los métodos estadísticos clásicos fallan, pudiendo ser considerados un caso de “Big Data”. En esta línea se busca estudiar métodos de análisis de datos genómicos (y fenotípicos) con herramientas de reconocimiento de patrones (machine learning) para predicción genómica.