

Justo García

Oro Verde, Entre Ríos | justo.garcia@ingenieria.uner.edu.ar | +54 9 3444 62 6580 | justog220.github.io | github.com/justog220

Sobre mí

Soy un estudiante avanzado de la Licenciatura en Bioinformática cursando mi último cuatrimestre, apasionado por la programación y la investigación. Actualmente, estoy buscando involucrarme en proyectos para el desarrollo de mi tesis de grado y quiero seguir formándome en instancias de posgrado. Mi objetivo profesional es convertirme en un investigador en el campo de la bioinformática, donde pueda aplicar mis conocimientos y habilidades para resolver problemas complejos y contribuir al avance de la ciencia. Me dedico a explorar la intersección entre biología y tecnología, y busco constantemente oportunidades para aprender y crecer en esta disciplina.

Educación

Instituto San José D48 , Bachiller en Ciencias Naturales	Marzo 2015 - Diciembre 2020
Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Entre Ríos , Licenciatura en Bioinformática	Febrero 2021 - Actualidad

- Promedio general, incluyendo aplazos, al 14/07/2024: 8,64
- 1 aplazo

Experiencia

Becario en proyecto de investigación y desarrollo "Estudio del proceso de diseño y desarrollo de interfaces de usuario para aplicaciones de Internet de las Cosas" , Facultad de Ingeniería UNER – Oro Verde, Entre Ríos	Julio 2023 – Actualidad
<ul style="list-style-type: none">• Pensamiento crítico y analítico• Resolución de problemas en entornos colaborativos• Introducción a UX/UI• Gestión de tiempo y prioridades	

Publicaciones

Poster: "Bacterias fluorescentes asociadas a escorpiones de importancia sanitaria. Un abordaje experimental implementado en contexto de enseñanza en el/la/le estudiante"	Junio 2023
Boero, M; Erni, E; Escobar Guardia, A; García, J ; Gasco Aguerri, I; Gonzales, C; Machtey, M; Schierloh, L.	

Proyectos

A continuación se listan proyectos que fui llevando a cabo en el cursado de mi carrera de grado. La mayoría de ellos surgen como respuesta al incentivo y la libertad creativa proporcionada por las asignaturas, permitiéndome explorar temas de interés personal y desarrollar soluciones innovadoras.

Integración de técnicas bioinformáticas para el estudio de proteínas desconocidas	github.com/justog220/ABP-EB
<ul style="list-style-type: none">• Utilización de diferentes bases de datos relevantes en el campo• Alineamiento de secuencias• Construcción de árboles filogenéticos• Obtención programática de estructuras• Docking• Screening• Análisis de datos	

- Consolidación en un flujo de trabajo o pipeline
- Comunicación de resultados

RBPdb

[github.com/justog220/
RBPdb](https://github.com/justog220/RBPdb)

Diseño e implementación de una base de datos para almacenar información sobre proteínas de unión al ARN.

- Desarrollo del esquema de la base de datos utilizando SQL para asegurar la eficiente organización y acceso a los datos.
- Implementación de scripts en Python para la extracción, transformación y carga (ETL) de datos de fuentes públicas.
- Cruce eficiente de datos de diferentes bases de datos mediante web scrapping enriqueciendo la información de la base de datos.
- Creación de una interfaz web utilizando Dash y Bootstrap para facilitar la consulta y visualización de la información almacenada.

Herramienta de seguimiento de interacciones del usuario con prototipos

[github.com/justogm/
user-gaze-track](https://github.com/justogm/user-gaze-track)

Aplicación web utilizando Flask y WebGazer.js para realizar el seguimiento y registro de la vista del usuario sobre un prototipo de Figma.

- Implementación de un sistema de seguimiento ocular en tiempo real utilizando WebGazer.js.
- Diseño de una interfaz de usuario intuitiva y fácil de usar para visualizar datos de seguimiento.
- Uso de Flask para desarrollar una backend robusto y eficiente.

Análisis de densidad de mosquitos con datos de ovitrampas y Landsat 8

[github.com/justog220/TIF-
Geomatica](https://github.com/justog220/TIF-Geomatica)

Investigación sobre la densidad de mosquitos utilizando datos obtenidos de ovitrampas y el satélite Landsat 8 para identificar patrones de distribución y áreas de alta incidencia.

- Recopilación y preprocesamiento de datos de ovitrampas y del satélite Landsat 8 para su análisis conjunto.
- Implementación de algoritmos de procesamiento de imágenes satelitales utilizando Python y librerías como GDAL y Rasterio.
- Utilización de técnicas de análisis espacial en QGIS para correlacionar la información de ovitrampas con las imágenes satelitales.
- Análisis para identificar factores ambientales asociados con la densidad de mosquitos.
- Generación de mapas de calor y otros tipos de visualizaciones para representar la distribución espacial de los mosquitos.
- Documentación del proceso y los resultados del análisis en un repositorio de GitHub, proporcionando guías detalladas y códigos reproducibles.

Cursos extracurriculares

Asistencia a 13va Conferencia Argentina de Bioinformática y Biología Computacional y 13va Conferencia Internacional de la Sociedad

Noviembre 2023

Iberoamericana de Bioinformática, Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional - Red Iberoamericana de Inteligencia Artificial para Big Biodata

Introducción a Herramientas de Bioinformática y Biología Computacional en Microbiología, Asociación Argentina de Microbiología

Octubre 2023

Curso Introductorio Python, IEEE-ITBA

Mayo 2023

Idiomas

- **Español:** Lengua materna.
- **Inglés:** B2 (FCE).

Habilidades

Habilidades blandas: Responsabilidad, Trabajo en equipo, Resolución de problemas, Capacidad de trabajo, Habilidad para aprender, Capacidad de organización, Comunicación efectiva, Uso de herramientas informáticas, Flexibilidad y adaptabilidad, Puntualidad y compromiso, Interés por el aprendizaje, Gestión de bibliografía.

Habilidades técnica: Programación en diversos lenguajes, Análisis de datos, Diseño y manejo de base de datos, Uso de herramientas bioinformáticas, Familiaridad con herramientas de machine learning, Visualización de datos, Conocimientos en Linux y scripting, Manejo de versiones con Git y GitHub, Uso de herramientas estadísticas avanzadas, Desarrollo y análisis de algoritmos, Desarrollo de proyectos de investigación en bioinformática, Web Scrapping, Desarrollo de aplicaciones web, Cómputo paralelo.

Tecnologías

Lenguajes: C++, C, Python, SQL, Bash, HTML

Software: Git, VSCode, QT Design, Figma, Gestores de bases de datos

Herramientas y Librerías: Pandas, NumPy, Biopython, SciPy, Matplotlib, Seaborn

Tecnologías Web: Flask, Django, Bootstrap, GitHub Pages

Otras Herramientas: LaTeX, Gaussian, VMD, Sistemas operativos Linux, Blast, AutoDock Vina, ClustalO, FastTree