



JORNADAS DE
INVESTIGADORES EN
FORMACIÓN EN CYT
2021



**LIBRO DE RESÚMENES DE LAS IV JORNADAS DE INVESTIGADORES EN
FORMACIÓN CYT – UNQ**

DEPARTAMENTO DE CIENCIA Y TECNOLOGÍA – UNQ

UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

BERNAL, ARGENTINA, MARZO DE 2021

DISEÑO Y COMPILACIÓN: PAULA BENENCIO Y LAUTARO MAIDANA

Siguiendo el camino de las anteriores tres presentaciones, la edición 2021 de las Jornadas de Investigadores en Formación en Ciencia y Tecnología de la Universidad Nacional de Quilmes (JIF-UNQ) buscará ser un foco de inclusión de estudiantes avanzados e investigadores en los primeros tramos de la carrera científica.

El evento, organizado por estudiantes, graduados y docentes, propone una mirada dinámica e interdisciplinar de las problemáticas abordadas por los diversos grupos de investigación y desarrollo radicados en la UNQ, fomentando el intercambio de conocimiento entre miembros de la comunidad y participantes externos.

Los desafíos que este año nos impuso la pandemia nos han llevado como comunidad a buscar nuevas formas de difundir nuestro trabajo. Las JIF se han visto profundamente atravesadas por este nuevo paradigma, que nos exige readaptarnos a los nuevos dispositivos y herramientas disponibles. Es por esto que esta IV edición de las Jornadas se realiza de forma virtual, entre los días 25 y 27 de marzo de 2021, a través de la página de eventos de la Universidad. Los invitamos a debatir, intercambiar perspectivas y conocer el trabajo que se está realizando en el amplio campo de la ciencia y la tecnología.

ORGANIZADORES

COMITÉ ORGANIZADOR

Ayelén Sosa, Clara Agnello, Damián Lampert, Daniela Maza Vega, David Ybarra, Fernando Alvira, Francisco Rosa, Lautaro Maidana, Liliana Viera, Lucas Dettorre, Lucas Viscaino, María Cecilia Lira, Nicolas Ducasa, Romina Armando, Sol Flores

ARQUITECTURA NAVAL

Fernando Alvira

AUTOMATIZACIÓN, CONTROL E INFORMÁTICA

Fernando Alvira, Sol Flores

BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

Agustín Ormazabal, Clara Agnello, Lautaro Maidana

BIOLOGÍA Y BIOQUÍMICA

Cecilia Centola, Mercedes Pastorini, Nicolas Ducasa, Paula Benencio, Romina Armando

CIENCIA Y TECNOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

Damián Lampert, Lucas Viscaino, Luciana Garofalo, Lorena Gonzalez

CIENCIAS DE LA SALUD

Facundo Di Diego, Francisco Rosa, Ignacio Aiello, María Cecilia Lira, Vanesa Mattera

ESTUDIOS SOCIALES, DE GÉNERO Y DEMOCRATIZACIÓN EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA

Claudia Landaburu, Damián Lampert, Laura Trebucq, Liliana Viera

MICROBIOLOGÍA Y PROCESOS BIOTECNOLÓGICOS

Ayelén Sosa, Ema Cavallo, Lucas Dettorre, Romina F. Varela

NANOTECNOLOGÍA

Ayelén Sosa, Constanza Aguiar, Daniela Maza Vega, David Ybarra, Marcela Rial

COMITÉ CIENTIFICO

ARQUITECTURA NAVAL

Arq. Nav. Enrique Mich, Ing. Jorge Perez Patiño, Mg. Luis M. Martínez, Ing. Horacio C. Chakass, Ing. Hugo A. Tosco, Arq. Nav. Pedro Claret

AUTOMATIZACIÓN, CONTROL E INFORMÁTICA

Dr. Alejandro Díaz-caro, Dra. Carolina Evangelista, Dr. Demian Garcia Violini, Dra. Gabriela Arevalo, Ing. Virginia Mazone

BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

Dra. Carolina Cerrudo, Dra. Julia Amundarain, Lic. Mauro Bringas, Dra. Melisa Gantner, Dr. Nicolas Palopoli, Dr. Tadeo Saldaño

BIOLOGÍA Y BIOQUÍMICA

Dr. Alejo Gianotti, Dra. Florencia Gottardo, Dr. Juan Manuel Carballeda, Dra. Maia Cabrera, Dra. Malena Mul Fedele, Dr. Patricio Sobrero

CIENCIA Y TECNOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

Dra. Alfonsina Moavro, Dra. Carolina Ollé Resa, Dra. María Verónica Fernandez, Lic. Noelia Fernanda Paz, Mg. Sebastián Oddone, Dr. Silvio Rodriguez

CIENCIAS DE LA SALUD

Dra. Agata Cevey De Laforé, Dr. Alejandro Orlowski, Dra. Carla Capobianco, Dra. Melisa Sayé, Dr. Santiago Plano

ESTUDIOS SOCIALES, DE GÉNERO Y DEMOCRATIZACIÓN EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA

Dra. Alejandra Larsen, Dra. Claudia Arango, Dr. Esteban Gudiño, Mg. Florencia Pizzarulli, Dra. Gabriela Bortz, Dr. Ignacio Idoyaga, Dra. Maria Laura Carbajal

MICROBIOLOGÍA Y PROCESOS BIOTECNOLÓGICOS

Dr. Gastón Ortiz, Dr. Matías Nobile, Dra. Natalia Brizuela, Dra. Natalia Porcionato, Dra. Pamela Bernabeu, Dra. Yamila Santillan

NANOTECNOLOGÍA

Dra. Ana Paula Perez, Dra. Constanza Flores, Dr. Cristian Lillo, Dra. Estefanía Achilli, Dr. Fernando Alvira, Dr. Gabriel Lavorato

CONTENIDO

CRONOGRAMA	7
CHARLAS PLENARIAS	8
ÍNDICE DE RESÚMENES	9
SIMPOSIOS	
ARQUITECTURA NAVAL.....	23
AUTOMATIZACIÓN, CONTROL E INFORMÁTICA.....	37
BIOLOGÍA COMPUTACIONAL Y BIOINFORMÁTICA.....	63
BIOLOGÍA Y BIOQUÍMICA	79
CIENCIA Y TECNOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS	109
CIENCIAS DE LA SALUD	143
ESTUDIOS SOCIALES, DE GÉNERO Y DEMOCRATIZACIÓN EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA.....	184
MICROBIOLOGÍA Y PROCESOS BIOTECNOLÓGICOS	199
NANOTECNOLOGÍA.....	222



DESARROLLO DE UN SOFTWARE PARA DETECTAR Y CUANTIFICAR LA MARCACIÓN POR INMUNOHISTOQUÍMICA EN BIOPSIAS

Michael Quiñones¹, Juan Doctorovich¹, Natalia Revollo¹, Norberto Ariel Gandini², Claudio Delrieux¹ y Georgina Coló²

1. Departamento de Ingeniería Eléctrica y de Computadoras, Universidad Nacional del Sur (DIEC-UNS).

2. Laboratorio de Biología del Cáncer, Instituto de Investigaciones Bioquímicas de Bahía Blanca (INIBIBB-UNS-CONICET).

gcolo@inibibb-conicet.gob.ar

Palabras claves: Inmunohistoquímica, Software, IRS

Para la detección de los niveles de expresión de proteínas en biopsias humanas y tejidos provenientes de modelos experimentales, se utiliza la técnica de inmunohistoquímica (IHQ). Esta técnica es de elección por patólogos e investigadores para estudiar biomarcadores relacionados con el desarrollo del cáncer y de otras patologías en tejidos. Ante la necesidad de estandarizar la cuantificación de los niveles de expresión del biomarcador y atendiendo a recomendaciones de sociedades biomédicas, nos propusimos como objetivo el desarrollo de un software que permitiera la detección y cuantificación de los niveles de expresión de proteínas por IHQ.

Se emplearon biopsias humanas de gliomas y carcinomas de colon, cabeza y cuello, pulmón, tiroides y mama provenientes de hospitales de Bahía Blanca. Además, se emplearon muestras provenientes de modelos animales singeneicos y de xenotransplantes. Las muestras fueron procesadas mediante la técnica de IHQ para determinar la expresión de varias proteínas de interés de diagnóstico asistencial y de investigación. La digitalización de los cortes histológicos a distintos aumentos se realizó empleando microscopio Olympus CX31 acoplado a sistema de captura de imágenes. Las muestras fueron previamente semicuantificadas por el método IRS (immunoreactive score): producto de la multiplicación del valor de intensidad de la coloración marrón (0-3) y el número de células positivas marcadas (0-4), por tres observadores independientes. Se separaron las biopsias en IRS alto (IRS=12 a 9), moderado (IRS=8,9 a 4), bajo (IRS=3,9 a 1) y nulo (IRS<1), para el desarrollo del software. Utilizando el lenguaje Python se entrenó un modelo de aprendizaje supervisado (Random Forest) con diferentes regiones de interés y desinterés. El desempeño del modelo se refleja en una matriz de confusión. Se propone una disposición, para mediante la digitalización de las muestras y herramientas de inteligencia artificial, enseñarle al software a detectar los núcleos celulares, segmentar la zona de interés alrededor de esta organela y relacionar la cantidad de marcación positiva con el total de la imagen.

El desarrollo de un software que permita la correcta detección y cuantificación de células positivas para la reacción de IHQ, complementa la labor del investigador en la determinación del IRS, reduciendo los márgenes de errores humanos y acelerando los tiempos del análisis de tejidos inmunomarcados.