



UNIVERSIDAD COMPLUTENSE
MADRID

AVISO DE CONFERENCIA

R, paralelización, datos masivos y aplicaciones web: ejemplos del uso de R en bioinformática

Prof. Ramón Díaz-Uriarte

Departamento de Bioquímica de la Universidad Autónoma de Madrid

Facultad de Informática

Sala de Grados • 9 de mayo de 2012 • 16: 00

entrada libre hasta completar el aforo

resumen:

En esta conferencia se resumirán experiencias en la utilización de R en aplicaciones web para el análisis de datos genómicos. Se explicará el uso de R con paralelización (vía MPI) en clusters de computación y el manejo de datos masivos (con el paquete ff). También se discutirán algunas peculiaridades del desarrollo de este tipo de aplicaciones web de alto rendimiento, como la necesidad de alta disponibilidad y tolerancia a fallos, y el empleo de otros lenguajes además de R. Por último, se comentarán los posibles cambios en la administración de los clusters y en estrategias de programación asociados a la disponibilidad de servidores con muchos núcleos y abundante memoria RAM en una única placa.

sobre Ramón Díaz-Uriarte:

Profesor Titular del departamento de Bioquímica, Universidad Autónoma de Madrid (UAM). Nueve años como investigador en el CNIO (Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas). Es Doctor por la University of Wisconsin-Madison, EEUU donde también cursó Master en Estadística y en Biometría. Es administrador del cluster de computación de 30 nodos (servidores IBM Xeons) del CNIO y co-administrador del cluster de computación de 33 nodos (servidores AMD Opteron) ambos sistemas para computación bioinformática y estadística. Es y ha sido investigador principal de varios proyectos competitivos financiados en el ámbito de la Bioinformática. Imparte entre otras las asignaturas: Bioinformática en el Programa Oficial de Postgrado en Biofísica de la UAM y Bioinformática Avanzada y Biología de Sistemas. Editor asociado de revistas científicas BMC Bioinformatics, Journal of Statistical Software. Revisor para las revistas Nature Biotechnology, Bioinformatics, BMC Bioinformatics, BMC Genomics, IEEE Transactions in Computational Biology and Bioinformatics, Journal of Statistical Software, R News, Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology, The American Naturalist, Behavioral Ecology and Sociobiology, Canadian Journal of Zoology, Evolution, Genome Biology, Herpetologica, IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, Journal of Biopharmaceutical Statistics, Journal of Comparative Psychology, Journal of Evolutionary Biology, Journal of Experimental Biology, Journal of Herpetology, Journal of Multivariate Analysis, Systematic Biology.