



ERNESTO CONTRERAS TORRES

Generado desde: Editor CVN de FECYT

Fecha del documento: 31/01/2023

v 1.4.3

8c7963b73b56c33aa022e8b7277529d5

Este fichero electrónico (PDF) contiene incrustada la tecnología CVN (CVN-XML). La tecnología CVN de este fichero permite exportar e importar los datos curriculares desde y hacia cualquier base de datos compatible. Listado de Bases de Datos adaptadas disponible en <http://cvn.fecyt.es/>



Resumen libre del currículum

Descripción breve de la trayectoria científica, los principales logros científico-técnicos obtenidos, los intereses y objetivos científico-técnicos a medio/largo plazo de la línea de investigación. Incluye también otros aspectos o peculiaridades importantes.

Ingeniero en Ciencias Informáticas en 2012 por la Universidad de Ciencias Informáticas, La Habana, Cuba y Master en Bioinformática y Biología Computacional en 2016 por la UCLV, Santa Clara, Cuba. Docente de Inteligencia Artificial, Desarrollador e Investigador en la UCI de 2013-2018. Ha publicado 8 artículos en el campo de la Quimio y Bioinformática y coautor de un premio de la Academia de Ciencias de Cuba. Mis principales intereses de investigación son el aprendizaje automático, la Bioinformática y la optimización.



ERNESTO CONTRERAS TORRES

Apellidos: **CONTRERAS TORRES**
Nombre: **ERNESTO**
ORCID: **0000-0003-4761-1784**
C. Autón./Reg. de contacto: **País Vasco**

Situación profesional actual

Entidad empleadora: ASOC BCAM - BASQUE CENTER FOR APPLIED MATHEMATICS



Formación académica recibida

Titulación universitaria

Estudios de 1º y 2º ciclo, y antiguos ciclos (Licenciados, Diplomados, Ingenieros Superiores, Ingenieros Técnicos, Arquitectos)

- 1 Titulación universitaria:** Titulado Superior
Nombre del título: MASTER EN BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL
Entidad de titulación: UNIVERSIDAD CENTRAL MARTA ABREU DE LAS VILLAS
Fecha de titulación: 19/04/2016
- 2 Titulación universitaria:** Titulado Superior
Nombre del título: Ingeniero en Informática
Entidad de titulación: UNIVERSIDAD DE LAS CIENCIAS INFORMATICAS
Tipo de entidad: Universidad
Fecha de titulación: 29/04/2012

Actividad docente

Dirección de tesis doctorales y/o proyectos fin de carrera

- 1 Título del trabajo:** Modelos de rasgos de bilineales aplicados a la predicción de propiedades biológicas en proteínas
Entidad de realización: Universidad de Ciencias Informáticas
Alumno/a: Juan Carlos Sánchez Rodríguez
- 2 Título del trabajo:** Modelos de rasgos de contacto bilineales aplicados a la predicción de propiedades biológicas en proteínas
Alumno/a: Lisdairy Sanabria Balber



Actividades científicas y tecnológicas

Producción científica

Publicaciones, documentos científicos y técnicos

- 1** Fuzzy spherical truncation-based multi-linear protein descriptors: From their definition to application in structural-related predictions. 2022.
Tipo de producción: Artículo científico
- 2** Searching glycolate oxidase inhibitors based on QSAR, molecular docking, and molecular dynamic simulation approaches. 2022.
Tipo de producción: Artículo científico
- 3** LEGO-based generalized set of two linear algebraic 3D bio-macro-molecular descriptors: Theory and validation by QSARs. 2020.
Tipo de producción: Artículo científico
- 4** MuLiMs-MCoMPAs: A Novel Multiplatform Framework to Compute Tensor Algebra-Based Three-Dimensional Protein Descriptors. 2020.
Tipo de producción: Artículo científico
- 5** Tensor Algebra-based Geometrical (3D) Biomacro-Molecular Descriptors for Protein Research: Theory, Applications and Comparison with other Methods. 2020.
Tipo de producción: Artículo científico
- 6** Tensor Algebra-based Geometrical (3D) Biomacro-Molecular Descriptors for Protein Research: Theory, Applications and Comparison with other Methods. 2019.
Tipo de producción: Artículo científico
- 7** Predicting structural classes of proteins by incorporating their global and local physicochemical and conformational properties into general Chou's PseAAC. 2018.
Tipo de producción: Artículo científico
- 8** Examining the predictive accuracy of the novel 3D N-linear algebraic molecular codifications on benchmark datasets. 2017.
Tipo de producción: Artículo científico
- 9** Novel 3D bio-macromolecular bilinear descriptors for protein science: Predicting protein structural classes. 2015.
Tipo de producción: Artículo científico
- 10** QuBiLS-MIDAS: A parallel free-software for molecular descriptors computation based on multilinear algebraic maps. 2014.
Tipo de producción: Artículo científico