

Leandro A. Bugnon

www.lbugnon.github.io | lbugnon@sinc.unl.edu.ar

+54 342 5227889 | DNI 33312127 | Fecha de nacimiento 02/12/1987

Bio

Bioingeniero (UNER, 2013) y Doctor en Ingeniería (UNL, 2018). Desde 2020 Investigador en el Insituto de Investigación en Señales, Sistemas e Inteligencia Computacional, sinc(i) - UNL - CONICET (Investigador Adjunto desde 2025). Profesor Adjunto en la Universidad Nacional del Litoral y Universidad Austral en cursos de aprendizaje automático, deep learning, procesamiento de imágenes y lenguaje natural, y gestión de proyectos. Trabajo en desafíos del aprendizaje automático y la inteligencia artificial en la bioinformática, visión computacional, y señales biomédicas.

Formación de Recursos Humanos

- 2025- **Dirección de tesis doctoral**, *Bruno Breggia*, sinc(i)-UNL
- 2025- **Codirección de tesis doctoral**, *Guillermo Kulemayer*, sinc(i)-UNL
- 2024- **Dirección de tesis doctoral**, *Sofía Duarte*, sinc(i)-UNL
- 2024-2025 **Dirección de beca de iniciacion a la investigación (Cientibeca UNL)**, *Matilde Garelik*, sinc(i)-UNL
- 2024-2025 **Dirección de proyecto final**, *Alejandra Del Porto*, Especialización en IA, UBA
- 2023- **Codirección de tesis doctoral**, *Juan Beret*, UNL
- 2023- **Dirección de tesis doctoral**, *Luciano Zablocki*, sinc(i)-UNL
- 2023-2024 **Codirección de beca de iniciación a la investigación (Cientibeca UNL)**, *Ignacio Fucks-mann*, sinc(i)-UNL
- 2023-2024 **Dirección de proyecto final de carrera**, *Mariano Ramonel*, Bioingeniería, Facultad de Ingeniería - UNER
- 2023- **Dirección de tesis de maestría**, *Verónica Fumero*, Maestría en Ciencia de Datos, Universidad Austral
- 2022-2023 **Dirección de tesis de maestría**, *Franco Lianza*, Maestría en Ciencia de Datos, Universidad Austral
- 2022-2023 **Dirección de proyecto final de carrera**, *Axel Gorostidi*, II, FICH-UNL
- 2022-2023 **Dirección de proyecto final de carrera**, *Estanislao Clausich*, II, FICH-UNL
- 2022- **Comisión asesora de tesis doctoral**, *Diana Mora Fonnegra*, Universidad Nacional de Córdoba
- 2021-2022 **Dirección de proyecto final de carrera**, *Francisco Sturniolo*, II, FICH-UNL

Desarrollo tecnológico y servicios

- 2024- **Desarrollo de herramientas basadas en IA para bioinformática**, Cellco (stealth startup)
- 2022-2024 **Consultoría para desarrollo de herramientas basadas en visión computacional**, La Segunda Seguros
- 2020 **Desarrollo de métodos basados en aprendizaje profundo para segmentación y clasificación de imágenes de frutas**, Convenio I+D con JIDDU Inc (California, USA)
- 2020-2021 **Desarrollo de algoritmos inteligentes para procesamiento de señales de un holter cardíaco**, Convenio I+D con Ekosur S.A.
- 2019-2020 **Desarrollo de métodos basados en aprendizaje profundo para procesamiento de imágenes**, Convenio I+D con JIDDU Inc (California, USA)
- 2019 **Desarrollo de sistema para generación y lectura de marcas de agua invisibles en logos comerciales impresos**, Convenio I+D con Cartocor S.A.
- 2019-2020 **Desarrollo de algoritmos para estimación automática de presión arterial**, Convenio I+D con Ekosur S.A.

- 2019 **Desarrollo de algoritmos para controlar el inflado del manguito e implementación de nuevos métodos de estimación de presión sistólica y diastólica**, Convenio I+D con Ekosur S.A.
- 2019 **Desarrollo de un modelo de aprendizaje automático para la predicción de desnutrición y otros trastornos del crecimiento en niños**, Registro de Propiedad Intelectual DNDA 2019 37825174. Convenio I+D con Excelencia Soluciones Informáticas S.A.

Financiamiento y premios

- 2025 **Premio Estímulo**, *Academia Nacional de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, Premio estímulo en el área Ciencias de la Ingeniería
- 2025 **CAID UNL**, Nuevos modelos de extremo a extremo basados en aprendizaje de representaciones y redes neuronales en grafos para datos secuenciales con aplicaciones en bioinformática, Investigador en grupo responsable
- 2024 **PICT**, Aprendizaje de representaciones y redes en grafos para modelos de extremo a extremo en datos secuenciales con aplicación a la predicción de estructuras en bioinformática, Investigador en grupo responsable
- 2023 **Premio Balseiro**, *Senado de la Nación Argentina, Foro de Ciencia y Tecnología para la Producción*, Premio a las iniciativas de vinculación tecnológica, categoría investigador joven
- 2023 **PEIC I+D**, *Plan de Excelencia en Investigación Científica 2022 Santa Fe*, Inteligencia artificial para caracterizar secuencias largas de ARN con importancia biotecnológica
- 2023 **PEIC A**, *Plan de Excelencia en Investigación Científica 2022 Santa Fe - Programa de Actualización del Equipamiento Científico Tecnológico*, Actualización, ampliación y puesta a punto de equipos de cómputo de altas prestaciones para investigación y desarrollo de herramientas basadas en aprendizaje profundo con aplicaciones en salud y agricultura de precisión
- 2023 **Competencia de datos EPIC23**, 3er lugar en competencia de aprendizaje automático y reconocimiento de emociones "Emotion physiology and experience collaboration (EPIC - ACII23)
- 2023 **Premio CiTA 2023**, Mención especial en la categoría Salud y cuidado del operario y medio ambiente de datos, "Contando hormigas para ser sustentables"
- 2022 **CONICET - AWS**, Nuevas estrategias de aprendizaje profundo para la predicción de estructuras secundarias en secuencias largas de RNA no codificantes que permitan el desarrollo de biotecnologías de bajo impacto ambiental
- 2019 **Premio tesis de doctorado**, *Sociedad Argentina de Bioingeniería*, Mejor tesis de posgrado (2do puesto)
- 2019 **Competencia de datos MetaData**, *Fundación Sadosky*, 1er premio en la competencia de clasificación de imágenes de hotelería, co-organizada por la empresa Despegar
- 2018 **PICT Joven**, *Subsidio de la Agencia Nacional de Promoción científica y tecnológica*, Reconocimiento de emociones a partir de señales fisiológicas
- 2018 **Nvidia Grant**, *GPU de alto rendimiento para investigación*

Docencia

- 2027- **Procesamiento del Lenguaje Natural**, *Profesor adjunto (concurado)*, *Ingeniería en Inteligencia Artificial*, Universidad Nacional del Litoral
- 2022- **Proyecto final**, *Profesor adjunto (concurado)*, *Ingeniería en Inteligencia Artificial y Tecnicatura Universitaria en Automatización y Robótica*, Universidad Nacional del Litoral
- 2024-2025 **Procesamiento digital de imágenes**, *JTP*, *Ingeniería en informática*, Universidad Nacional del Litoral, Contrato interino
- 2022- **Redes neuronales**, *Profesor adjunto (a cargo)*, *Maestría en Ciencia de Datos*, Universidad Austral, Contrato interino
- 2021-2025 **Deep Learning**, *Profesor adjunto*, *Ingeniería en informática (curso de grado y posgrado)*, Universidad Nacional del Litoral, Contrato interino

- 2023 **Genomics and Bioinformatics applied to parasitology research**, *Dictado de clase*, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA
- 2020,2021 **Machine learning para bioinformatica**, *Profesor a cargo*, A2B2C
- 2019,2021 **Machine Learning con aplicaciones**, *Profesor a cargo*, Ingeniería en informática, UNL
- 2021 **Autoencoders**, *Profesor a cargo*, curso de capacitación, YPF-Tec
- 2021 **Introducción a la ciencia de datos**, *Profesor a cargo*, Programa Capacitación 4.0 y Economía del Conocimiento
- 2019 **Capacitación para equipo de programadores en aprendizaje maquina**, Convenio entre Folder IT S.A. y UNL, Santa Fe, Santa Fe

Otras actividades

A partir de 2025 soy vicedirector del sinc (i), donde gestiono la secretaría de vinculación tecnológica. Participo regularmente en la evaluación de proyectos de investigación y desarrollo, tesis de grado y posgrado y revistas científicas del área. Realizo acciones de divulgación de la ciencia en jornadas científicas nacionales, ferias científicas, escuelas secundarias y medios periodísticos. Participé en comités científicos (Congreso de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional) y en la organización de eventos científicos regionales (IA@Litoral 2019,2023).

Publicaciones y conferencias

- [1] L. Bugnon, G. Kulemeyer, M. Gerard, L. Di Persia, G. Stegmayer, and D. Milone, "Homology-aware cross-validation strategies for generalization assessment in rna structure prediction," *bioRxiv*, 2026.
- [2] S. A. Duarte, R. Vitale, S. Escudero, E. Fenoy, L. A. Bugnon, D. H. Milone, and G. Stegmayer, "Et-pfam: ensemble transfer learning for protein family prediction," *Bioinformatics*, vol. 42, no. 4, p. btg121, 2026.
- [3] S. Duarte, M. Mehdiabadi, L. Bugnon, M. Aspromonte, D. Piovesan, D. Milone, S. Tosatto, and G. Stegmayer, "emb2dis: a novel protein disorder prediction tool based on resnets, dilated convolutions protein language models," *bioRxiv*, 2026.
- [4] E. Fenoy, L. A. Bugnon, R. Vitale, S. A. Duarte, D. H. Milone, and G. Stegmayer, "Gnn2pfam: Integrating protein sequence and structure with graph neural networks for pfam domain annotation," *Journal of Structural Biology*, vol. 218, p. 108294, 2026. [Online]. Available: <https://doi.org/10.1016/j.jsb.2026.108294>
- [5] N. A. Coles, B. Perz, M. Behnke, ..., L. A. Bugnon, ..., and S. Saganowski, "Big team science reveals promises and limitations of machine learning efforts to model physiological markers of affective experience," *Royal Society Open Science*, 2025.
- [6] L. Zablocki, L. A. Bugnon, M. Gerard, L. Di Persia, G. Stegmayer, and D. H. Milone, "Comprehensive benchmarking of large language models for rna secondary structure prediction," *Briefings in Bioinformatics*, 2025.
- [7] S. Escudero, S. Duarte, R. Vitale, E. Fenoy, L. A. Bugnon, D. H. Milone, and G. Stegmayer, "Et-pfam: Ensemble transfer learning for protein family prediction," *bioRxiv (under review)*, 2025.
- [8] L. Bugnon, L. D. Persia, M. Gerard, J. Raad, S. Prochetto, E. Fenoy, U. Chorostecki, F. Ariel, G. Stegmayer, and D. Milone, "sincfold: end-to-end learning of short-and long-range interactions for rna folding," *Briefings in Bioinformatics*, 2024.
- [9] R. Vitale, L. Bugnon, E. Fenoy, D. Milone, and G. Stegmayer, "Evaluating large language models for annotating proteins," *Briefings in Bioinformatics (in press)*, 2024.
- [10] J. Beret, L. A. Bugnon, and E. Ravera, "Assessment of a probabilistic musculoskeletal algorithm for estimating gait kinetics without ground reaction force data," in *8th International Symposium of 3DAHM*, 2024.
- [11] T. A. D'Amelio, N. M. Bruno, L. Bugnon, F. Zamberlan, and E. Tagliazucchi, "Affective computing as a tool for understanding emotion dynamics from physiology: A predictive modeling study of arousal and valence," in *Affective Computing and Intelligent Interaction (ACII)*, 2023.
- [12] I. Fucksman, D. Milone, and L. Bugnon, "Agrupamiento no supervisado y redes convolucionales para el aprendizaje de estructuras en bioinformática," in *JAIIO 9 (6)*, 141-150, 2023.
- [13] A. J. Velez Rueda, F. Bulgarelli, G. Parisi, and L. Bugnon, "Protein's cavities bestiario: an atlas of proteins cavities," in *Khipu*, 2023.
- [14] J. A. Sabattini, F. Sturniolo, M. Bollazzi, and L. Bugnon, "Anttracker: A low-cost and efficient computer vision approach to research leaf-cutter ants behavior," *Smart Agricultural Technology*, 2023.

- [15] L. Bugnon, E. Fenoy, A. Edera, J. Raad, G. Stegmayer, and D. Milone, "Transfer learning: The key to functionally annotate the protein universe," *Patterns*, 2023.
- [16] L. Bugnon, A. Edera, S. Prochetto, M. Gerard, J. Raad, E. Fenoy, M. Rubiolo, U. Chorostecki, G. Gabaldon, F. Ariel, L. Di Persia, D. Milone, and G. Stegmayer, "Secondary structure prediction of long noncoding rna: review and experimental comparison of existing approaches," *Briefing in Bioinformatics*, 2022.
- [17] J. Raad, L. Bugnon, D. Milone, and G. Stegmayer, "mire2e: a full end-to-end deep model based on transformers for prediction of pre-mirnas," *Bioinformatics*, 2022.
- [18] J. Sabattini, J. Reta, L. Bugnon, J. Cerrudo, R. Sabattini, A. Peñalva, M. Bollazzi, M. Paz, and F. Sturniolo, "Antvideorecord: Autonomous system to capture the locomotor activity of leafcutter ants," *HardwareX*, vol. 11, p. e00270, 2022.
- [19] L. Bugnon, J. Raad, G. Merino, C. Yones, F. Ariel, D. Milone, and G. Stegmayer, "Deep learning for the discovery of new pre-mirnas: Helping the fight against covid-19," *Machine Learning with Applications*, vol. 6, 2021.
- [20] C. Yones, J. Raad, L. Bugnon, D. Milone, and G. Stegmayer, "High precision in microrna prediction: a novel genome-wide approach with convolutional deep residual networks," *Computers in Biology and Medicine*, 2021.
- [21] G. Merino, L. Bugnon, J. Raad, F. Ariel, D. Milone, and G. Stegmayer, "A machine learning approach for pre-mirna discovery in sars-cov-2," in *ISMB/ECCB*, Virtual conference, 2021.
- [22] G. Merino, J. Raad, L. Bugnon, C. Yones, L. Kamenetzky, J. Claus, F. Ariel, D. Milone, and G. Stegmayer, "Novel sars-cov-2 encoded small RNAs in the passage to humans," *Bioinformatics*, 2020.
- [23] L. Bugnon, C. Yones, D. Milone, and G. Stegmayer, "Genome-wide discovery of pre-mirnas: comparison of recent approaches based on machine learning," *Briefings in Bioinformatics*, 2020.
- [24] S. Vanrell, J. Chelotti, L. Bugnon, H. Rufiner, D. Milone, E. Laca, and J. Galli, "Audio recordings dataset of grazing jaw movements in dairy cattle," *Data in Brief*, 2020.
- [25] L. Bugnon, C. Yones, J. Raad, M. Gerard, M. Rubiolo, G. Merino, M. Pividori, L. Di Persia, D. Milone, and G. Stegmayer, "Dl4papers: a deep learning model for reading papers," *Oxford Bioinformatics*, 2020.
- [26] L. Bugnon, C. Yones, D. Milone, and G. Stegmayer, "Deep neural architectures for highly imbalanced data in bioinformatics," *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, no. Special Issue on Recent Advances in Theory, Methodology and Applications of Imbalanced Learning, 2019.
- [27] L. Bugnon, C. Yones, D. H. Milone, and G. Stegmayer, "Genome-wide hairpins datasets of animals and plants for novel mirna prediction," *Data in Brief*, 2019.
- [28] G. Stegmayer, L. Di Persia, M. Rubiolo, M. Gerard, M. Pividori, C. Yones, L. Bugnon, T. Rodriguez, J. Raad, and D. Milone, "Predicting novel microrna: a comprehensive comparison of machine learning approaches," *Briefings in Bioinformatics*, 2018.
- [29] N. Macchiaroli, M. Cucher, L. Kamenetzky, C. Yones, L. Bugnon, M. Berriman, P. Olson, and M. C. Rosenzvit, "Identification and expression profiling of micrnas in hymenolepis." *International Journal for Parasitology*, 2018.
- [30] L. Bugnon, R. Calvo, and D. Milone, "Dimensional affect recognition from hrv: an approach based on supervised som and elm," *IEEE Transactions on Affective Computing*, 2017.
- [31] E. Albornoz, L. Bugnon, and C. Martínez, "Snore recognition using a reduced set of spectral features," in *2017 17th Workshop on Information Processing and Control, RPIC 2017*, 2017.