

Fecha del CVA

17/07/2024

Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre	Pedro		
Apellidos	Carmona Saez		
Sexo		Fecha de Nacimiento	
DNI/NIE/Pasaporte			
URL Web	http://compbio.ugr.es/		
Dirección Email	pcarmona@ugr.es		
Open Researcher and Contributor ID (ORCID)	0000-0002-6173-7255		

1. ACTIVIDAD INVESTIGADORA, DE TRANSFERENCIA E INTERCAMBIO DEL CONOCIMIENTO

1.1. PROYECTOS Y CONTRATOS DE INVESTIGACIÓN Y TRANSFERENCIA E INTERCAMBIO DEL CONOCIMIENTO

1.1.1. Proyectos

- Proyecto.** 831434, 3TR: Taxonomy, Treatment, Targets and Remission Identification of the Molecular Mechanisms of nonresponse to Treatments, Relapses and Remission in Autoimmune, Inflammatory, and Allergic Conditions. Unión Europea-IMI - Innovative Medicines Initiative. Marta Alarcón Riquelme. 01/09/2019-01/08/2026. 80.546.383 €. Miembro de equipo.
- Proyecto.** P20_00335, Integración de datos omicos para descubrimiento de biomarcadores e inferencia de redes. Proyectos del Plan Nacional 2020. Ministerio de ciencia e innovación. Pedro Carmona Sáez. 01/09/2021-30/11/2024. 145.200 €.
- Proyecto.** PPJIA2022-14, Nuevo método de Inteligencia Artificial para modelos predictivos con datos de expresión génica en células únicas. AYUDAS DEL PLAN PROPIO UGR 2022. Pedro Carmona Sáez. 01/01/2023-31/12/2023. 1.000 €.
- Proyecto.** PID2020-119032RB-I00, Medicina genómica de precisión en enfermedades autoinmunes: Inferencia de redes de regulación y búsqueda de tratamientos. Proyectos I+D+i Junta de Andalucía 2020. Pedro Carmona Sáez. 04/10/2021-30/06/2023. 100.350 €.
- Proyecto.** B-CTS-40-UGR20, AUTOIMMOMICS: Desarrollo de una plataforma centralizada de datos ómicos en enfermedades autoinmunes para el descubrimiento de nuevos tratamientos y biomarcadores. Proyectos I+D+i del Programa Operativo FEDER 2020. Pedro Carmona Sáez. 01/07/2021-30/06/2023. 30.000 €.
- Proyecto.** CV20-36723, DataC (Data Against COVID-19): Herramienta de integración de datos sobre COVID-19 y análisis de factores asociados a focos de contagio y propagación de la enfermedad. Proyectos de investigación sobre el SARS-COV-2 y la enfermedad COVID-19. Junta de Andalucía. Pedro Carmona Sáez. 09/09/2020-09/09/2021. 48.000 €.
- Proyecto.** PE-0225-2018, Estudio del microentorno extracelular en melanoma: en busca de nuevas herramientas para una medicina personalizada (PE-0225-2018). Junta de Andalucía. Juan Carlos Rodríguez Manzanque. 2018-2021. 196.678,1 €. Miembro de equipo.
- Proyecto.** RED2018-102404-T), AFIANZANDO LA RED BIOINFORMATICA TRASLACIONAL TRANSBIONET RED2018-102404-T. Acciones de dinamización «Redes de Investigación» - Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Alfonso Valencia. 2019-2020. 20.000 €.
- Proyecto.** PI-0173-2017, Identificación de Biomarcadores en Lupus Eritematoso Sistémico Mediante Análisis Integrado de Transcriptoma y Metiloma (PI-0173-2017). Proyectos de Investigación. Consejería de Salud. Junta de Andalucía. Pedro Carmona Saez. 2017-2020. 59.364 €.
- Proyecto.** 115565, Molecular Reclassification to Find Clinically Useful Biomarkers for Systemic Autoimmune Diseases. Unión Europea-IMI - Innovative Medicines Initiative. Marta Alarcón Riquelme. 01/02/2014-31/01/2019. 22.700.000 €.

- 11 Proyecto.** LipidomicNet: Lipid droplets as dynamic organelles of fat deposition and release: translational research towards human disease. EU (HEALTH-F4-2008-202272). Gerd Schmitz. 01/05/2008-2012.
- 12 Proyecto.** Hacia la proteómica funcional: una aproximación conjunta desde la proteómica, la bioinformática y la biología estructural. Jose M Carazo. 01/01/2007-31/12/2011. 900.000 €.
- 13 Proyecto.** Hacia la comprensión de la riqueza estructural de las nonomáquinas moleculares. Cicyt (BFU2004). Jose M Carazo. 13/12/2004-12/12/2007.
- 14 Proyecto.** BFU2016-75233-P, Diseccionando los determinantes de la variabilidad en el posicionamiento de los nucleosomas en poblaciones de células pluripotentes. Proyectos del Plan Nacional de I+D+I. Ministerio de Economía y Competitividad.. David Landeira. Desde 2016. 196.678 €. Miembro de equipo.
- 15 Proyecto.** Bioingeniería al servicio de la sociedad (Bioengineering for the society). Ministerio de Ciencia e Innovación. Alberto Pascual. Desde 2008. WorkPackage Leader.
- 16 Proyecto.** RESOLVE-Resolve Chronic Inflammation and Achieve Healthy Aging by Understanding Non-regenerative Repair. EU (FP7-HEALTH-2007-A). Lutz-Henning Block. Desde 2008.
- 17 Proyecto.** Análisis de grandes cantidades de imágenes de microscopia electrónica tridimensional: desarrollo de métodos y aplicación al análisis del replisoma. BIO2007 - 67150 - C03 - 1; Ministerio de Educación, Política Social y Deporte. José M. Carazo. Desde 2007. Miembro de equipo.
- 18 Proyecto.** Desarrollo de un sistema de gestión y análisis de datos en Bioinformática (Development of a data management and analysis system in Bioinformatics. Proyecto industrial con Integromics. José M. Carazo. Desde 2007. Miembro de equipo.
- 19 Proyecto.** Identificación de marcadores de valor diagnóstico pronóstico y terapéutico en la enfermedad neoplásica. CDTI (CNIT-Ocnosis).. Oryzon Genomics y Grupo Ferrer. Desde 2006. Miembro de equipo.
- 20 Proyecto.** Genes de susceptibilidad para la enfermedad de alzheimer. MEC (GEN2003-20235-C05). Fernando Valdivieso. Desde 2004. Miembro de equipo.

1.1.2. Contratos

- 1 Contrato.** XPS0036/2017: Servicio de secuenciación masiva del transcriptoma (RNA Seq) y análisis bioinformático de datos sobre muestras de Myxococcus xanthus y/o Sinorhizobium meliloti durante la interacción depredador/presa. Universidad de Granada. Desde 11/01/2018. 33.275 €.
- 2 Contrato.** EXPEDIENTE DE CONTRATACIÓN SEN-SP/17-009: Servicios de Bioinformática para el proyecto ONCONET SUDOE: European Network for translational Research and Innovation in oncology FUNDACIÓN PARQUE TECNOLÓGICO CIENCIAS DE SALUD. 08/01/2018-08/01/2020. 38.000 €.
- 3 Contrato.** Análisis de Epigenoma de 72 muestras mediante iScan (Illumina) y análisis bioinformático FUNDACION PUBLICA ANDALUZA PARA LA GESTION DE LA INVESTIGACION EN SALUD DE SEVILLA. Desde 18/12/2014. 23.500 €.
- 4 Contrato.** Servicio de Análisis de Epigenoma de 120 muestras mediante iScan (Illumina) y análisis bioinformático FUNDACION PUBLICA ANDALUZA PARA LA GESTION DE LA INVESTIGACION EN SALUD DE SEVILLA. Desde 01/06/2014. 38.000 €.

1.2. RESULTADOS Y DIFUSIÓN DE LA ACTIVIDAD INVESTIGADORA Y DE TRANSFERENCIA E INTERCAMBIO DE CONOCIMIENTO

1.2.1. Actividad investigadora

AC: Autor de correspondencia; (nº x / nº y): posición firma solicitante / total autores. Si aplica, indique el número de citaciones

- 1 Asenjo HG; Alcazar-Fabra M; Espinosa-Martínez M; et al; Landeira D; (10/14) Carmona-Sáez P. 2023. Changes in PRC1 activity during interphase modulate lineage transition in pluripotent cells. *Nature communications*. 14, pp.180. (77) <https://doi.org/10.1038/s41467-023-35859-9>
- 2 Villatoro-García JA; López-Domínguez R; Martorell-Marugán J; Luna JD; Lorente JA; (6/6) Carmona-Sáez P (AC). 2023. Exploring the interplay between climate, population immunity and SARS-CoV-2 transmission dynamics in Mediterranean countries. *The Science of the total environment*. 897, pp.165487. ISSN 0048-9697. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.165487>
- 3 Erawijantari PP; Kartal E; Liñares-Blanco J; et al; Lahti L. 2023. Microbiome-based risk prediction in incident heart failure: a community challenge. *medRxiv : the preprint server for health sciences*. Otros (54) <https://doi.org/10.1101/2023.10.12.23296829>
- 4 Domingo-Reinés J; Montes R; Garcia-Moreno A; et al; Ramos-Mejia V. 2023. The pediatric leukemia oncoprotein NUP98-KDM5A induces genomic instability that may facilitate malignant transformation. *Cell death & disease*. 14, pp.357. Otros (46) <https://doi.org/10.1038/s41419-023-05870-5>
- 5 Fernandez-Jimenez N; Fore R; Cilleros-Portet A; et al; Bilbao JR. 2022. A meta-analysis of pre-pregnancy maternal body mass index and placental DNA methylation identifies 27 CpG sites with implications for mother-child health. *Communications biology*. 5, pp.1313. Otros (66) <https://doi.org/10.1038/s42003-022-04267-y>
- 6 Antonio Villatoro-Garcia, Juan; Martorell-Marugan, Jordi; Toro-Dominguez, Daniel; Roman-Montoya, Yolanda; Femia, Pedro; (6/6) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2022. DEXMA: An R Package for Performing Gene Expression Meta-Analysis with Missing Genes. *MATHEMATICS*. 10. WOS (2) <https://doi.org/10.3390/math10183376>
- 7 Martorell-Marugán J; Chierici M; Jurman G; Alarcón-Riquelme ME; (5/5) Carmona-Sáez P (AC). 2022. Differential diagnosis of systemic lupus erythematosus and Sjögren's syndrome using machine learning and multi-omics data. *Computers in biology and medicine*. 152, pp.106373. ISSN 0010-4825. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2022.106373>
- 8 Gallardo A; Molina A; Asenjo HG; et al; Landeira D. 2022. EZH2 endorses cell plasticity to non-small cell lung cancer cells facilitating mesenchymal to epithelial transition and tumour colonization. *Oncogene*. 41, pp.3611-3624. ISSN 0950-9232. <https://doi.org/10.1038/s41388-022-02375-x>
- 9 Femia P; Melchor J; Carmona-Saez P. 2022. Editorial: Mathematical and computational methods in physiology. *Frontiers in physiology*. 13, pp.975075. ISSN 1664-042X. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.975075>
- 10 Garcia-Moreno A; López-Domínguez R; Villatoro-García JA; Ramirez-Mena A; Aparicio-Puerta E; Hackenberg M; Pascual-Montano A; (8/8) Carmona-Saez P (AC). 2022. Functional Enrichment Analysis of Regulatory Elements. *Biomedicines*. 10. ISSN 2227-9059. (54) <https://doi.org/10.3390/biomedicines10030590>
- 11 Toro-Domínguez D; Martorell-Marugán J; Martinez-Bueno M; et al; Alarcón-Riquelme ME; (9/10) Carmona-Sáez P (AC). 2022. Scoring personalized molecular portraits identify Systemic Lupus Erythematosus subtypes and predict individualized drug responses, symptomatology and disease progression. *Briefings in bioinformatics*. 23. ISSN 1467-5463. (47) <https://doi.org/10.1093/bib/bbac332>
- 12 Aparicio-Puerta E; Gómez-Martín C; Giannoukakos S; et al; Hackenberg M; (7/12) Carmona-Saez P. 2022. sRNAbench and sRNAtoolbox 2022 update: accurate miRNA and sncRNA profiling for model and non-model organisms. *Nucleic acids research*. 50, pp.W710-W717. ISSN 0305-1048. (34) <https://doi.org/10.1093/nar/gkac363>
- 13 Martorell-Marugan, Jordi; Lopez-Dominguez, Raul; Garcia-Moreno, Adrian; et al; (16/16) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2021. A comprehensive database for integrated analysis of omics data in autoimmune diseases. *BMC BIOINFORMATICS*. 22. ISSN 1471-2105. WOS (3) <https://doi.org/10.1186/s12859-021-04268-4>

- 14 Toro-Dominguez, Daniel; Antonio Villatoro-Garcia, Juan; Martorell-Marugan, Jordi; Roman-Montoya, Yolanda; Alarcon-Riquelme, Marta E.; (6/6) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2021. A survey of gene expression meta-analysis: methods and applications. BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS. 22. ISSN 1467-5463. WOS (12) <https://doi.org/10.1093/bib/bbaa019>
- 15 Troule, Kevin; Lopez-Fernandez, Hugo; Garcia-Martin, Santiago; et al; Gomez-Lopez, Gonzalo. 2021. DREIMT: a drug repositioning database and prioritization tool for immunomodulation. BIOINFORMATICS. 37. ISSN 1367-4803. WOS (2) <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa727>
- 16 Martorell-Marugan, Jordi; Antonio Villatoro-Garcia, Juan; Garcia-Moreno, Adrian; et al; (11/11) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2021. DataAC: A visual analytics platform to explore climate and air quality indicators associated with the COVID-19 pandemic in Spain. SCIENCE OF THE TOTAL ENVIRONMENT. 750. ISSN 0048-9697. WOS (20) <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.141424>
- 17 Pozo-Agundo, Ana; Villaescusa, Nerea; Martorell-Marugan, Jordi; et al; Javier Blanco, Francisco. 2021. Identification of Exosomal MicroRNA Signature by Liquid Biopsy in Hereditary Hemorrhagic Telangiectasia Patients. INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES. 22. WOS (3) <https://doi.org/10.3390/ijms22179450>
- 18 Barturen, Guillermo; Babaei, Sepideh; Catala-Moll, Francesc; et al; Alarcon-Riquelme, Marta E.; (7/132) Carmona-Saez, Pedro. 2021. Integrative Analysis Reveals a Molecular Stratification of Systemic Autoimmune Diseases. ARTHRITIS & RHEUMATOLOGY. 73. ISSN 2326-5191. WOS (25) <https://doi.org/10.1002/art.41610>
- 19 Toro Dominguez, Daniel; Lopez Dominguez, Raul; Barturen, Guillermo; Carmona Saez, Pedro; Alarcon Riquelme, Marta Eugenia. 2021. Personalized molecular portraits of systemic lupus erythematosus patients as key for prognosis and therapeutic decisions. EUROPEAN JOURNAL OF IMMUNOLOGY. 51. ISSN 0014-2980.
- 20 Everson, Todd M.; Vives-Usano, Marta; Seyve, Emie; et al; Bustamante, Marionna. 2021. Placental DNA methylation signatures of maternal smoking during pregnancy and potential impacts on fetal growth. NATURE COMMUNICATIONS. 12. WOS (6) <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24558-y>
- 21 Peinado, Paola; Andrades, Alvaro; Martorell-Marugan, Jordi; Haswell, Jeffrey R.; Slack, Frank J.; Carmona-Saez, Pedro; Medina, Pedro P. 2021. The SWI/SNF complex regulates the expression of miR-222, a tumor suppressor microRNA in lung adenocarcinoma. HUMAN MOLECULAR GENETICS. 30. ISSN 0964-6906. WOS (1) <https://doi.org/10.1093/hmg/ddab187>
- 22 Lopez-Dominguez, Raul; Toro-Dominguez, Daniel; Martorell-Marugan, Jordi; et al; (10/10) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2021. Transcription Factor Activity Inference in Systemic Lupus Erythematosus. LIFE-BASEL. 11. WOS (1) <https://doi.org/10.3390/life11040299>
- 23 Lopez-Caraballo, Lidia; Martorell-Marugan, Jordi; Carmona-Saez, Pedro; Gonzalez-Munoz, Elena. 2020. Analysis of Menstrual Blood Stromal Cells Reveals SOX15 Triggers Oocyte-Based Human Cell Reprogramming. ISCIENCE. 23. WOS (2) <https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101376>
- 24 Garcia-Moreno, Adrian; (2/2) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2020. Computational Methods and Software Tools for Functional Analysis of miRNA Data. BIOMOLECULES. 10. WOS (1) <https://doi.org/10.3390/biom10091252>
- 25 Lopez-Longarela, Barbara; Morrison, Emma E.; Tranter, John D.; et al; Diaz-Mochon, Juan J. 2020. Direct Detection of miR-122 in Hepatotoxicity Using Dynamic Chemical Labeling Overcomes Stability and isomiR Challenges. ANALYTICAL CHEMISTRY. 92. ISSN 0003-2700. WOS (12) <https://doi.org/10.1021/acs.analchem.9b05449>
- 26 Peris-Torres, Carlos; del Carmen Plaza-Calonge, Maria; Lopez-Dominguez, Raul; Dominguez-Garcia, Silvia; Barrientos-Duran, Antonio; Carmona-Saez, Pedro; Carlos Rodriguez-Manzaneque, Juan. 2020. Extracellular Protease ADAMTS1 Is Required at Early Stages of Human Uveal Melanoma Development by Inducing Stemness and Endothelial-Like Features on Tumor Cells. CANCERS. 12. WOS (7) <https://doi.org/10.3390/cancers12040801>

- 27 Belen Carrillo-Galvez, Ana; Galvez-Peisl, Sheyla; Elias Gonzalez-Correa, Juan; et al; Anderson, Per. 2020. GARP is a key molecule for mesenchymal stromal cell responses to TGF-beta and fundamental to control mitochondrial ROS levels. STEM CELLS TRANSLATIONAL MEDICINE. 9. ISSN 2157-6564. WOS (7) <https://doi.org/10.1002/sctm.19-0372>
- 28 Asenjo, Helena G.; Gallardo, Amador; Lopez-Onieva, Lourdes; Tejada, Irene; Martorell-Marugan, Jordi; (6/7) Carmona-Saez, Pedro; Landeira, David. 2020. Polycomb regulation is coupled to cell cycle transition in pluripotent stem cells. SCIENCE ADVANCES. 6. ISSN 2375-2548. WOS (13) <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay4768>
- 29 Gallardo, Amador; Molina, Aldara; Asenjo, Helena G.; et al; Landeira, David. 2020. The molecular clock protein Bmal1 regulates cell differentiation in mouse embryonic stem cells. LIFE SCIENCE ALLIANCE. 3. WOS (6) <https://doi.org/10.26508/lsa.201900535>
- 30 Lopez-Caraballo, Lidia; Martorell-Marugan, Jordi; Carmona-Saez, Pedro; Gonzalez-Munoz, Elena. 2020. iPS-Derived Early Oligodendrocyte Progenitor Cells from SPMS Patients Reveal Deficient In Vitro Cell Migration Stimulation. CELLS. 9. WOS (3) <https://doi.org/10.3390/cells9081803>
- 31 Toro-Dominguez, Daniel; Lopez-Dominguez, Raul; Garcia Moreno, Adrian; et al; Alarcon-Riquelme, Marta E.; (17/18) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2019. Differential Treatments Based on Drug-induced Gene Expression Signatures and Longitudinal Systemic Lupus Erythematosus Stratification. SCIENTIFIC REPORTS. 9. ISSN 2045-2322. WOS (12) <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51616-9>
- 32 Rodriguez-Martinez, Alba; de Miguel-Perez, Diego; Gabriel Ortega, Francisco; et al; Jose Serrano, Maria. 2019. Exosomal miRNA profile as complementary tool in the diagnostic and prediction of treatment response in localized breast cancer under neoadjuvant chemotherapy. BREAST CANCER RESEARCH. 21. ISSN 1465-542X. WOS (82) <https://doi.org/10.1186/s13058-019-1109-0>
- 33 Andrades, A.; Coira, I.; Rodriguez, M.; Carmona-Saez, P.; De Las Rivas, J.; Cuadros, M.; Medina, P.2019. Exploring Driver Mutations in Non-Coding RNAs in Lung Adenocarcinoma. JOURNAL OF THORACIC ONCOLOGY. 14. ISSN 1556-0864. <https://doi.org/10.1016/j.jtho.2019.08.872>
- 34 Ramos-Molinau, Bruno; Sanchez-Alcoholado, Lidia; Cabrera-Mulero, Amanda; Lopez-Dominguez, Raul; Carmona-Saez, Pedro; Garcia-Fuentes, Eduardo; Moreno-Indias, Isabel; Tinahones, Francisco J.2019. Gut Microbiota Composition Is Associated With the Global DNA Methylation Pattern in Obesity. FRONTIERS IN GENETICS. 10. ISSN 1664-8021. WOS (20) <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00613>
- 35 Toro-Dominguez, Daniel; Martorell-Marugan, Jordi; Lopez-Dominguez, Raul; Garcia-Moreno, Adrian; Gonzalez-Rumayor, Victor; Alarcon-Riquelme, Marta E.; (7/7) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2019. ImaGEO: integrative gene expression meta-analysis from GEO database. BIOINFORMATICS. 35. ISSN 1367-4803. WOS (48) <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty721>
- 36 Requena, Francisco; Asenjo, Helena G.; Barturen, Guillermo; Martorell-Marugan, Jordi; Carmona-Saez, Pedro; Landeira, David. 2019. NOMePlot: analysis of DNA methylation and nucleosome occupancy at the single molecule. SCIENTIFIC REPORTS. 9. ISSN 2045-2322. WOS (2) <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44597-2>
- 37 Martorell-Marugan, Jordi; Gonzalez-Rumayor, Victor; (3/3) Carmona-Saez, Pedro (AC). 2019. mCSEA: detecting subtle differentially methylated regions. BIOINFORMATICS. 35. ISSN 1367-4803. WOS (14) <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz096>
- 38 Alvarez-Cubero, M. J.; Santiago, O.; Martinez-Labarga, C.; et al; Martinez-Gonzalez, L. J.2018. Methodology for Y Chromosome Capture: A complete genome sequence of Y chromosome using flow cytometry, laser microdissection and magnetic streptavidin-beads. SCIENTIFIC REPORTS. 8. ISSN 2045-2322. WOS (10) <https://doi.org/10.1038/s41598-018-27819-x>

- 39 Toro-Dominguez, Daniel; Martorell-Marugan, Jordi; Goldman, Daniel; Petri, Michelle; Carmona-Saez, Pedro; Alarcon-Riquelme, Marta E.2018. Stratification of Systemic Lupus Erythematosus Patients Into Three Groups of Disease Activity Progression According to Longitudinal Gene Expression. ARTHRITIS & RHEUMATOLOGY. 70. ISSN 2326-5191. WOS (47) <https://doi.org/10.1002/art.40653>
- 40 Martorell-Marugan, Jordi; Toro-Dominguez, Daniel; Alarcon-Riquelme, Marta E.; Carmona-Saez, Pedro. 2017. MetaGenyo: a web tool for meta-analysis of genetic association studies. BMC BIOINFORMATICS. 18. ISSN 1471-2105. WOS (53) <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1990-4>
- 41 Carmona-Saez, Pedro; Varela, Nieves; Jose Luque, Maria; Toro-Dominguez, Daniel; Martorell-Marugan, Jordi; Alarcon-Riquelme, Marta E.; Maranon, Concepcion. 2017. Metagene projection characterizes GEN2.2 and CAL-1 as relevant human plasmacytoid dendritic cell models. BIOINFORMATICS. 33. ISSN 1367-4803. WOS (8) <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx502>
- 42 Toro-Dominguez, Daniel; Carmona-Saez, Pedro; Alarcon-Riquelme, Marta E.2017. Support for phosphoinositol 3 kinase and mTOR inhibitors as treatment for lupus using in-silico drug-repurposing analysis. ARTHRITIS RESEARCH & THERAPY. 19. ISSN 1478-6354. WOS (10) <https://doi.org/10.1186/s13075-017-1263-7>
- 43 Diaz Villamarin, X.; Davila Fajardo, C. L.; Martinez-Gonzalez, L. J.; et al; Fernandez-Quesada, F.2016. Genetic polymorphisms influence on the response to clopidogrel in peripheral artery disease patients following percutaneous transluminal angioplasty. INTERNATIONAL JOURNAL OF CLINICAL PHARMACY. 38. ISSN 2210-7703.
- 44 Diaz-Villamarin, Xando; Lucia Davila-Fajardo, Cristina; Javier Martinez-Gonzalez, Luis; et al; Fernandez-Quesada, Fidel. 2016. Genetic polymorphisms influence on the response to clopidogrel in peripheral artery disease patients following percutaneous transluminal angioplasty. PHARMACOGENOMICS. 17. ISSN 1462-2416. WOS (8) <https://doi.org/10.2217/pgs-2016-0056>
- 45 Torres Melero, Juan; Ortega, Francisco G.; Morales Gonzalez, Alvaro; et al; Jose Serrano, Maria. 2016. Prognostic factor analysis of circulating tumor cells in peripheral blood of patients with peritoneal carcinomatosis of colon cancer origin treated with cytoreductive surgery plus an intraoperative hyperthermic intraperitoneal chemotherapy procedure (CRS plus HIPEC). SURGERY. 159. ISSN 0039-6060. WOS (15) <https://doi.org/10.1016/j.surg.2015.09.013>
- 46 Toro Dominguez, D.; Carmona-Saez, P.; Riquelme, M. E. Alarcon. 2016. SUPPORT FOR PHOSPHOINOSITOL 3 KINASE INHIBITORS AS TREATMENT OF LUPUS USING IN SILICO DRUG REPURPOSING ANALYSIS. CLINICAL AND EXPERIMENTAL RHEUMATOLOGY. 34. ISSN 0392-856X.
- 47 Gomez Pena, Celia; Davila-Fajardo, Cristina L.; Martinez-Gonzalez, Luis J.; et al; Cabeza Barrera, Jose. 2015. Influence of the HER2 Ile655Val polymorphism on trastuzumab-induced cardiotoxicity in HER2-positive breast cancer patients: a meta-analysis. PHARMACOGENETICS AND GENOMICS. 25. ISSN 1744-6872. WOS (27) <https://doi.org/10.1097/FPC.0000000000000149>
- 48 Jesus Alvarez-Cubero, Maria; Javier Martinez-Gonzalez, Luis; Saiz, Maria; Carmona-Saez, Pedro; Carlos Alvarez, Juan; Pascual-Geler, Manrique; Antonio Lorente, Jose; Manuel Cozar, Jose. 2015. Prognostic role of genetic biomarkers in clinical progression of prostate cancer. EXPERIMENTAL AND MOLECULAR MEDICINE. 47. ISSN 1226-3613. WOS (14) <https://doi.org/10.1038/emm.2015.43>
- 49 Sanchez Ramos, J. G.; Davila-Fajardo, C. L.; Burillo, F.; et al; Fernandez, J. J.2014. HER2 Ile655Val polymorphism and the trastuzumab-induced cardiotoxicity in women HER2 positive breast cancer. EUROPEAN HEART JOURNAL. 35. ISSN 0195-668X.
- 50 Toro-Dominguez, Daniel; Carmona-Saez, Pedro; Alarcon-Riquelme, Marta E.2014. Shared signatures between rheumatoid arthritis, systemic lupus erythematosus and Sjogren's syndrome uncovered through gene expression meta-analysis. ARTHRITIS RESEARCH & THERAPY. 16. ISSN 1478-6354. WOS (49) <https://doi.org/10.1186/s13075-014-0489-x>

- 51 Vazquez, Miguel; Nogales-Cadenas, Ruben; Arroyo, Javier; et al; Carmona-Saez, Pedro. 2010. MARQ: an online tool to mine GEO for experiments with similar or opposite gene expression signatures. NUCLEIC ACIDS RESEARCH. 38. ISSN 0305-1048. WOS (21) <https://doi.org/10.1093/nar/gkq476>
- 52 Recuero, Maria; Carmen Vicente, M.; Martinez-Garcia, Ana; et al; Valdivieso, Fernando. 2009. A free radical-generating system induces the cholesterol biosynthesis pathway: a role in Alzheimer's disease. AGING CELL. 8. ISSN 1474-9718. WOS (30) <https://doi.org/10.1111/j.1474-9726.2009.00457.x>
- 53 Nogales-Cadenas, Ruben; Carmona-Saez, Pedro; Vazquez, Miguel; Vicente, Cesar; Yang, Xiaoyuan; Tirado, Francisco; Maria Carazo, Jose; Pascual-Montano, Alberto. 2009. GeneCodis: interpreting gene lists through enrichment analysis and integration of diverse biological information. NUCLEIC ACIDS RESEARCH. 37. ISSN 0305-1048. WOS (338) <https://doi.org/10.1093/nar/gkp416>
- 54 Kokeny, Szabolcs; Papp, Janos; Weber, George; Vaszko, Tibor; Carmona-Saez, Pedro; Olah, Edith. 2009. Ribavirin Acts via Multiple Pathways in Inhibition of Leukemic Cell Proliferation. ANTICANCER RESEARCH. 29. ISSN 0250-7005. WOS (17)
- 55 Caporali, Andrea; Voellenkle, Christine; Masson, Rachel; Baker, Andrew; Agami, Reuven; Carmona-Saez, Pedro; Martelli, Fabio; Emanuelli, Costanza. 2009. Role of MicroRNA-503 in Diabetic Endotheliopathy. CIRCULATION. 120. ISSN 0009-7322.
- 56 Vazquez, Miguel; Carmona-Saez, Pedro; Nogales-Cadenas, Ruben; Chagoyen, Monica; Tirado, Francisco; Maria Carazo, Jose; Pascual-Montano, Alberto. 2009. SENT: semantic features in text. NUCLEIC ACIDS RESEARCH. 37. ISSN 0305-1048. WOS (4) <https://doi.org/10.1093/nar/gkp392>
- 57 Abascal, Federico; Carmona-Saez, Pedro; Carazo, Jose-Maria; Pascual-Montano, Alberto. 2008. ChIPCodis: mining complex regulatory systems in yeast by concurrent enrichment analysis of chip-on-chip data. BIOINFORMATICS. 24. ISSN 1367-4803.
- 58 Anton, Miguel A.; Gorostiaga, Dorleta; Guruceaga, Elizabeth; et al; Rubio, Angel. 2008. SPACE: an algorithm to predict and quantify alternatively spliced isoforms using microarrays. GENOME BIOLOGY. 9. ISSN 1474-760X. WOS (24) <https://doi.org/10.1186/gb-2008-9-2-r46>
- 59 Mejia-Roa, E.; Carmona-Saez, P.; Nogales, R.; et al; Pascual-Montano, A. 2008. bioNMF: a web-based tool for nonnegative matrix factorization in biology. NUCLEIC ACIDS RESEARCH. 36. ISSN 0305-1048. WOS (16) <https://doi.org/10.1093/nar/gkn335>
- 60 Carmona-Saez, Pedro; Chagoyen, Monica; Tirado, Francisco; Carazo, Jose M.; Pascual-Montano, Alberto. 2007. GENECODIS: a web-based tool for finding significant concurrent annotations in gene lists. GENOME BIOLOGY. 8. ISSN 1474-760X. WOS (486) <https://doi.org/10.1186/gb-2007-8-1-r3>
- 61 Chagoyen, Monica; Carmona-Saez, Pedro; Gil, Concha; Carazo, Jose M.; Pascual-Montano, Alberto. 2006. A literature-based similarity metric for biological processes. BMC BIOINFORMATICS. 7. ISSN 1471-2105. WOS (12) <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-363>
- 62 (1/5) Carmona-Saez, P; Pascual-Marqui, RD; Tirado, F; Carazo, JM; Pascual-Montano, A. 2006. Biclustering of gene expression data by non-smooth non-negative matrix factorization. BMC BIOINFORMATICS. 7. ISSN 1471-2105. WOS (99) <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-78>
- 63 Chagoyen, M; Carmona-Saez, P; Shatkay, H; Carazo, JM; Pascual-Montano, A. 2006. Discovering semantic features in the literature: a foundation for building functional associations. BMC BIOINFORMATICS. 7. ISSN 1471-2105. WOS (56) <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-41>
- 64 (1/6) Carmona-Saez, P; Chagoyen, M; Rodriguez, A; Trelles, O; Carazo, JM; Pascual-Montano, A. 2006. Integrated analysis of gene expression by association rules discovery. BMC BIOINFORMATICS. 7. ISSN 1471-2105. WOS (68) <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-54>

- 65 Hernandez-Vargas, Hector; Ballestar, Esteban; Carmona-Saez, Pedro; von Kobbe, Cayetano; Banon-Rodriguez, Inmaculada; Esteller, Manel; Moreno-Bueno, Gema; Palacios, Jose. 2006. Transcriptional profiling of MCF7 breast cancer cells in response to 5-fluorouracil: Relationship with cell cycle changes and apoptosis, and identification of novel targets of p53. INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER. 119. ISSN 0020-7136. WOS (61) <https://doi.org/10.1002/ijc.21938>
- 66 Pascual-Montano, Alberto; Carmona-Saez, Pedro; Chagoyen, Monica; Tirado, Francisco; Carazo, Jose M.; Pascual-Marqui, Roberto D. 2006. bioNMF: a versatile tool for non-negative matrix factorization in biology. BMC BIOINFORMATICS. 7. ISSN 1471-2105. WOS (65) <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-366>
- 67 Famili, AF; Liu, ZY; Carmona-Saez, P; Mullick, A. 2005. Knowledge discovery in the identification of differentially expressed genes. Lecture Notes in Computer Science. ADVANCES IN INTELLIGENT DATA ANALYSIS VI, PROCEEDINGS. 3646. ISSN 0302-9743, ISBN 3-540-28795-7.
- 68 **Congreso.** Jordi Martorell?Marugan; Raúl López?Domínguez; Daniel Toro?Domínguez; et al; Pedro Carmona-Sáez. A centralized database for exploring gene expression and methylation data in Systemic Autoimmune Diseases. XIV Symposium on Bioinformatics. 2018. España. Participativo - Póster.
- 69 **Congreso.** Raúl López?Domínguez; Daniel Toro?Domínguez; Jordi Martorell?Marugan; Christian Holland; Guillermo Barturen; Julio Sáez?Rodríguez; Marta Alarcón?Riquelme; Pedro Carmona-Sáez. Analysis of Transcription Factor activity patterns in Systemic Lupus Erythematosus. XIV Symposium on Bioinformatics. 2018. España. Participativo - Ponencia oral (comunicación oral).
- 70 **Congreso.** Álvaro Andrades; Isabel Coira; María Rodríguez; Pedro Carmona?Sáez; Javier De Las Rivas; Marta Cuadros; Pedro P Medina. Novel pipeline for prioritizing long non?coding RNA mutations in lung adenocarcinoma. XIV Symposium on Bioinformatics. 2018. España. Participativo - Ponencia oral (comunicación oral).
- 71 **Congreso.** Jordi Martorell?Marugán; Víctor González?Rumayor; Pedro Carmona? Sáez. mCSEA: Detecting differentially methylated regions by enrichment analysis. XIV Symposium on Bioinformatics. 2018. España. Participativo - Póster.
- 72 **Congreso.** Álvaro Andrades; Isabel Coira; María Rodríguez; Pedro Carmona?Sáez; Javier De Las Rivas; Marta Cuadros; Pedro P Medina. Exploring genomic alterations in long non?coding RNAs in lung adenocarcinoma. XVI ASEICA International Congress. 2018. España. Participativo - Ponencia oral (comunicación oral).
- 73 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Pedro Carmona-Saez; Marta E. Alarcón-Riquelme. Longitudinal Stratification of Gene Expression Reveals Three SLE Groups of Disease Activity Progression. ACR/ARHP Annual Meeting. 2018.
- 74 **Congreso.** Guillermo Barturen; Sepideh Babaei; Francesc Català-Moll; et al; Antonio Segura. Transcriptome and Methylome Integrative Molecular Analysis Uncovers a New Systemic Autoimmune Disease Classification. ACR/ARHP Annual Meeting. 2018.
- 75 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Jordi Martorell-Marugán; D. Goldman; M. Petri; Pedro Carmona-Saez; Marta Alarcon-Riquelme. LUPUS IS THREE DISEASES DRIVEN BY DIFFERENT CELL TYPES. Annual European Congress of Rheumatology (EULAR 2018). 2018. Holanda.
- 76 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Marta Alarcon-Riquelme; Pedro Carmona-Saez. ROBUST STRATIFICATION OF LUPUS BASED ON LONGITUDINAL GENE EXPRESSION DATA AND DISEASE ACTIVITY PATTERNS. 5th Latin American Congress on Autoimmunity (LACA 2017). 2017. México.
- 77 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Pedro Carmona-Saez; Marta Alarcon Riquelme. In silico Drug Repurposing Analysis Supports Phosphoinositol 3 Kinase Inhibitors As Treatment of LUPUS. ACR ANNUAL MEETING. 2016.
- 78 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Pedro Carmona-Saez; Marta Alarcon Riquelme. In silico drug-repurposing analysis for T Lymphocytes of Systemic Lupus Erythematosus. IWBBIO 2016 International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering. 2016.

- 79 **Congreso.** Jordi Martorell Marugán; Daniel Toro Domínguez; Luis Javier Martínez González; Marta E. Alarcón Riquelme and Pedro Carmona Sáez. MetaGenyoPol: A tool for meta-analysis of genetic association studies. Jornadas Bioinformática 2016. 2016.
- 80 **Congreso.** Daniel Toro-Dominguez; Pedro Carmona-Saez; Marta Alarcon Riquelme. SUPPORT FOR PHOSPHOINOSITOL 3 KINASE INHIBITORS AS TREATMENT OF LUPUS USING IN SILICO DRUG REPURPOSING ANALYSIS. 10th EUROPEAN LUPUS MEETING. 2016.
- 81 **Congreso.** Ana María Pérez Gutiérrez; Belén Martínez García; Pedro Carmona Sáez; Luis Javier Martínez González. COMPORTAMIENTO DE MUESTRAS FFPE EN SECUENCIACIÓN DE EXOMA COMPLETO, PORCENTAJE DE MAPEO Y NÚMERO DE LECTURAS. XXVIII Congreso Nacional de Genética Humana. 2015.
- 82 **Congreso.** X. Díaz Villamarín; C. L. Dávila Fajardo; L. J. Martínez-González; P. Carmona-Saez; L. M. Salmerón-Febres; J. Cabeza Barrera; F. Fernández-Quesada. GENETIC POLYMORPHISMS INFLUENCE ON THE RESPONSE TO CLOPIDOGREL IN PERIPHERAL ARTERY DISEASE PATIENTS FOLLOWING PERCUTANEOUS TRANSLUMINAL ANGIOPLASTY. ESCP International Symposium. 2015.
- 83 **Congreso.** Antonio Gómez Martín; Luis Javier Martínez González; Pedro Carmona Sáez; Antonio Hernández Jerez; María Jesús Álvarez Cubero. Impacto de la expresión génica y la variación en el número de copias de la glutathione s-transferase m1 en el cáncer de próstata con exposición a diferentes xenobióticos. XXVIII AEGH. 2015.
- 84 **Congreso.** J G. Sanchez Ramos; CL. Davila-Fajardo; F. Burillo; et al; JJ. Fernandez. HER2 Ile655Val polymorphism and the trastuzumab-induced cardiotoxicity in women HER2 positive breast cancer. ESC Congress 2014. 2014.
- 85 **Congreso.** M. Vazquez; P. Botias; J. Arroyo; J.M. Carazo; F. Tirado; A. Pascual-Montano; P. Carmona-Saez. Connecting phenotypes through querying gene expression databases. X Jornadas de Bioinformática. 2009.
- 86 **Congreso.** P. Carmona-Saez; R. Nogales; M. Vazquez; et al; A. Pascual-Montano. Data Analysis Tools at the UCM-CNB Bioinfo Unit. The 7th Asia Pacific Bioinformatics Conference. 2009.
- 87 **Congreso.** M A. Caporali; C. Völlenkle; R. Masson; A. Baker; R. Agami; P. Carmona-Saez; F. Martelli; C. Emanuelli. Role of MicroRNA-503 in Diabetic Endotheliopathy.. AHA's Scientific Sessions. 2009.
- 88 **Congreso.** A. Pascual-Montano; R. Nogales Cadenas; P. Carmona-Saez; J.M. Carazo.. Using the Non-negative Matrix Factorization model in Bioinformatics. The 7th Asia Pacific Bioinformatics Conference. 2009.
- 89 **Congreso.** E. Mejia-Roa; M. Vázquez; P. Carmona-Saez; C. García; F. Tirado; A. Pascual-Montano. bioNMF-grid: An online grid-based tool for Non-negative Matrix Factorization in Biology.. Second EELA-2 Conference.. 2009.
- 90 **Congreso.** F. Abascal; P. Carmona-Saez; J. M. Carazo; A. Pascual-Montano. ChIPCodis: Mining complex regulatory systems in yeast by con-current enrichment analysis of Chip-on-chip data. Jornadas de Bioinformatica. 2007.
- 91 **Congreso.** M. Chagoyen; P. Carmona-Saez; C. Gil; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Can literature analysis reveal similarities among cellular processes?. BioLINK and Bio-Ontologies Meeting. ISMB. 2006.
- 92 **Congreso.** P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; J.M. Carazo; F. Tirado; A. Pascual-Montano. Discovering co-occurrences of gene annotations in large lists of genes. 14th Annual Internacional Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). 2006.
- 93 **Congreso.** A. Pascual-Montano; P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; F. Tirado; J. M. Carazo; R. D. Pascual-Marqui. bioNMF: A versatile tool for non-negative matrix factorization of biological data. 14th Annual Internacional Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). 2006.
- 94 **Congreso.** P. Carmona-Saez; R.D. Pascual-Marqui; F. Tirado; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Gene Expression biclustering by Sparse Non-negative Matrix Factorization. 13rd Annual Internacional Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). 2005.

- 95 Congreso.** M. Chagoyen; C.O. Sorzano; P. Carmona-Saez; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Relating discrete annotation schemes in the functional space through literature analysis. 13rd Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). 2005.
- 96 Congreso.** A. Pascual-Montano; P. Carmona-Saez; R.D. Pascual-Marqui; F. Tirado and JM Carazo. Two-way clustering of gene expression profiles by sparse matrix factorization. IEEE Computational Systems Bioinformatics Conference Workshops (CSBW05).. 2005.
- 97 Congreso.** M. Chagoyen; P. Carmona-Saez; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Discovering related conceptual terms from scientific texts: a methodology to assist ontology creation. 12nd Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB). 2004.
- 98 Congreso.** P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; A. Rodríguez; O. Trelles; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Integrating GO annotations with expression data to analyze microarray experiments. Workshop on Data Mining in Functional Genomics and Proteomics: Current Trends and Future Directions (ECAI 2004). 2004.
- 99 Congreso.** P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; A. Rodríguez; O. Trelles; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Discovering biological knowledge from gene expression data using association rules. 11st Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. 2003.
- 100 Congreso.** A P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; A. Rodríguez; O. Trelles; J.M. Carazo; A. Pascual-Montano. Discovering biological knowledge from gene expression using association rules. CNIO Meeting "DNA Arrays 2003". 2003.
- 101 Congreso.** H. Hernández; G. Moreno-Bueno; P. Carmona-Saez; C. Sánchez-Estevez; O. Domínguez; J. Palacios.. Estudio de la modificación en los patrones de expresión génica en mcf-7 mediante microarrays de cdna tras el tratamiento con paclitaxel y 5-fluorouracilo. XXVI Congreso de la SEBBM. 2003.
- 102 Congreso.** G. Moreno-Bueno G; P. Carmona-Saez; H. Hernández; C. Sánchez-Estevez; O. Domínguez; J. Palacios. Estudio mediante microarrays de ADNc de la modificación en los patrones de expresión genética en la línea MCF-7 tras el tratamiento con paclitaxel y 5-fluorouracilo. IV Simposio Internacional de GEICAM, Cáncer de mama: Del laboratorio a la clínica. 2003.
- 103 Congreso.** A. Pascual-Montano; P. Carmona-Saez; M. Chagoyen and J.M. Carazo. Gene expression and scientific literature mining using a novel factorization technique. IV Jornadas de Bioinformática. 2003.
- 104 Congreso.** 4. P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; A. Rodríguez; O. Trelles; J.M. Carazo; PA de Alarcón; A. Pascual-Montano. Linking gene characteristics to expression data in microarray experiments: a datamining approach. IV Jornadas de Bioinformática. 2003.
- 105 Congreso.** P.A. de Alarcon; M. Chagoyen; P.Carmona-Saez; A. Pascual-Montano; JM Carazo. Model-based Mediation: Bridging Genomics and Proteomics. CNIO Meeting DNAMicroarrays. 2003.
- 106 Congreso.** A. Pascual-Montano; P. Carmona-Saez; M. Chagoyen; J.M. Carazo. Non-negative matrix factorization for gene expression and scientific texts analysis. 11st Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. 2003.
- 107 Congreso.** G. Moreno-Bueno; C. Sanchez-Estévez; P. Carmona-Saez; L. Lombardía; A. Dopazo; O. Dominguez; J. Dopazo; J. Palacios.. Gene expression profile in breast carcinoma cell lines after Paclitaxel treatment. Oncogenomics. 2002.

1.2.2. Transferencia e intercambio de conocimiento y actividad de carácter profesional

- 1 Systemic autoimmune diseases diagnostic and/or prognostic method Reg 28/06/2019
- 2 Diagnóstico rápido de la telangiectasia hemorrágica hereditaria mediante microRNAs exosomales de plasma sanguíneo Reg 15/04/2019

Actividad de carácter profesional

- Profesor Titular:** Universidad de Granada. 2024- actual.
- 2 Profesor Contratado Doctor:** Universidad de Granada. 11/06/2023.
- 3 Profesor Ayudante Doctor:** Universidad de Granada. 12/02/2020.
- 4 Responsable Unidad Bioinformática:** Fundación Progreso y Salud- Centro de Genómica e Investigación Oncológica. 2013.

1.3. ESTANCIAS EN UNIVERSIDADES Y CENTROS DE INVESTIGACIÓN

1.3.1. Estancias

- 1 Estancia:** RTWH Aachen University. (Alemania). 2018.
- 2 Estancia:** Broad Institute (MIT and Harvard University). (Cambridge, Estados Unidos). 2006
- 3 Estancia:** NRC Institute Information Technology. (Canadá). Desde 2004.

2. ACTIVIDAD DOCENTE

2.1. EXPERIENCIA DOCENTE

2.1.1. Dedicación docente (se acredita con el certificado que se adjunta en la sede electrónica de ANECA)

2.1.2. Pluralidad, interdisciplinariedad y complejidad docente

Desde el curso 2019 he impartido docencia reglada en el departamento de Estadística e IO de la Universidad de Granada a tiempo completo en grupos de teoría y prácticas en grado y máster. En concreto, he impartido docencia en las siguientes asignaturas:

- "Estadística II: Métodos Avanzados" del Máster Universitario en Condicionantes Genéticos, Nutricionales y Ambientales del Crecimiento y Desarrollo. Cursos 2021-22, 2022-23 y 2023-24
- "Estadística I: Tratamiento y análisis de datos mediante un paquete informático" del Máster Universitario en Condicionantes Genéticos, Nutricionales y Ambientales del Crecimiento y Desarrollo. Cursos 2021-22, 2022-23 y 2023-24
- "Métodos Básicos de bioestadística", en 4º curso del grado de estadística. Curso 2022-23 y 2023-24
- "Minería de Datos" del Máster Universitario de Estadística Aplicada. Cursos 2021-22, 2022-23 y 2023-24
- "Regresión Logística, Regresión de Poisson y Modelos de Supervivencia" del Máster Universitario en Investigación y Avances en Medicina Preventiva y Salud Pública. Curso 2020-21
- "Estadística I: Fundamentos de Estadística Aplicada" del Máster Universitario en Investigación en Actividad Física y Deporte". Curso 2020-21
- "Estadística" en el grado de enfermería. Cursos 2021-22, 2022-23 y 2023-24
- "Bioestadística" en el grado de Medicina. Cursos 2020-21, 2021-22, 2022-23 y 2023-24
- "Análisis estadístico con ordenador" en el grado de medicina. Curso 2020-21
- "Bioestadística" en el grado de Biología. Cursos 2019-20, 2020-21 y 2023-24
- "Estadística aplicada al medio ambiente" en el grado de ciencias ambientales. Cursos 2019-20.

Esta docencia cuenta con acreditación de valoración positiva de la actividad docente durante dos cursos académicos, obteniendo una valoración global de Excelente con una puntuación de 92.99 puntos de un total de 100.

2.1.4. Actividades de formación impartida a lo largo de la vida

- 1 Análisis e Integración de datos omicos en enfermedades complejas.** (30 horas). 2019.
- 2 Seminario:** Curso Epidemiología Genética. (6 horas). 2015.

- 3 **Seminario:** Biología Computacional. Análisis de inmensas cantidades de datos omicos. (4 horas). 2014.
- 4 **Seminario:** Data Mining: A practical perspective. Advanced Statistics and Data Mining Summerschool. 2009.
- 5 **Seminario:** Introduction to R. Advanced Statistics and Data Mining Summerschool. (15 horas). 2009.

3. LIDERAZGO

3.1. DIRECCIÓN DE EQUIPOS DOCENTES Y DE INVESTIGACIÓN

- 1 **Grupo de Bioinformática y Ciencia de Datos en Salud:** GENyO. 2024.
- 2 **Unidad de Bioinformática y Bioestadística:** Fundación Andaluza Progreso y Salud-GENyO. 2013.

3.2. DIRECCIÓN DE TESIS DOCTORALES Y TRABAJOS FIN DE MASTER

- 1 **Tesis Doctoral:** Analysis of functional annotations in regulatory elements. 06/10/2023.
- 2 **Tesis Doctoral:** Inferencia de patrones de regulación a partir de datos ómicos. 23/06/2023.
- 3 **Trabajo Fin de Máster:** Análisis de Falsos Positivos en la técnica GSEA, aplicación al paquete mCSEA. 2023. Sobresaliente (9.8).
- 4 **Trabajo Fin de Máster:** Predicción de variables clínicas a partir de firmas de expresión génica. 2023. Notable.
- 5 **Trabajo Fin de Máster:** Redes neuronales basadas en información biológica para tareas de clasificación en enfermedades. 2022. Sobresaliente (9.6).
- 6 **Trabajo Fin de Máster:** Técnicas estadísticas y de machine learning para el análisis integrado de datos multiómicos. 2022. Sobresaliente (9.6).
- 7 **Tesis Doctoral:** Nuevos métodos computacionales para el análisis integrado de datos – omicos y su aplicación en la medicina de personalizada. 27/04/2021.
- 8 **Trabajo Fin de Grado:** Aplicación de técnicas de inferencia causal en bioinformática. 2021. Notable (7.2).
- 9 **Trabajo Fin de Máster:** Análisis de datos de metiloma: Detección de regiones diferencialmente metiladas. 2021. Notable (8.5).
- 10 **Trabajo Fin de Máster:** Análisis de tendencias en investigación de COVID-19. 2021. Notable (8.5).
- 11 **Trabajo conducente a obtención de DEA:** Caracterización de redes de señalización asociadas al desarrollo de Leucemia Mieloide Aguda pediátrica mediante análisis integrado de datos ómicos. 2020.
- 12 **Trabajo Fin de Grado:** Búsqueda de fármacos para el tratamiento de enfermedades complejas mediante análisis bioinformáticos de perfiles transcripcionales. 2020. Sobresaliente (9.8).
- 13 **Trabajo Fin de Máster:** Análisis transcriptómico en pacientes de enfermedades autoinmunes. 2020. Sobresaliente (9.6).
- 14 **Tesis Doctoral:** Análisis integrado de datos omicos en enfermedades autoinmunes. 16/10/2019. Sobresaliente Cum Laude.
- 15 **Trabajo Fin de Máster:** Integración de datos y clustering: análisis y contribución a la investigación del cáncer. 2019. Matricula Honor (9.6).
- 16 **Trabajo Fin de Máster:** Meta Análisis de estudios de Expresión Génica en enfermedades complejas. 2019. Matricula Honor (10).
- 17 **Trabajo Fin de Máster:** SURVIVAL ANALYSIS FROM PATHWAYS AND TRANSCRIPTOMICS DATA. 2019. Matricula Honor (10).
- 18 **Proyecto Fin de Grado:** Descubrimiento de marcadores para la enfermedad Lupus mediante técnicas de entrenamiento supervisadas. 2018.
- 19 **Trabajo Fin de Grado:** Estudio Longitudinal para la caracterización de patrones de expresión génica asociados con el estado de gravedad en enfermedades autoinmunes. 2018. Sbresaliente (9.3).

- 20 **Trabajo Final de Máster:** ANÁLISIS INTEGRADO DE PERFILES DE METILOMA. 2017. Matrícula de Honor.
- 21 **Trabajo Final de Máster:** Análisis de patrones de expresión génica en enfermedades autoinmunes sistémicas mediante factorización de matrices no negativas. 2017.
- 22 **Trabajo Final de Máster:** Caracterización de mutaciones somáticas en cáncer de pulmón a partir de datos de TCGA. 2017.
- 23 **Trabajo Final de Máster:** mCSEA: Identification of subtle differential methylation in predefined regions. Studying the epigenomics of fetal growth disorders. 2017.
- 24 **Trabajo Final de Máster:** Explotación bioinformática de datos del proyecto The Cancer Genome Atlas. 2016. Sobresaliente (9).
- 25 **Trabajo Final de Máster:** Desarrollo y aplicación de técnicas de Meta-análisis en estudios de asociación genética. 25/09/2015. Matrícula Honor (10).
- 26 **Trabajo Final de Máster:** Análisis de datos en Bioinformática: Asociación entre mutaciones puntuales y patrones de expresión génica. 22/09/2014. Sobresaliente (10).

3.4. RECONOCIMIENTO Y RESPONSABILIDAD EN ORGANIZACIONES CIENTÍFICAS Y COMITÉS CIENTÍFICOS-TÉCNICOS

- 1 **Tribunal de tesis: Doctorando María del Carmen Moleón González:** Universidad de Granada.
- 2 **Tribunal de tesis: Doctorando Ernesto Aparicio Puerta:** Universidad de Granada.
- 3 **Tribunal de tesis: Doctorando Elena Piñeiro Yáñez:** Universidad Autónoma de Madrid.
- 4 **Tribunal de tesis: Doctorando Ricardo Lebrón Aguilar:** Universidad de Granada.
- 5 **Tribunal de tesis: Doctorando Daniel Tabas Madrid:** Universidad Complutense de Madrid.
- 6 **Panel de revisores en proyectos de recursos computacionales:** Red Española de Supercomputación. Desde 2024.
- 7 **Panel de evaluadores de proyectos - Convocatoria Marie Skłodowska-Curie Actions:** Desde 2023.
- 8 **Panel de evaluadores de proyectos - Convocatoria Retos en Plan Nacional 2022:** Desde 2022.
- 9 **Miembro de la Junta directiva de la Sociedad Española de Bioinformática y Biología Computacional:** Desde 2020.
- 10 **Panel de evaluadores de proyectos - Consejería de Salud, Junta de Andalucía:** Desde 30/01/2018.

4. ACTIVIDAD PROFESIONAL

Completé el doctorado en la Unidad de Bioinformática del CNB-CSIC en 2007 trabajando en la implementación de métodos para analizar grandes volúmenes de datos generados por las, en ese tiempo emergentes, tecnologías -ómicas. Estos métodos se incorporaron a paquetes de software que tuvieron un impacto significativo como Genecodis o bioNMF. Completé parte de estos proyectos en el Center for Information Technology Institute-NRC (Ottawa, Canadá) y el Broad Institute-MIT & Harvard University (Cambridge, EEUU). Tras el doctorado, continué trabajando tanto en entornos empresariales como académicos. Primero, me incorporé a Integromics SL, una empresa de software de análisis de datos genómicos, como director del departamento de I+D para liderar las actividades de la compañía en desarrollo de software que tuvieron un impacto global, impulsando la adquisición de compañía por la multinacional Perkin Elmer. Tras ese periodo, trabajé en el grupo ArTeCS de la Universidad Complutense de Madrid para desarrollar metodologías para la comparación de fenotipos en datos transcriptómicos. En 2013 me incorporé al centro GENyO en Granada para crear y liderar la Unidad de Bioinformática y Bioestadística. En 2020 gané una plaza en el Departamento de Estadística e IO de la Universidad de Granada, y desde 2024 soy profesor titular en la Universidad de Granada y lidero un grupo de investigación multidisciplinar de Bioinformática y ciencia de datos en Salud en GENyO.