



Pedro Manuel Martinez Garcia

Generado desde: Editor CVN de FECYT

Fecha del documento: 20/02/2025

v 1.4.3

fb1380bbd35b8a6a9da21d36077f28fd

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.

Mi formación académica de base es la Ingeniería Informática. Tanto mis estudios de posgrado como mi Tesis Doctoral se han enfocado al campo de la Bioinformática y la Inteligencia Artificial.

Tras cursar el Máster en Bioinformática en la Universidad de Copenhague (2009-2011), me incorporé al grupo de Modelado Molecular y Bioinformática del Instituto de Investigación Biomédica de Barcelona (2012). A continuación me uní al Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología de la Universidad de Málaga (UMA), donde desarrollé mi Tesis Doctoral, consistente en el desarrollo de diversas herramientas bioinformáticas para el análisis de genomas bacterianos y predicción de factores de virulencia en los mismos. Como consecuencia de las colaboraciones establecidas con el grupo de Bacterias Fitopatógenas del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas de Madrid, desarrollé el grueso de mi doctorado en dicho centro entre 2012 y 2015.

Ya como postdoctoral, continué mi actividad investigadora en el Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa (CABIMER), en el que estudiamos la actividad topoisomerasa en humanos y ratones. Mediante la integración de datos genómicos en modelos de aprendizaje automático, desarrollé un predictor de unión de topoisomerasas al ADN que ha permitido identificar factores relevantes implicados en la actividad de dichas proteínas. Posteriormente me uní al Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD), en el que trabajo actualmente. Como miembro del laboratorio de Juan Tena, analizo datos de secuenciación masiva para estudiar cómo los elementos cis-reguladores y la estructura de la cromatina contribuyen a la evolución y el desarrollo de diversos organismos modelo.

Alternativamente, formo parte del cuerpo docente de las universidades Isabel I y Pablo de Olavide, en la que imparto las asignaturas Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas del Máster oficial en Big Data e Introducción al lenguaje de programación R del Máster propio en Análisis Bioinformático, respectivamente.

Pedro Manuel Martinez Garcia

Apellidos: **Martinez Garcia**
Nombre: **Pedro Manuel**
DNI: **53270623R**
ScopusID: **57201259321**
ORCID: **<https://orcid.org/0000-0002-2119-2465>**
Fecha de nacimiento: **13/07/1982**
Sexo: **Hombre**
Teléfono fijo: **687629655**
Correo electrónico: **pedmanuelmartinezgarcia@gmail.com**

Situación profesional actual

- 1 Entidad empleadora:** Consejo Superior de Investigaciones Científicas **Tipo de entidad:** Agencia Estatal
Departamento: Centro Andaluz de Biología del Desarrollo
Categoría profesional: TITULADO SUP. ACTIVIDADES TECN. Y PROF.
Fecha de inicio: 15/02/2021
Modalidad de contrato: Contrato laboral temporal **Régimen de dedicación:** Tiempo completo
Funciones desempeñadas: Análisis e integración de datos de secuenciación masiva derivados de experimentos de RNAseq, ChIP-seq, ATAC-seq, HiC y HiChIP, así como el desarrollo informático de nuevos métodos de análisis, visualización e integración de datos bioinformáticos.
- 2 Entidad empleadora:** Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología
Categoría profesional: Profesor nivel III
Fecha de inicio: 11/01/2018
Modalidad de contrato: Contrato laboral temporal **Régimen de dedicación:** Tiempo parcial
Funciones desempeñadas: Docencia online

Cargos y actividades desempeñados con anterioridad

	Entidad empleadora	Categoría profesional	Fecha de inicio
1	Consejo Superior de Investigaciones Científicas	TITULADO SUP. ACTIVIDADES TECN. Y PROF.	01/02/2020
2	Consejo Superior de Investigaciones Científicas	TITULADO SUP. ACTIVIDADES TECN. Y PROF.	01/04/2016
3	ETH Zürich	Investigador postdoctoral	16/11/2015
4	Universidad de Málaga	Personal Investigador en Formación	01/10/2012
5	Instituto de Investigación Biomédica	Asistente de investigación	09/01/2012
6	Panel sistemas informáticos	Programador	15/10/2008

- 1** **Entidad empleadora:** Consejo Superior de Investigaciones Científicas **Tipo de entidad:** Agencia Estatal

Departamento: Centro Andaluz de Biología del Desarrollo

Categoría profesional: TITULADO SUP. ACTIVIDADES TECN. Y PROF.

Fecha de inicio-fin: 01/02/2020 - 04/02/2021

Modalidad de contrato: Contrato laboral temporal

Régimen de dedicación: Tiempo completo

Funciones desempeñadas: Análisis e integración de datos de secuenciación masiva derivados de experimentos de RNAseq, ChIP-seq, ATAC-seq, HiC y HiChIP, así como el desarrollo informático de nuevos métodos de análisis, visualización e integración de datos bioinformáticos.
- 2** **Entidad empleadora:** Consejo Superior de Investigaciones Científicas **Tipo de entidad:** Agencia Estatal

Departamento: Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa

Categoría profesional: TITULADO SUP. ACTIVIDADES TECN. Y PROF.

Fecha de inicio-fin: 01/04/2016 - 31/12/2019 **Duración:** 3 años - 9 meses

Modalidad de contrato: Contrato laboral temporal

Régimen de dedicación: Tiempo completo

Funciones desempeñadas: Implementación de pipelines para el procesamiento y análisis computacional de datos genómicos incluyendo estudios de calidad de la secuenciación, así como trimming y mapeo de lecturas de experimentos de secuenciación masiva. Identificación de picos (peak calling) y anotación funcional de los mismos, análisis de expresión diferencial, búsqueda de variantes genómicas y cálculo del índice de pausa. Integración de datos genómicos públicos y propios para generar modelos de aprendizaje automático (supervisado y no supervisado) que han permitido identificar factores relevantes en la actividad de la topoisomerasa II.
- 3** **Entidad empleadora:** ETH Zürich **Tipo de entidad:** Universidad

Categoría profesional: Investigador postdoctoral

Fecha de inicio-fin: 16/11/2015 - 15/02/2016 **Duración:** 3 meses

Modalidad de contrato: Becario/a (pre o posdoctoral, otros)

Régimen de dedicación: Tiempo completo
- 4** **Entidad empleadora:** Universidad de Málaga **Tipo de entidad:** Universidad

Categoría profesional: Personal Investigador en Formación

Fecha de inicio-fin: 01/10/2012 - 30/06/2015 **Duración:** 2 años - 9 meses

Modalidad de contrato: Becario/a (pre o posdoctoral, otros)

Régimen de dedicación: Tiempo completo
- 5** **Entidad empleadora:** Instituto de Investigación Biomédica **Tipo de entidad:** Instituto Universitario de Investigación

Categoría profesional: Asistente de investigación

Fecha de inicio-fin: 09/01/2012 - 19/08/2012 **Duración:** 8 meses - 13 días

Modalidad de contrato: Contrato laboral temporal

Régimen de dedicación: Tiempo completo
- 6** **Entidad empleadora:** Panel sistemas informáticos **Tipo de entidad:** Entidad Empresarial

Categoría profesional: Programador

Fecha de inicio-fin: 15/10/2008 - 29/06/2009 **Duración:** 8 meses - 14 días

Modalidad de contrato: Contrato laboral indefinido

Régimen de dedicación: Tiempo completo



Formación académica recibida

Titulación universitaria

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

Titulación universitaria: Titulado Superior

Nombre del título: Ingeniería Informática

Entidad de titulación: Universidad de Sevilla

Tipo de entidad: Universidad

Fecha de titulación: 13/01/2009

Nota media del expediente: Aprobado

Premio: No

Título homologado: Sí

Doctorados

Programa de doctorado: Doctorado en biotecnología avanzada

Entidad de titulación: Universidad de Málaga

Tipo de entidad: Universidad

Fecha de titulación: 26/06/2015

Doctorado Europeo: No

Título de la tesis: Bioinformatics tools for the analysis of plant-associated bacterial genomes

Calificación obtenida: Sobresaliente Cum Laude

Mención de calidad: No

Premio extraordinario doctor: No

Otra formación universitaria de posgrado

Tipo de formación: Máster

Titulación de posgrado: Máster en Bioinformática

Entidad de titulación: Universidad de Copenhague

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias

Fecha de titulación: 16/09/2011

Calificación obtenida: Notable

Formación especializada, continuada, técnica, profesionalizada, de reciclaje y actualización (distinta a la formación académica reglada y a la sanitaria)

1 Título de la formación: Curso de formación en prevención de riesgos laborales

Entidad de titulación: Universidad Isabel I de Castilla

Tipo de entidad: Universidad

Fecha de finalización: 24/06/2021

Duración en horas: 1 hora



2 Título de la formación: Diploma Universitario en Calidad, PRL, LOPD Y Seguridad de la Información
Entidad de titulación: Universidad Isabel I de Castilla **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 30/04/2018 **Duración en horas:** 3 horas

3 Título de la formación: Curso EMBO: Analysis of high-throughput sequencing data
Entidad de titulación: EMBO **Tipo de entidad:** European Molecular Biology Organization
Fecha de finalización: 10/09/2016 **Duración en horas:** 45 horas

Conocimiento de idiomas

Idioma	Comprensión auditiva	Comprensión de lectura	Interacción oral	Expresión oral	Expresión escrita
Italiano	B1	B1	B1	B1	B1
Inglés	C1	C1	C1	C1	C1

Actividad docente

Formación académica impartida

1 Tipo de docencia: Docencia oficial
Nombre de la asignatura/curso: Métodos matemáticos para la estadística
Tipo de programa: Ingeniería
Titulación universitaria: Graduado o Graduada en Ingeniería Informática
Fecha de inicio: 16/04/2024 **Fecha de finalización:** 30/06/2024
Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos
Nº de horas/créditos ECTS: 35
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología
Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)
Idioma de la asignatura: Español

2 Tipo de docencia: Docencia oficial
Nombre de la asignatura/curso: Métodos matemáticos para la estadística
Tipo de programa: Ingeniería
Titulación universitaria: Graduado o Graduada en Criminología
Fecha de inicio: 16/04/2024 **Fecha de finalización:** 30/06/2024
Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos
Nº de horas/créditos ECTS: 35
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Facultad de Criminología
Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)
Idioma de la asignatura: Español

3 Tipo de docencia: Docencia oficial
Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas



Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 09/01/2024

Fecha de finalización: 03/04/2024

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

4 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 09/01/2023

Fecha de finalización: 03/04/2023

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

5 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Introducción al lenguaje de programación R

Tipo de programa: Máster propio

Tipo de docencia: Virtual

Titulación universitaria: Diploma en Análisis Bioinformático

Fecha de inicio: 01/12/2022

Fecha de finalización: 10/01/2023

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Pablo de Olavide

Tipo de entidad: Universidad

Idioma de la asignatura: Español

6 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 11/01/2022

Fecha de finalización: 29/03/2022

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

7 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Complementos de Estadística

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 01/09/2020

Fecha de finalización: 31/07/2021



Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)

Idioma de la asignatura: Español

8 Tipo de docencia: Docencia no oficial

Nombre de la asignatura/curso: Bioinformática aplicada

Tipo de programa: Postgrado Universitario

Titulación universitaria: Experto Universitario en Nutrigenómica Deportiva

Fecha de inicio: 05/04/2021

Fecha de finalización: 16/07/2021

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 30

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

9 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 07/01/2021

Fecha de finalización: 24/03/2021

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

10 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Complementos de Estadística

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 01/09/2019

Fecha de finalización: 21/06/2020

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)

Idioma de la asignatura: Español

11 Tipo de docencia: Docencia no oficial

Nombre de la asignatura/curso: Bioinformática aplicada

Tipo de programa: Postgrado Universitario

Titulación universitaria: Experto Universitario en Nutrigenómica Deportiva

Fecha de inicio: 24/03/2020

Fecha de finalización: 15/06/2020

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 30

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad



Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

12 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 07/01/2020

Fecha de finalización: 18/03/2020

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

13 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Diseño Curricular en Tecnología e Informática

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Formación del Profesorado de Educación Secundaria

Fecha de inicio: 01/09/2019

Fecha de finalización: 21/12/2019

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias Sociales

Departamento: Facultad de Ciencias Sociales (Área de conocimiento: Didáctica de la Tecnología)

Idioma de la asignatura: Español

14 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Métodos matemáticos para la estadística

Tipo de programa: Ingeniería

Titulación universitaria: Graduado o Graduada en Ingeniería Informática

Fecha de inicio: 16/04/2019

Fecha de finalización: 30/06/2019

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)

Idioma de la asignatura: Español

15 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Complementos de Estadística

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 01/09/2018

Fecha de finalización: 21/06/2019

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Estadística e Investigación Operativa)

Idioma de la asignatura: Español

**16 Tipo de docencia:** Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data)

Fecha de inicio: 01/01/2019

Fecha de finalización: 15/04/2019

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias y Tecnología

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Bioinformática)

Idioma de la asignatura: Español

17 Tipo de docencia: Docencia oficial

Nombre de la asignatura/curso: Diseño Curricular en Tecnología e Informática

Tipo de programa: Máster oficial

Titulación universitaria: Máster en Formación del Profesorado de Educación Secundaria

Fecha de inicio: 01/09/2018

Fecha de finalización: 31/12/2018

Tipo de horas/créditos ECTS: Créditos

Nº de horas/créditos ECTS: 35

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias Sociales

Departamento: Facultad de Ciencias y Tecnología (Área de conocimiento: Didáctica de la Tecnología)

Idioma de la asignatura: Español

Dirección de tesis doctorales y/o trabajos fin de estudios**1 Título del trabajo:** Análisis predictivo de resultados y evaluación de rendimiento individual en la FA Women's Super League

Tipo de proyecto: TFM

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Alumno/a: Karen Vanessa Achig Guachamin

Calificación obtenida: 6.1

Fecha de defensa: 16/09/2024

2 Título del trabajo: Revisión de métodos de predicción de resultados de fútbol y aplicación a la Segunda División española

Tipo de proyecto: Trabajo fin de grado

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Alumno/a: Germán Caballero Espinosa

Calificación obtenida: 7.8

Fecha de defensa: 14/09/2024

3 Título del trabajo: Estudio para determinar las variables que más información aportan en la predicción de ganadores de la liga de fútbol basado en múltiples algoritmos de Machine Learning

Tipo de proyecto: TFM

Entidad de realización: Universidad Isabel I

Tipo de entidad: Universidad

Alumno/a: Antonio Arquero García

Calificación obtenida: 9.2



Fecha de defensa: 14/09/2024

- 4 Título del trabajo:** ESTUDIO DE LA DINÁMICA EN EL DESEMPEÑO DE SELECCIONES NACIONALES ANTES Y DESPUÉS DE FASES FINALES
Tipo de proyecto: TFM
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: DAVID CABRERA SASTRE
Calificación obtenida: 7.5
Fecha de defensa: 10/07/2023
- 5 Título del trabajo:** Estudio de la expresión génica en pacientes con carcinoma pulmonar mediante análisis de datos de secuenciación masiva
Tipo de proyecto: TFM
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: JOSE ALEJANDRO MORÁN PÉREZ
Calificación obtenida: 10
Fecha de defensa: 03/07/2023
- 6 Título del trabajo:** Desarrollo de una cinta transportadora auto clasificadora e integrada
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Pablo de Olavide **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Noelia Martínez Carrillo
Fecha de defensa: 15/04/2022
- 7 Título del trabajo:** Genome Wide Prediction of R-loops using Chromatin Features
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad de Bolonia - Universidad Pablo de Olavide
Alumno/a: Ludovica Cataneo
Calificación obtenida: 108 (sobre 110)
Fecha de defensa: 28/02/2022
- 8 Título del trabajo:** Análisis comparativo de algoritmos de aprendizaje automático para la predicción del cáncer de cuello uterino
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Alvaro Miguel Tamayo
Calificación obtenida: 7.5
Fecha de defensa: 18/09/2021
- 9 Título del trabajo:** Herramientas para la predicción de interacciones genómicas
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Pablo de Olavide **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Manuel Muñoz-Cruzado Sánchez-Romero
Calificación obtenida: 6
Fecha de defensa: 17/01/2020
- 10 Título del trabajo:** Implantación del Big Data en el Hospital 12 de Octubre: Un caso de éxito
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Leire Ahedo Fontaneda
Calificación obtenida: 5.6



Fecha de defensa: 16/07/2019

- 11 Título del trabajo:** Diseño grupal de sistemas de extracción de energía eléctrica del mar
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Antonio Bouzamayor Romero
Calificación obtenida: 5.4
Fecha de defensa: 18/07/2018
- 12 Título del trabajo:** El aprendizaje basado en proyectos como base para impartir la asignatura de Tecnología de 4º e la ESO
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Jon García Uriondo
Calificación obtenida: 7.5
Fecha de defensa: 18/07/2018
- 13 Título del trabajo:** Gamificación de la asignatura de Tecnología de 1º de la ESO como técnica de enseñanza mediante la aplicación Classcraft
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Gema Arroyo Padilla
Calificación obtenida: 7.2
Fecha de defensa: 18/07/2018
- 14 Título del trabajo:** Optimizar el aprendizaje del alumnado de Educación Secundaria Obligatoria con el empleo de los Personal Learning Environment
Tipo de proyecto: Tesina
Entidad de realización: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Alumno/a: Alaitz Aiertza Aldalur
Calificación obtenida: 7
Fecha de defensa: 18/07/2018

Otras actividades/méritos no incluidos en la relación anterior

- 1 Descripción de la actividad:** Ponencia en el programa universitario "AULA ABIERTA DE MAYORES"
Entidad organizadora: Universidad Pablo de Olavide **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 05/05/2021
- 2 Descripción de la actividad:** Ponencia dirigida a personas mayores de Castilleja de la Cuesta (Sevilla). Programa universitario "AULA ABIERTA DE MAYORES"
Entidad organizadora: Universidad Pablo de Olavide **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 16/03/2021
- 3 Descripción de la actividad:** Participación como Vocal en tribunal de 3 Trabajos Fin de Máster
Entidad organizadora: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 07/2020



- 4 Descripción de la actividad:** Elaboración de contenidos docentes para el posgrado Universitario en Nutrigenómica Deportiva
Entidad organizadora: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 03/2020
- 5 Descripción de la actividad:** Participación en la Semana de la ciencia
Entidad organizadora: Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa **Tipo de entidad:** Organismo Público de Investigación
Fecha de finalización: 12/2019
- 6 Descripción de la actividad:** Participación como Vocal en tribunal de 1 Trabajo Fin de Máster
Entidad organizadora: Universidad Pablo de Olavide **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 10/10/2019
- 7 Descripción de la actividad:** Participación como Vocal en tribunal de 1 Trabajo Fin de Máster
Entidad organizadora: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 07/2019
- 8 Descripción de la actividad:** Elaboración de contenidos docentes para el Máster en Análisis Inteligente de Datos (Big Data). Asignatura: Análisis inteligente en biomedicina, biotecnología, salud y actividades deportivas
Entidad organizadora: Universidad Isabel I **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de finalización: 01/2019
- 9 Descripción de la actividad:** Participación en la Semana de la ciencia
Entidad organizadora: Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa **Tipo de entidad:** Organismo Público de Investigación
Fecha de finalización: 14/11/2018
- 10 Descripción de la actividad:** Actividad divulgativa para alumnos de bachillerato
Entidad organizadora: Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa **Tipo de entidad:** Organismo Público de Investigación
Fecha de finalización: 22/05/2018

Experiencia científica y tecnológica

Actividad científica o tecnológica

Proyectos de I+D+i financiados en convocatorias competitivas de Administraciones o entidades públicas y privadas

- 1** **Nombre del proyecto:** Evoland: H2020-ER C-ADG/0329 Evolution of regulatory landscapes at multiple timescales (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional **Ámbito geográfico:** Unión Europea

Grado de contribución: Investigador/a

Entidad de realización: Consejo Superior de Investigaciones Científicas **Tipo de entidad:** Agencia Estatal

Ciudad entidad realización: Sevilla, Andalucía, España

Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...): José Luis Gómez Skarmeta

Entidad/es financiadora/s: Comisión Europea **Tipo de entidad:** ERC

Cód. según financiadora: H2020-ER C-ADG/0329

Fecha de inicio-fin: 01/09/2017 - 31/08/2022

Cuantía total: 2.499.513,85 €

Resultados relevantes: Identificación de elementos cis-reguladores y estados de la estructura de la cromatina que contribuyen a la evolución y el desarrollo de diversos organismos modelo

Explicación narrativa: Análisis de datos de secuenciación masiva
- 2** **Nombre del proyecto:** SAF2017-89619-R: Papel de la topoisomerasa II en la organización, expresión y estabilidad del genoma: implicaciones patológicas y oportunidades terapéuticas (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional **Ámbito geográfico:** Nacional

Grado de contribución: Investigador/a

Entidad de realización: Consejo Superior de Investigaciones Científicas **Tipo de entidad:** Agencia Estatal

Ciudad entidad realización: Andalucía, España

Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...): Felipe Cortés Ledesma

Entidad/es financiadora/s: Ministerio de Ciencia e Innovación **Tipo de entidad:** Ministerio de Ciencia e Innovación

Tipo de participación: Miembro de equipo

Cód. según financiadora: SAF2017-89619-R

Fecha de inicio-fin: 01/01/2018 - 31/12/2020

Cuantía total: 290.400 €

Resultados relevantes: Resultados publicados en <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2021.108977>

Explicación narrativa: Análisis bioinformático de muestras de secuenciación masiva
- 3** **Nombre del proyecto:** TOPOmics-647359: H2020-ERC/0090 Global Dynamics of Topoisomerase-Induced DNA Breaks (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional **Ámbito geográfico:** Unión Europea

**Grado de contribución:** Investigador/a**Entidad de realización:** Consejo Superior de Investigaciones Científicas**Tipo de entidad:** Agencia Estatal**Ciudad entidad realización:** Andalucía, España**Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...):** Felipe Cortés Ledesma**Entidad/es financiadora/s:**

Comisión Europea

Tipo de entidad: ERC**Cód. según financiadora:** H2020-ERC/0090**Fecha de inicio-fin:** 01/11/2015 - 31/10/2020**Cuantía total:** 2.000.000 €**Resultados relevantes:** Resultados publicados en <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007814> y <https://www.nature.com/articles/s41467-020-14638-w>**Explicación narrativa:** Análisis de datos de secuenciación masiva

- 4** **Nombre del proyecto:** AGL2014-53242-C2-1-R: Pseudomonas savastanoi como patógeno emergente: Genómica y evolución de la especificidad de huésped. (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional**Ámbito geográfico:** Nacional**Grado de contribución:** Titulado/a universitario/a en formación**Entidad de realización:** Universidad de Málaga**Tipo de entidad:** Universidad**Ciudad entidad realización:** Andalucía, España**Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...):** Cayo Juan Ramos Rodríguez**Entidad/es financiadora/s:**

Ministerio de Ciencia e Innovación

Tipo de entidad: Ministerio de Ciencia e Innovación**Cód. según financiadora:** AGL2014-53242-C2-1-R**Fecha de inicio-fin:** 01/01/2015 - 31/12/2017**Cuantía total:** 229.900 €**Resultados relevantes:** Identificación de factores asociados a la patogenicidad de Pseudomonas savastanoi**Explicación narrativa:** Desarrollo de herramientas bioinformáticas de análisis de genomas bacterianos

- 5** **Nombre del proyecto:** P10-AGR-5797: Estrategias genómicas dirigidas al control biológico de enfermedades fúngicas en cultivos de relevancia en Andalucía (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional**Ámbito geográfico:** Autonómica**Grado de contribución:** Titulado/a universitario/a en formación**Entidad de realización:** Universidad de Málaga**Tipo de entidad:** Universidad**Ciudad entidad realización:** Andalucía, España**Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...):** Cayo Juan Ramos Rodríguez**Entidad/es financiadora/s:**

Junta de Andalucía

Tipo de entidad: Junta de Andalucía**Cód. según financiadora:** P10-AGR-5797**Fecha de inicio-fin:** 27/01/2011 - 27/01/2016**Cuantía total:** 272.957 €**Resultados relevantes:** Identificación genes asociados a implicados en fitopatogenicidad y/o control biológico**Explicación narrativa:** Desarrollo de herramientas de anotación de genomas bacterianos

- 6** **Nombre del proyecto:** AGL2011-30343-C02-01: Análisis funcional de factores de virulencia y determinantes del espectro de huésped en Pseudomonas savastanoi (COMPETITIVO)

Modalidad de proyecto: De investigación y desarrollo incluida traslacional**Ámbito geográfico:** Nacional



Grado de contribución: Titulado/a universitario/a en formación

Entidad de realización: Universidad de Málaga

Tipo de entidad: Universidad

Ciudad entidad realización: Andalucía, España

Nombres investigadores principales (IP, Co-IP,...): Cayo Juan Ramos Rodríguez

Entidad/es financiadora/s:

Ministerio de Ciencia e Innovación

Tipo de entidad: Ministerio de Ciencia e Innovación

Cód. según financiadora: AGL2011-30343-C02-01

Fecha de inicio-fin: 27/01/2012 - 27/01/2015

Cuantía total: 160.000 €

Resultados relevantes: Identificación de factores genéticos involucrados en la interacción patógeno-huésped de *Pseudomona savastanoi*

Explicación narrativa: Desarrollo de herramientas de anotación de genomas bacterianos

Actividades científicas y tecnológicas

Producción científica

Publicaciones, documentos científicos y técnicos

- 1** Thomas Vanhaeren; Angela Robledo Troncoso García; José Francisco Torres Maldonado; Federico Divina; Pedro Manuel Martínez-García. Application of XAI to the prediction of CTCF binding sites. Results in Engineering. pp. No aplica - No aplica. Elsevier, 20/12/2024. ISSN 2590-1230

DOI: 10.1016/j.rineng.2024.103776

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 5

Nº total de autores: 5

Autor de correspondencia: Sí

Resultados relevantes: The inherent 'black box' nature of deep learning models has hindered their widespread adoption in certain fields, as they provide limited transparency into the reasoning behind their predictions. In the last years, Explainable Artificial Intelligence (XAI) techniques have proven to be effective not only in prediction itself but also in the extraction of meaningful knowledge from deep learning models by means of feature interpretation. In this study, Local Interpretable Model-agnostic Explanations are applied to the prediction of CTCF binding sites, a common task in the field of genomics. Good prediction performances and inferred explanations are obtained that highlight the most informative features that contribute to predictions such as chromatin accessibility and cis-regulatory elements which align well with previously reported data. This work represents a proof of concept showing that XAI are suitable for the extraction of molecular insights from complex biological problems like CTCF binding prediction.

- 2** Aradhana Kasimsetty; Young Hwang; John K Everett; Alexander G McFarland; Sonja A Zolnoski; Tianyu Lu; Pedro Manuel Martínez García; Denise E Sabatino; Frederic D Bushman. Modulation of AAV transduction and integration targeting by topoisomerase poisons. Molecular Therapy Methods & Clinical Development. pp. No aplica - No aplica. Cell Press, 28/10/2024. ISSN 2329-0501

DOI: 10.1016/j.omtm.2024.101364

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 7

Nº total de autores: 9

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Adeno-associated virus (AAV) is a widely used vehicle for gene delivery, lending interest to developing methods for enhancing AAV transduction and transgene expression. Here, we profile the function of several topoisomerase poisons, which are small molecules that stabilize topoisomerase enzymatic intermediates, where topoisomerase enzymes are covalently bound at chromosomal DNA breaks. As previously observed, we found that the topoisomerase poisons camptothecin (CPT), doxorubicin (DOX), and etoposide (ETO) increased AAV transduction in cultured cell models. DOX and ETO, small molecules that specifically inhibit type II topoisomerases

and so stabilize double-strand breaks, were found to boost integration of AAV DNA into the host cell chromosome. Analysis of integration site distributions showed that integration targeting was altered, so that integration in the presence of DOX or ETO was favored near actively transcribed regions. Locations of topoisomerase II binding sites were inferred from genomic data using a novel machine learning platform, and integration in the presence of DOX or ETO was found to be selectively favored near inferred topoisomerase II binding sites. These data help guide development of improved transduction protocols using these reagents and establish that DOX and ETO can control AAV integration targeting

- 3** Che-Yi Lin; Ferdinand Marlétaz; Alberto Pérez Posada; Pedro Manuel Martínez García. Chromosome-level genome assemblies of 2 hemichordates provide new insights into deuterostome origin and chromosome evolution. PLOS Biology. pp. No aplica - No aplica. PLOS, 03/06/2024. ISSN 1544-9173

DOI: 10.1371/journal.pbio.3002661

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 4

Nº total de autores: 19

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Deuterostomes are a monophyletic group of animals that includes Hemichordata, Echinodermata (together called Ambulacraria), and Chordata. The diversity of deuterostome body plans has made it challenging to reconstruct their ancestral condition and to decipher the genetic changes that drove the diversification of deuterostome lineages. Here, we generate chromosome-level genome assemblies of 2 hemichordate species, *Ptychodera flava* and *Schizocardium californicum*, and use comparative genomic approaches to infer the chromosomal architecture of the deuterostome common ancestor and delineate lineage-specific chromosomal modifications. We show that hemichordate chromosomes (1N = 23) exhibit remarkable chromosome-scale macrosynteny when compared to other deuterostomes and can be derived from 24 deuterostome ancestral linkage groups (ALGs). These deuterostome ALGs in turn match previously inferred bilaterian ALGs, consistent with a relatively short transition from the last common bilaterian ancestor to the origin of deuterostomes. Based on this deuterostome ALG complement, we deduced chromosomal rearrangement events that occurred in different lineages. For example, a fusion-with-mixing event produced an Ambulacraria-specific ALG that subsequently split into 2 chromosomes in extant hemichordates, while this homologous ALG further fused with another chromosome in sea urchins. Orthologous genes distributed in these rearranged chromosomes are enriched for functions in various developmental processes. We found that the deeply conserved Hox clusters are located in highly rearranged chromosomes and that maintenance of the clusters are likely due to lower densities of transposable elements within the clusters. We also provide evidence that the deuterostome-specific pharyngeal gene cluster was established via the combination of 3 pre-assembled microsyntenic blocks. We suggest that since chromosomal rearrangement events and formation of new gene clusters may change the regulatory controls of developmental genes, these events may have contributed to the evolution of diverse body plans among deuterostomes.

- 4** Eva D'haene; Víctor López Soriano; Pedro Manuel Martínez García. Comparative 3D genome analysis between neural retina and retinal pigment epithelium reveals differential cis-regulatory interactions at retinal disease loci. Genome Biology. pp. No aplica - No aplica. BioMed Central, 17/05/2024. ISSN 1465-6906

DOI: 10.1186/s13059-024-03250-6

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 17

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Background Vision depends on the interplay between photoreceptor cells of the neural retina and the underlying retinal pigment epithelium (RPE). Most genes involved in inherited retinal diseases display specific spatiotemporal expression within these interconnected retinal components through the local recruitment of cis-regulatory elements (CREs) in 3D nuclear space. Results To understand the role of differential chromatin architecture in establishing tissue-specific expression at inherited retinal disease loci, we mapped genome-wide chromatin interactions using in situ Hi-C and H3K4me3 HiChIP on neural retina and RPE/choroid from human adult donor eyes. We observed chromatin looping between active promoters and 32,425 and 8060 candidate CREs in the neural retina and RPE/choroid, respectively. A comparative 3D genome analysis between these two retinal tissues revealed that 56% of 290 known inherited retinal disease genes were marked by differential chromatin interactions. One of these was ABCA4, which is implicated in the most common autosomal recessive inherited retinal disease. We zoomed in on retina- and RPE-specific cis-regulatory interactions at the ABCA4 locus using high-resolution UMI-4C. Integration with bulk and single-cell epigenomic datasets and in vivo enhancer assays in zebrafish revealed tissue-specific CREs interacting with ABCA4. Conclusions Through comparative 3D genome mapping, based on

genome-wide, promoter-centric, and locus-specific assays of human neural retina and RPE, we have shown that gene regulation at key inherited retinal disease loci is likely mediated by tissue-specific chromatin interactions. These findings do not only provide insight into tissue-specific regulatory landscapes at retinal disease loci, but also delineate the search space for non-coding genomic variation underlying unsolved inherited retinal diseases.

- 5** Marta Moreno Oñate; Lourdes Gallardo Fuentes; Pedro Manuel Martínez García; Silvia Naranjo; Sandra Jiménez Gancedo; Juan J Tena; José M Santos Pereira. Rewiring of the epigenome and chromatin architecture by exogenously induced retinoic acid signaling during zebrafish embryonic development. *Nucleic Acids Research*. pp. No aplica - No aplica. Oxford Academic, 07/02/2024. ISSN 1362-4962

DOI: 10.1093/nar/gkae065

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 3

Nº total de autores: 7

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Retinoic acid (RA) is the ligand of RA receptors (RARs), transcription factors that bind to RA response elements. RA signaling is required for multiple processes during embryonic development, including body axis extension, hindbrain antero-posterior patterning and forelimb bud initiation. Although some RA target genes have been identified, little is known about the genome-wide effects of RA signaling during in vivo embryonic development. Here, we stimulate the RA pathway by treating zebrafish embryos with all-trans-RA (atRA) and use a combination of RNA-seq, ATAC-seq, ChIP-seq and HiChIP to gain insight into the molecular mechanisms by which exogenously induced RA signaling controls gene expression. We find that RA signaling is involved in anterior/posterior patterning, central nervous system development, and the transition from pluripotency to differentiation. AtRA treatment also alters chromatin accessibility during early development and promotes chromatin binding of RARα and the RA targets Hoxb1b, Meis2b and Sox3, which cooperate in central nervous system development. Finally, we show that exogenous RA induces a rewiring of chromatin architecture, with alterations in chromatin 3D interactions involving target genes. Altogether, our findings identify genome-wide targets of RA signaling and provide a molecular mechanism by which developmental signaling pathways regulate target gene expression by altering chromatin topology.

- 6** Ferdinand Marlétaz; Elisa de la Calle Mustienes; Rafael Domínguez Acemel; Juan J. Tena; Darío G. Lupiáñez; Daniel S. Rokhsar; José Luis Gómez Skarmeta. The little skate genome and the evolutionary emergence of wing-like fin appendages. *Nature*. pp. No aplica - No aplica. Nature, 12/04/2023. ISSN 1476-4687

DOI: 10.1038/s41586-023-05868-1

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 7

Nº total de autores: 31

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Skates are cartilaginous fish whose novel body plan features remarkably enlarged wing-like pectoral fins that allow them to thrive in benthic environments. The molecular underpinnings of this unique trait, however, remain elusive. Here we investigate the origin of this phenotypic innovation by developing the little skate *Leucoraja erinacea* as a genomically enabled model. Analysis of a high-quality chromosome-scale genome sequence for the little skate shows that it preserves many ancestral jawed vertebrate features compared with other sequenced genomes, including numerous ancient microchromosomes. Combining genome comparisons with extensive regulatory datasets in developing fins – gene expression, chromatin occupancy and three-dimensional (3D) conformation – we find skate-specific genomic rearrangements that alter the 3D regulatory landscape of genes involved in the planar cell polarity (PCP) pathway. Functional inhibition of PCP signaling resulted in marked reduction of anterior fin size, confirming this pathway as a major contributor of batoid fin morphology. We also identified a fin-specific enhancer that interacts with 3' HOX genes, consistent with the redeployment of Hox gene expression in anterior pectoral fins, and confirmed the potential of this element to activate transcription in the anterior fin using zebrafish reporter assays. Our findings underscore the central role of genome reorganizations and regulatory variation in the evolution of phenotypes, shedding light on the molecular origin of an enigmatic trait.

- 7** Fernando M. Delgado Chaves; Pedro Manuel Martínez García; Andrés Herrero Ruiz; Francisco Gómez Vela; Federico Divina; Silvia Jimeno González; Felipe Cortés Ledesma. Data of transcriptional effects of the merbarone-mediated inhibition of TOP2. *Data in Brief*. pp. No aplica - No aplica. Elsevier Inc., 01/08/2022. ISSN 2352-3409

DOI: 10.1016/j.dib.2022.108499

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 2**Nº total de autores:** 7**Autor de correspondencia:** No

Resultados relevantes: Type II DNA topoisomerases relax topological stress by transiently gating DNA passage in a controlled cut-and-reseal mechanism that affects both DNA strands. Therefore, they are essential to overcome topological problems associated with DNA metabolism. Their aberrant activity results in the generation of DNA double-strand breaks, which can seriously compromise cell survival and genome integrity. Here, we profile the transcriptome of human-telomerase-immortalized retinal pigment epithelial 1 (RPE-1) cells when treated with merbarone, a drug that catalytically inhibits type II DNA topoisomerases. We performed RNA-Seq after 4 and 8 h of merbarone treatment and compared transcriptional profiles versus untreated samples. We report raw sequencing data together with lists of gene counts and differentially expressed genes.

- 8** Andrés Herrero Ruiz; Pedro Manuel Martínez García; José Terrón Bautista; Gonzalo Millán-Zambrano; Jenna Lieberman; Silvia Jimeno González; Felipe Cortés Ledesma. Topoisomerase II α represses transcription by enforcing promoter-proximal pausing. Cell Reports. 35(2) - 108977, pp. No aplica - No aplica. Elsevier Inc., 13/04/2021. ISSN 2211-1247

DOI: 10.1016/j.celrep.2021.108977**Tipo de producción:** Artículo científico**Tipo de soporte:** Revista**Posición de firma:** 2**Nº total de autores:** 7**Autor de correspondencia:** No

Resultados relevantes: Accumulation of topological stress in the form of DNA supercoiling is inherent to the advance of RNA polymerase II (Pol II) and needs to be resolved by DNA topoisomerases to sustain productive transcriptional elongation. Topoisomerases are therefore considered positive facilitators of transcription. Here, we show that, in contrast to this general assumption, human topoisomerase II α (TOP2A) activity at promoters represses transcription of immediate early genes such as c-FOS, maintaining them under basal repressed conditions. Thus, TOP2A inhibition creates a particular topological context that results in rapid release from promoter-proximal pausing and transcriptional upregulation, which mimics the typical bursting behavior of these genes in response to physiological stimulus. We therefore describe the control of promoter-proximal pausing by TOP2A as a layer for the regulation of gene expression, which can act as a molecular switch to rapidly activate transcription, possibly by regulating the accumulation of DNA supercoiling at promoter regions.

- 9** Pedro Manuel Martínez García; Miguel García Torres; Federico Divina; José Terrón Bautista; Irene Delgado Sainz; Francisco Gómez Vela; Felipe Cortés Ledesma. Genome-wide prediction of topoisomerase II β binding by architectural factors and chromatin accessibility. Plos Computational Biology. 17(1) - e1007814, pp. No aplica - No aplica. 19/01/2021. Disponible en Internet en: <<https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007814>>. ISSN 1553-7358

DOI: 10.1371/journal.pcbi.1007814**Tipo de producción:** Artículo científico**Tipo de soporte:** Revista**Posición de firma:** 1**Nº total de autores:** 7**Autor de correspondencia:** Sí

Resultados relevantes: DNA topoisomerase II- β (TOP2B) is fundamental to remove topological problems linked to DNA metabolism and 3D chromatin architecture, but its cut-and-reseal catalytic mechanism can accidentally cause DNA double-strand breaks (DSBs) that can seriously compromise genome integrity. Understanding the factors that determine the genome-wide distribution of TOP2B is therefore not only essential for a complete knowledge of genome dynamics and organization, but also for the implications of TOP2-induced DSBs in the origin of oncogenic translocations and other types of chromosomal rearrangements. Here, we conduct a machine-learning approach for the prediction of TOP2B binding using publicly available sequencing data. We achieve highly accurate predictions, with accessible chromatin and architectural factors being the most informative features. Strikingly, TOP2B is sufficiently explained by only three features: DNase I hypersensitivity, CTCF and cohesin binding, for which genome-wide data are widely available. Based on this, we develop a predictive model for TOP2B genome-wide binding that can be used across cell lines and species, and generate virtual probability tracks that accurately mirror experimental ChIP-seq data. Our results deepen our knowledge on how the accessibility and 3D organization of chromatin determine TOP2B function, and constitute a proof of principle regarding the in silico prediction of sequence-independent chromatin-binding factors.

- 10** Saray Santamaría Hernando; Jean Paul Cerna Vargas; Pedro Manuel Martínez García; Sofía de Francisco de Polanco; Pablo Rodríguez Palenzuela; José Juan Rodríguez Herva; Emilia López Solanilla. Blue light perception by epiphytic *Pseudomonas syringae* drives chemoreceptor expression enabling efficient plant infection. *Molecular Plant Pathology*. 21 - (12), pp. 1606 - 1619. 07/10/2020. ISSN 1364-3703

DOI: 10.1111/mpp.13001

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 3

Nº total de autores: 7

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Adaptation and efficient colonization of the phyllosphere are essential processes for the switch to an epiphytic stage in foliar bacterial pathogens. Here, we explore the interplay among light perception and global transcriptomic alterations in epiphytic populations of the hemibiotrophic pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (PsPto) following contact with tomato leaves. We found that blue-light perception by PsPto on leaf surfaces is required for optimal colonization. Blue light triggers the activation of metabolic activity and increases the transcript levels of five chemoreceptors through the function of light oxygen voltage and BphP1 photoreceptors. The inactivation of PSPTO_1008 and PSPTO_2526 chemoreceptors causes a reduction in virulence. Our results indicate that during PsPto interaction with tomato plants, light perception, chemotaxis, and virulence are highly interwoven processes.

- 11** Thomas Vanhaeren; Federico Divina; Miguel García Torres; Francisco Gómez Vela; Wim Vanhoof; Pedro Manuel Martínez García. A comparative study of supervised machine learning algorithms for the prediction of long-range chromatin interactions. *Genes*. 11(9) - 985, pp. No aplica - No aplica. 24/08/2020. Disponible en Internet en: <<https://www.mdpi.com/2073-4425/11/9/985>>. ISSN 2073-4425

DOI: 10.3390/genes11090985

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 6

Nº total de autores: 6

Autor de correspondencia: Sí

Resultados relevantes: The role of three-dimensional genome organization as a critical regulator of gene expression has become increasingly clear over the last decade. Most of our understanding of this association comes from the study of long range chromatin interaction maps provided by Chromatin Conformation Capture-based techniques, which have greatly improved in recent years. Since these procedures are experimentally laborious and expensive, in silico prediction has emerged as an alternative strategy to generate virtual maps in cell types and conditions for which experimental data of chromatin interactions is not available. Several methods have been based on predictive models trained on one-dimensional (1D) sequencing features, yielding promising results. However, different approaches vary both in the way they model chromatin interactions and in the machine learning-based strategy they rely on, making it challenging to carry out performance comparison of existing methods. In this study, we use publicly available 1D sequencing signals to model cohesin-mediated chromatin interactions in two human cell lines and evaluate the prediction performance of six popular machine learning algorithms: decision trees, random forests, gradient boosting, support vector machines, multi-layer perceptron and deep learning. Our approach accurately predicts long-range interactions and reveals that gradient boosting significantly outperforms the other five methods, yielding accuracies of about 95%. We show that chromatin features in close genomic proximity to the anchors cover most of the predictive information, as has been previously reported. Moreover, we demonstrate that gradient boosting models trained with different subsets of chromatin features, unlike the other methods tested, are able to produce accurate predictions. In this regard, and besides architectural proteins, transcription factors are shown to be highly informative. Our study provides a framework for the systematic prediction of long-range chromatin interactions, identifies gradient boosting as the best suited algorithm for this task and highlights cell-type specific binding of transcription factors at the anchors as important determinants of chromatin wiring mediated by cohesin.

- 12** Alejandro Álvarez Quilón; José Terrón Bautista; Irene Delgado Sainz; Almudena Serrano Benítez; Rocío Romero Granados; Pedro Manuel Martínez García; Silvia Jimeno González; Cristina Bernal Lozano; Cristina Quintero; Lourdes García Quintanilla; Felipe Cortés Ledesma. Endogenous topoisomerase II-mediated DNA breaks drive thymic cancer predisposition linked to ATM deficiency. *Nature Communications*. 11(1) - 910, pp. No aplica - No aplica. 14/02/2020. ISSN 2041-1723

DOI: 10.1038/s41467-020-14638-w

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 6

Nº total de autores: 11**Autor de correspondencia:** No

Resultados relevantes: The ATM kinase is a master regulator of the DNA damage response to double-strand breaks (DSBs) and a well-established tumour suppressor whose loss is the cause of the neurodegenerative and cancer-prone syndrome Ataxia-Telangiectasia (A-T). A-T patients and *Atm*^{-/-} mouse models are particularly predisposed to develop lymphoid cancers derived from deficient repair of RAG-induced DSBs during V(D)J recombination. Here, we unexpectedly find that specifically disturbing the repair of DSBs produced by DNA topoisomerase II (TOP2) by genetically removing the highly specialised repair enzyme TDP2 increases the incidence of thymic tumours in *Atm*^{-/-} mice. Furthermore, we find that TOP2 strongly colocalizes with RAG, both genome-wide and at V(D)J recombination sites, resulting in an increased endogenous chromosomal fragility of these regions. Thus, our findings demonstrate a strong causal relationship between endogenous TOP2-induced DSBs and cancer development, confirming these lesions as major drivers of ATM-deficient lymphoid malignancies, and potentially other conditions and cancer types.

- 13** Saray Santamaría Hernando; Marta Senovilla; Almudena González Mula; Pedro Manuel Martínez García; Sandra Nebreda; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla; José Juan Rodríguez Herva. The *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 PSPTO_0820 multidrug transporter is involved in resistance to plant antimicrobials and bacterial survival during tomato plant infection. PLoS One. 14(6) - e0218815, pp. No aplica - No aplica. 25/06/2019. ISSN 1932-6203

DOI: 10.1371/journal.pone.0218815**Tipo de producción:** Artículo científico**Tipo de soporte:** Revista**Posición de firma:** 4**Nº total de autores:** 8**Autor de correspondencia:** No

Resultados relevantes: Multidrug resistance efflux pumps protect bacterial cells against a wide spectrum of antimicrobial compounds. PSPTO_0820 is a predicted multidrug transporter from the phytopathogenic bacterium *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000. Orthologs of this protein are conserved within many *Pseudomonas* species that interact with plants. To study the potential role of PSPTO_0820 in plant-bacteria interaction, a mutant in this gene was isolated and characterized. In addition, with the aim to find the outer membrane channel for this efflux system, a mutant in PSPTO_4977, a TolC-like gene, was also analyzed. Both mutants were more susceptible to trans-cinnamic and chlorogenic acids and to the flavonoid (+)-catechin, when added to the culture medium. The expression level of both genes increased in the presence of (+)-catechin and, in the case of PSPTO_0820, also in response to trans-cinnamic acid. PSPTO_0820 and PSPTO_4977 mutants were unable to colonize tomato at high population levels. This work evidences the involvement of these two proteins in the resistance to plant antimicrobials, supporting also the importance of chlorogenic acid, trans-cinnamic acid, and (+)-catechin in the tomato plant defense response against *P. syringae* pv. tomato DC3000 infection.

- 14** Saray Santamaría Hernando; José Juan Rodríguez Herva; Pedro Manuel Martínez García; Isabel del Río Álvarez; Pablo González Melendi; Jaime Zamorano; Carlos Tapia; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla. *Pseudomonas syringae* pv. tomato exploits light signals to optimize virulence and colonization of leaves. Environmental microbiology. 20 - (12), pp. 4261 - 4280. 20/12/2018. ISSN 1462-2920

DOI: 10.1111/1462-2920.14331**Tipo de producción:** Artículo científico**Tipo de soporte:** Revista**Posición de firma:** 3**Nº total de autores:** 9

Resultados relevantes: Light is pervasive in the leaf environment, creating opportunities for both plants and pathogens to cue into light as a signal to regulate plant-microbe interactions. Light enhances plant defences and regulates opening of stomata, an entry point for foliar bacterial pathogens such as *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (PsPto). The effect of light perception on gene expression and virulence was investigated in PsPto. Light induced genetic reprogramming in PsPto that entailed significant changes in stress tolerance and virulence. Blue light-mediated up-regulation of type three secretion system genes and red light-mediated down-regulation of coronatine biosynthesis genes. Cells exposed to white light, blue light or darkness before inoculation were more virulent when inoculated at dawn than dusk probably due to an enhanced entry through open stomata. Exposure to red light repressed coronatine biosynthesis genes which could lead to a reduced stomatal re-opening and PsPto entry. Photoreceptor were required for the greater virulence of light-treated and dark-treated PsPto inoculated at dawn as compared to dusk, indicating that these proteins sense the absence of light and contribute to priming of virulence in the dark. These results support a model in which PsPto exploits light changes to maximize survival, entry and virulence on plants.

- 15** Leire Bardaji; Myriam Echeverría; Pablo Rodríguez Palenzuela; Pedro Manuel Martínez García; Jesús Murillo. Four genes essential for recombination define Glnts, a new type of mobile genomic island widespread in bacteria. *Scientific Reports*. 7 - 46254, pp. No aplica - No aplica. 10/04/2017. ISSN 2045-2322

DOI: 10.1038/srep46254

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 4

Nº total de autores: 5

Resultados relevantes: Integrases are a family of tyrosine recombinases that are highly abundant in bacterial genomes, actively disseminating adaptive characters such as pathogenicity determinants and antibiotics resistance. Using comparative genomics and functional assays, we identified a novel type of mobile genetic element, the Glnt, in many diverse bacterial groups but not in archaea. Integrated as genomic islands, Glnts show a tripartite structure consisting of the ginABCD operon, a cargo DNA region from 2.5 to at least 70 kb, and a short AT-rich 3' end. The gin operon is characteristic of Glnts and codes for three putative integrases and a small putative helix-loop-helix protein, all of which are essential for integration and excision of the element. Genes in the cargo DNA are acquired mostly from phylogenetically related bacteria and often code for traits that might increase fitness, such as resistance to antimicrobials or virulence. Glnts also tend to capture clusters of genes involved in complex processes, such as the biosynthesis of phaseolotoxin by *Pseudomonas syringae*. Glnts integrate site-specifically, generating two flanking direct imperfect repeats, and excise forming circular molecules. The excision process generates sequence variants at the element attachment site, which can increase frequency of integration and drive target specificity.

- 16** Pedro Manuel Martínez García; Emilia López Solanilla; Cayo Ramos; Pablo Rodríguez Palenzuela. Prediction of bacterial associations with plants using a supervised machine-learning approach. *Environmental microbiology*. 18 - (12), pp. 4847 - 4861. 27/05/2016. ISSN 1462-2920

DOI: 10.1111/1462-2920.13389

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 4

Resultados relevantes: Recent scenarios of fresh produce contamination by human enteric pathogens have resulted in severe food-borne outbreaks, and a new paradigm has emerged stating that some human-associated bacteria can use plants as secondary hosts. As a consequence, there has been growing concern in the scientific community about these interactions that have not yet been elucidated. Since this is a relatively new area, there is a lack of strategies to address the problem of food-borne illnesses due to the ingestion of fruits and vegetables. In the present study, we performed specific genome annotations to train a supervised machine-learning model that allows for the identification of plant-associated bacteria with a precision of ~93%. The application of our method to approximately 9500 genomes predicted several unknown interactions between well-known human pathogens and plants, and it also confirmed several cases for which evidence has been reported. We observed that factors involved in adhesion, the deconstruction of the plant cell wall and detoxifying activities were highlighted as the most predictive features. The application of our strategy to sequenced strains that are involved in food poisoning can be used as a primary screening tool to determine the possible causes of contaminations.

- 17** Concepción Magno Pérez; Pedro Manuel Martínez García; Jesús Hierrezuelo; Pablo Rodríguez Palenzuela; Eva Arrebola; Cayo Ramos; Antonio de Vicente; Alejandro Pérez García; Diego Romero. Comparative Genomics Within the *Bacillus* Genus Reveal the Singularities of Two Robust *Bacillus amyloliquefaciens* Biocontrol Strains. *Molecular Plant Microbe Interactions*. 28 - (10), pp. 1102 - 1116. 28/10/2015. ISSN 1943-7706

DOI: 10.1094/MPMI-02-15-0023-R

PMID: 26035127

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 2

Nº total de autores: 9

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 8237 and CECT 8238, formerly known as *Bacillus subtilis* UMAF6639 and UMAF6614, respectively, contribute to plant health by facing microbial pathogens or inducing the plant's defense mechanisms. We sequenced their genomes and developed a set of ad hoc scripts that allowed us to search for the features implicated in their beneficial interaction with plants. We define a core set of genes that should ideally be found in any beneficial *Bacillus* strain, including the production of secondary metabolites, volatile

compounds, metabolic plasticity, cell-to-cell communication systems, and biofilm formation. We experimentally prove that some of these genetic elements are active, such as i) the production of known secondary metabolites or ii) acetoin and 2-3-butanediol, compounds that stimulate plant growth and host defense responses. A comparison with other *Bacillus* genomes permits us to find differences in the cell-to-cell communication system and biofilm formation and to hypothesize variations in their persistence and resistance ability in diverse environmental conditions. In addition, the major protection provided by CECT 8237 and CECT 8238, which is different from other *Bacillus* strains against bacterial and fungal melon diseases, permits us to propose a correlation with their singular genetic background and determine the need to search for additional blind biocontrol-related features.

- 18** Isabel del Río Álvarez; Cristina Muñoz Gómez; Mariela Navas Vásquez; Pedro Manuel Martínez García; María Antúnez Lamas; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla. Role of *Dickeya dadantii* 3937 chemoreceptors in the entry to *Arabidopsis* leaves through wounds. *Molecular Plant Pathology*. 16 - (7), pp. 685 - 698. 16/09/2015. ISSN 1364-3703

DOI: 10.1111/mpp.12227

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 4

Nº total de autores: 7

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: Chemotaxis enables bacteria to move towards an optimal environment in response to chemical signals. In the case of plant-pathogenic bacteria, chemotaxis allows pathogens to explore the plant surface for potential entry sites with the ultimate aim to prosper inside plant tissues and to cause disease. Chemoreceptors, which constitute the sensory core of the chemotaxis system, are usually transmembrane proteins which change their conformation when sensing chemicals in the periplasm and transduce the signal through a kinase pathway to the flagellar motor. In the particular case of the soft-rot pathogen *Dickeya dadantii* 3937, jasmonic acid released in a plant wound has been found to be a strong chemoattractant which drives pathogen entry into the plant apoplast. In order to identify candidate chemoreceptors sensing wound-derived plant compounds, we carried out a bioinformatics search of candidate chemoreceptors in the genome of *Dickeya dadantii* 3937. The study of the chemotactic response to several compounds and the analysis of the entry process to *Arabidopsis* leaves of 10 selected mutants in chemoreceptors allowed us to determine the implications of at least two of them (ABF-0020167 and ABF-0046680) in the chemotaxis-driven entry process through plant wounds. Our data suggest that ABF-0020167 and ABF-0046680 may be candidate receptors of jasmonic acid and xylose, respectively.

- 19** Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Eva Arrebola; Víctor Carrión; José Antonio Gutiérrez Barranquero; Alejandro Pérez García; Cayo Ramos; Francisco Cazorla; Antonio de Vicente. Bioinformatics Analysis of the Complete Genome Sequence of the Mango Tree Pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* UMAF0158 Reveals Traits Relevant to Virulence and Epiphytic Lifestyle. *PLOS ONE*. 10(8) - e0136101, pp. No aplica - No aplica. 27/08/2015. ISSN 1932-6203

DOI: 10.1371/journal.pone.0136101

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 9

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: The genome sequence of more than 100 *Pseudomonas syringae* strains has been sequenced to date; however only few of them have been fully assembled, including *P. syringae* pv. *syringae* B728a. Different strains of pv. *syringae* cause different diseases and have different host specificities; so, UMAF0158 is a *P. syringae* pv. *syringae* strain related to B728a but instead of being a bean pathogen it causes apical necrosis of mango trees, and the two strains belong to different phylotypes of pv. *syringae* and clades of *P. syringae*. In this study we report the complete sequence and annotation of *P. syringae* pv. *syringae* UMAF0158 chromosome and plasmid pPSS158. A comparative analysis with the available sequenced genomes of other 25 *P. syringae* strains, both closed (the reference genomes DC3000, 1448A and B728a) and draft genomes was performed. The 5.8 Mb UMAF0158 chromosome has 59.3% GC content and comprises 5017 predicted protein-coding genes. Bioinformatics analysis revealed the presence of genes potentially implicated in the virulence and epiphytic fitness of this strain. We identified several genetic features, which are absent in B728a, that may explain the ability of UMAF0158 to colonize and infect mango trees: the mangotoxin biosynthetic operon *mbo*, a gene cluster for cellulose production, two different type III and two type VI secretion systems, and a particular T3SS effector repertoire. A mutant strain defective in the rhizobial-like T3SS Rhc showed no differences compared to wild-type during its interaction with host and non-host plants and worms. Here we report the first complete sequence of the chromosome of a pv. *syringae* strain pathogenic to a woody plant host. Our data also shed light on the genetic factors that possibly determine the pathogenic and

epiphytic lifestyle of UMAF0158. This work provides the basis for further analysis on specific mechanisms that enable this strain to infect woody plants and for the functional analysis of host specificity in the *P. syringae* complex.

- 20** Pedro Manuel Martínez García; Cayo Ramos; Pablo Rodríguez Palenzuela. T346Hunter: a novel web-based tool for the prediction of type III, type IV and type VI secretion systems in bacterial genomes. PLOS ONE. 10(4) - e0119317, pp. No aplica - No aplica. 13/04/2015. ISSN 1932-6203

DOI: 10.1371/journal.pone.0119317

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 3

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: T346Hunter (Type Three, Four and Six secretion system Hunter) is a web-based tool for the identification and localisation of type III, type IV and type VI secretion systems (T3SS, T4SS and T6SS, respectively) clusters in bacterial genomes. Non-flagellar T3SS (NF-T3SS) and T6SS are complex molecular machines that deliver effector proteins from bacterial cells into the environment or into other eukaryotic or prokaryotic cells, with significant implications for pathogenesis of the strains encoding them. Meanwhile, T4SS is a more functionally diverse system, which is involved in not only effector translocation but also conjugation and DNA uptake/release. Development of control strategies against bacterial-mediated diseases requires genomic identification of the virulence arsenal of pathogenic bacteria, with T3SS, T4SS and T6SS being major determinants in this regard. Therefore, computational methods for systematic identification of these specialised machines are of particular interest. With the aim of facilitating this task, T346Hunter provides a user-friendly web-based tool for the prediction of T3SS, T4SS and T6SS clusters in newly sequenced bacterial genomes. After inspection of the available scientific literature, we constructed a database of hidden Markov model (HMM) protein profiles and sequences representing the various components of T3SS, T4SS and T6SS. T346Hunter performs searches of such a database against user-supplied bacterial sequences and localises enriched regions in any of these three types of secretion systems. Moreover, through the T346Hunter server, users can visualise the predicted clusters obtained for approximately 1700 bacterial chromosomes and plasmids. T346Hunter offers great help to researchers in advancing their understanding of the biological mechanisms in which these sophisticated molecular machines are involved. T346Hunter is freely available at <http://bacterial-virulence-factors.cbgp.upm.es/T346Hunter>.

- 21** Pedro Manuel Martínez García; David Ruano Rosa; Elisabetta Schiliro; Pilar Prieto; Cayo Ramos; Pablo Rodríguez Palenzuela; Jesús Mercado Blanco. Complete genome sequence of *Pseudomonas fluorescens* strain PICF7, an indigenous root endophyte from olive (*Olea europaea* L.) and effective biocontrol agent against *Verticillium dahliae*. Standards in Genomic Sciences. 10:10 - eCollection 2015, pp. No aplica - No aplica. 06/02/2015. ISSN 1944-3277

DOI: 10.1186/1944-3277-10-10

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 7

Autor de correspondencia: No

Resultados relevantes: *Pseudomonas fluorescens* strain PICF7 is a native endophyte of olive roots. Previous studies have shown this motile, Gram-negative, non-sporulating bacterium is an effective biocontrol agent against the soil-borne fungus *Verticillium dahliae*, the causal agent of one of the most devastating diseases for olive (*Olea europaea* L.) cultivation. Here, we announce and describe the complete genome sequence of *Pseudomonas fluorescens* strain PICF7 consisting of a circular chromosome of 6,136,735 bp that encodes 5,567 protein-coding genes and 88 RNA-only encoding genes. Genome analysis revealed genes predicting factors such as secretion systems, siderophores, detoxifying compounds or volatile components. Further analysis of the genome sequence of PICF7 will help in gaining insights into biocontrol and endophytism.

- 22** Isabel del Río Álvarez; José Juan Rodríguez Herva; Pedro Manuel Martínez; Pablo González Melendi; Gloria García Casado; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla. Light regulates motility, attachment and virulence in the plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000. Environmental Microbiology. 16 - (7), pp. 2072 - 2085. 16/07/2014. ISSN 1462-2920

DOI: 10.1111/1462-2920.12240

Tipo de producción: Artículo científico

Tipo de soporte: Revista

Posición de firma: 3

Nº total de autores: 7

Resultados relevantes: *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000 (Pto) is the causal agent of the bacterial speck of tomato, which leads to significant economic losses in this crop. Pto inhabits the tomato phyllosphere, where the pathogen is highly exposed to light, among other environmental factors. Light represents a stressful condition and acts as a source of information associated with different plant defence levels. Here, we analysed the presence of both blue and red light photoreceptors in a group of *Pseudomonas*. In addition, we studied the effect of white, blue and red light on Pto features related to epiphytic fitness. While white and blue light inhibit motility, bacterial attachment to plant leaves is promoted. Moreover, these phenotypes are altered in a blue-light receptor mutant. These light-controlled changes during the epiphytic stage cause a reduction in virulence, highlighting the relevance of motility during the entry process to the plant apoplast. This study demonstrated the key role of light perception in the Pto phenotype switching and its effect on virulence.

- 23** Pedro Manuel Martínez García; Miguel García Torres; Federico Divina; Francisco Antonio Gómez Vela; Felipe Cortés Ledesma. Analysis of Relevance and Redundance on Topoisomerase 2b (TOP2B) Binding Sites: A Feature Selection Approach. Springer Lecture Notes in Computer Science. EvoApplications 2018: Applications of Evolutionary Computation. 10784 - No aplica, pp. 86 - 101. Springer, 08/03/2018. ISBN 978-3-319-77538-8

DOI: 10.1007/978-3-319-77538-8_7

Tipo de producción: Capítulo de libro

Tipo de soporte: Libro

Posición de firma: 1

Nº total de autores: 5

Autor de correspondencia: Sí

Resultados relevantes: Topoisomerases are proteins that regulate the topology of DNA by introducing transient breaks to relax supercoiling. In this paper we focus our attention on Topoisomerases 2 (TOP2), which generate double-strand DNA breaks that, if inefficiently repaired, can seriously compromise genomic stability. It is then important to gain insights on the molecular processes involved in TOP2-DNA binding. In order to do this, we collected genomic and epigenomic information from publicly available high-throughput sequencing projects and systematically quantified them within experimentally measured TOP2 binding sites. We then applied feature selection techniques in order to both increase the performance of classification and to gain insight on the particular properties that can be of biological relevance. Results obtained allowed us to identify a core set of predictive chromatin features that faithfully explain TOP2 binding.

Trabajos presentados en congresos nacionales o internacionales

- 1** **Título del trabajo:** Genomic prediction of cell type specific R-loops
Nombre del congreso: 12th International Work-Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering
Tipo evento: Congreso **Ámbito geográfico:** Unión Europea
Tipo de participación: Participativo - Póster
Autor de correspondencia: Sí
Ciudad de celebración: Gran Canaria, Canarias, España
Fecha de celebración: 15/07/2024
Fecha de finalización: 17/07/2024
Entidad organizadora: Universidad de Granada
Thomas Vanhaeren; Ludovica Cataneo; Federico Divina; Pedro Manuel Martínez García.
- 2** **Título del trabajo:** De novo prediction of promoter-enhancer interactions using genomic features
Nombre del congreso: Enhanceropathies: Understanding enhancer function to understand human disease
Tipo evento: Congreso **Ámbito geográfico:** Unión Europea
Tipo de participación: Participativo - Póster **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación
Autor de correspondencia: Sí
Ciudad de celebración: Santander, Cantabria, España
Fecha de celebración: 06/10/2021
Fecha de finalización: 09/10/2021
Entidad organizadora: EMBO



Pedro Manuel Martínez García; Thomas Vanhaeren; Federico Divina; Miguel García Torres. "De novo prediction of promoter-enhancer interactions using genomic features".

3 Título del trabajo: DNA topoisomerase II negatively regulates transcription by enforcing promoter-proximal pausing

Nombre del congreso: EMBO Workshop: DNA topology and topoisomerases in genome dynamics

Tipo evento: Congreso

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral (comunicación oral)

Intervención por: No asistente

Ciudad de celebración: Les Diablerets, Suiza

Fecha de celebración: 16/09/2019

Fecha de finalización: 20/09/2019

Entidad organizadora: EMBO

Carlos Gómez Marín; Jose Terrón Bautista; Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortes Ledesma.

4 Título del trabajo: Roles of DNA topoisomerase II in genome organization, expression and stability

Nombre del congreso: Current Trends in Biomedicine Workshop: Chromosome architecture and topological stress

Tipo evento: Congreso

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Póster

Intervención por: Revisión previa a la aceptación

Ciudad de celebración: Baeza, Andalucía, España

Fecha de celebración: 08/10/2018

Fecha de finalización: 10/10/2018

Entidad organizadora: Universidad Internacional de Andalucía

Tipo de entidad: Universidad

Andrés Herrero Ruiz; Carlos Gómez Marín; Pedro Manuel Martínez García; José Terrón Bautista; Silvia Jimeno González; Felipe Cortés Ledesma.

5 Título del trabajo: Global Dynamics of Topoisomerase II Activity

Nombre del congreso: Current Trends in Biomedicine Workshop: Chromosome architecture and topological stress

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Póster

Intervención por: Revisión previa a la aceptación

Ciudad de celebración: Baeza, Andalucía, España

Fecha de celebración: 08/10/2018

Fecha de finalización: 10/10/2018

Entidad organizadora: Universidad Internacional de Andalucía

Tipo de entidad: Universidad

José Terrón Bautista; Carlos Gómez Marín; Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortés Ledesma.

6 Título del trabajo: TOP2 and YY1 occupancy predict promoter proximal pausing genome wide

Nombre del congreso: Current Trends in Biomedicine Workshop: Chromosome architecture and topological stress

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral (comunicación oral)

Intervención por: Revisión previa a la aceptación

Ciudad de celebración: Baeza, Andalucía, España

Fecha de celebración: 08/10/2018

Fecha de finalización: 10/10/2018

Entidad organizadora: Universidad Internacional de Andalucía

Tipo de entidad: Universidad

Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortés Ledesma.

- 7** **Título del trabajo:** Transcription regulation by DNA topoisomerase II
Nombre del congreso: Current Trends in Biomedicine Workshop: Chromosome architecture and topological stress
Ámbito geográfico: Unión Europea
Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)
Ciudad de celebración: Baeza, Andalucía, España
Fecha de celebración: 08/10/2018
Fecha de finalización: 10/10/2018
Entidad organizadora: Universidad Internacional de **Tipo de entidad:** Universidad Andalucía
Andres Herrero Ruiz; Silvia Jimeno Gonzalez; Pedro Manuel Martínez García; Carlos Gómez Marín; Felipe Cortés Ledesma.
- 8** **Título del trabajo:** Genome wide profiling of topoisomerase type II activity
Nombre del congreso: Embo Conference: The DNA damage response in cell physiology and disease
Ámbito geográfico: Unión Europea
Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente (comunicación oral)
Ciudad de celebración: Atenas, Grecia
Fecha de celebración: 02/10/2017
Fecha de finalización: 06/10/2017
Entidad organizadora: EMBO
José Terrón Bautista; Carlos Gómez Marín; Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortés Ledesma.
- 9** **Título del trabajo:** REGULATION OF TRANSCRIPTION INITIATION BY TOPOISOMERASE II β
Nombre del congreso: CSHL Meeting: Mechanisms of eukaryotic transcription
Ámbito geográfico: Internacional no UE
Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente (comunicación oral)
Ciudad de celebración: Nueva York, Estados Unidos de América
Fecha de celebración: 29/09/2017
Fecha de finalización: 02/10/2017
Entidad organizadora: Cold Spring Harbor Laboratory
Silvia Jimeno González; Andrés Herrero Ruiz; Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortés Ledesma.
- 10** **Título del trabajo:** Genome wide association of TOP2B and CTCF binding with promoter- proximal transcriptional pausing
Nombre del congreso: EMBO Workshop: DNA topoisomerases and DNA topology
Ámbito geográfico: Unión Europea
Tipo de participación: Participativo - Póster **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación
Ciudad de celebración: Les Diablerets, Suiza
Fecha de celebración: 17/09/2017
Fecha de finalización: 21/09/2017
Entidad organizadora: EMBO
Pedro Manuel Martínez García; Carlos Gómez Marín; Andrés Herrero Ruiz; Silvia Jimeno González; Felipe Cortés Ledesma.
- 11** **Título del trabajo:** Roles of topoisomerase II- β in the organization, expression and stability of the genome
Nombre del congreso: EMBO Workshop: DNA topoisomerases and DNA topology
Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Les Diablerets, Suiza

Fecha de celebración: 17/09/2017

Fecha de finalización: 21/09/2017

Entidad organizadora: EMBO

Carlos Gómez Marín; José Terrón Bautista; Pedro Manuel Martínez García; Andrés Herrero Ruiz; Silvia Jimeno González; Felipe Cortés Ledesma.

12 Título del trabajo: Transcription regulation by DNA topoisomerase II

Nombre del congreso: EMBO Workshop: DNA topoisomerases and DNA topology

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Les Diablerets, Suiza

Fecha de celebración: 17/09/2017

Fecha de finalización: 21/09/2017

Entidad organizadora: EMBO

Andres Herrero Ruiz; Silvia Jimeno González; Pedro Manuel Martínez García; Felipe Cortés Ledesma.

13 Título del trabajo: Novel *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* virulence factors and their contribution to knot formation in olive plants

Nombre del congreso: 9 th International Conference on *Pseudomonas syringae* and Related Pathogens

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Málaga, Andalucía, España

Fecha de celebración: 02/06/2015

Fecha de finalización: 05/06/2015

Isabel Aragón; Pilar Castañeda Ojeda; Eloy Caballo Ponce; Isabel Pérez Martínez; Pedro Manuel Martínez García; Alba Moreno Pérez; Adrián Pintado Calvillo; Kimberley McGrail; Francisco J Rodríguez Jiménez; Jesús Murillo; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla; Cayo Ramos.

14 Título del trabajo: Perception of plant and environmental signals in *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000

Nombre del congreso: The 9 th International Conference on *Pseudomonas syringae* pathovars and related pathogens

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Málaga, Andalucía, España

Fecha de celebración: 02/06/2015

Fecha de finalización: 05/06/2015

Saray Santamaría Hernando; Isabel del Río Álvarez; Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla.

15 Título del trabajo: Relevant features to epiphytic and pathogenic lifestyles from the genome sequence of *Pseudomonas syringae* UMAF0158

Nombre del congreso: The 9 th International Conference on *Pseudomonas syringae* pathovars and related pathogens

Ámbito geográfico: Unión Europea

Intervención por: No asistente

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral
(comunicación oral)

Ciudad de celebración: Málaga, Andalucía, España

Fecha de celebración: 02/06/2015

Fecha de finalización: 05/06/2015

Eva Arrebola; Victor J Carrión; Pedro Manuel Martínez García; José A Gutiérrez Barranquero; Alejandro Pérez García; Cayo Ramos; Pablo Rodríguez Palenzuela; Francisco M Cazorla; Antonio de Vicente.

- 16 Título del trabajo:** Genomic analysis of two *Pseudomonas* spp. strains displaying endophytic lifestyle in olive roots and effective biological control of *Verticillium dahliae*

Nombre del congreso: VII meeting of the IOBC/WPRS: Integrated Protection of Olive Crops

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente
(comunicación oral)

Ciudad de celebración: Kalamata, Grecia

Fecha de celebración: 11/05/2015

Fecha de finalización: 14/05/2015

Entidad organizadora: International Organisation for Biological Control

Pedro Manuel Martínez García; David Ruano Rosa; Elisabetta Schilirò; María Gómez del Campo; Cayo Ramos; Pablo Rodríguez Palenzuela; Jesús Mercado Blanco.

- 17 Título del trabajo:** Caracterización del elemento genético móvil Glnt

Nombre del congreso: VI Reunión del Grupo Especializado en Microbiología de Plantas de la Sociedad Española de Microbiología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente
(comunicación oral)

Ciudad de celebración: Miraflores de la Sierra (Madrid), Comunidad de Madrid, España

Fecha de celebración: 11/03/2015

Fecha de finalización: 13/03/2015

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGIA

Myriam Echeverría; Leire Bardaji; Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Jesús Murillo.

- 18 Título del trabajo:** Resistencia de *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 frente a compuestos antimicrobianos de tomate mediada por bombas de extrusión multidroga

Nombre del congreso: VI Reunión del Grupo Especializado en Microbiología de Plantas de la Sociedad Española de Microbiología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente
(comunicación oral)

Ciudad de celebración: Miraflores de la Sierra (Madrid), Comunidad de Madrid, España

Fecha de celebración: 11/03/2015

Fecha de finalización: 13/03/2015

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGIA

Marta Senovilla; Almudena González Mula; Isabel del Río Álvarez; S. Bertrand; Pedro Manuel Martínez García; Mariela Navas Vásquez; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emili López Solanilla; José Juan Rodríguez Herva.

- 19 Título del trabajo:** ANÁLISIS DE LOS GENOMAS DE DOS CEPAS DE *Pseudomonas* spp. ENDOFITAS NATURALES DE RAÍCES DE OLIVO (*Olea europaea* L.) Y EFICACES AGENTES DE CONTROL BIOLÓGICO DE LA VERTICILOSIS

Nombre del congreso: XVII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Lleida, Cataluña, España

Fecha de celebración: 07/10/2014

Fecha de finalización: 10/10/2014

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGIA

Pedro Manuel Martínez García; Elisabetta Schiliro; Carmen Gómez Lama; David Ruano Rosa; Pablo Rodríguez Palenzuela; Jesús Mercado Blanco.

- 20 Título del trabajo:** ANÁLISIS DE LOS METABOLITOS SECUNDARIOS PRODUCIDOS POR LOS AGENTES DE CONTROL BIOLÓGICO *Bacillus amyloliquefaciens* CECT 8237 Y CECT 8238

Nombre del congreso: XVII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Póster **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación

Ciudad de celebración: Lleida, Cataluña, España

Fecha de celebración: 07/10/2014

Fecha de finalización: 10/10/2014

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGIA

María Concepción Magno; Pedro Manuel Martínez García; Antonio de Vicente; Pablo Rodríguez Palenzuela; Diego Romero; Alejandro Pérez García.

- 21 Título del trabajo:** DOS HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE GENOMAS DE BACTERIAS FITOPATÓGENAS

Nombre del congreso: XVII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Lleida, Cataluña, España

Fecha de celebración: 07/10/2014

Fecha de finalización: 10/10/2014

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGIA

Pedro Manuel Martínez García; Cayo Ramos; Isabel del Río Álvarez; José J Rodríguez Herva; Antonio de Vicente; Emilia López Solanilla; Pablo Rodríguez Palenzuela.

- 22 Título del trabajo:** ESTUDIO FUNCIONAL DE LAS MCPs ESPECÍFICAS IMPLICADAS EN EL PROCESO DE ENTRADA EN LA PLANTA A TRAVÉS DE HERIDAS

Nombre del congreso: XVII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Lleida, Cataluña, España

Fecha de celebración: 07/10/2014

Fecha de finalización: 10/10/2014

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGIA

Cristina Muñoz Gómez; Isabel del Río Álvarez; Mariela Navas; Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla.

- 23 Título del trabajo:** GInt: A NOVEL MOBILE GENETIC ELEMENT WIDELY DISTRIBUTED IN BACTERIA

Nombre del congreso: XVII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Póster **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación



Ciudad de celebración: Lleida, Cataluña, España

Fecha de celebración: 07/10/2014

Fecha de finalización: 10/10/2014

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGIA

Leire Bardaji; Myriam Echeverría; Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Jesús Murillo.

- 24 Título del trabajo:** THE COMPLETE GENOME ANALYSIS OF BACILLUS AMYLOLIQUEFACIENS UMAF6614 AND UMAF6639 REVEALS GENETIC FEATURES INVOLVED IN BIOCONTROL ACTIVITY AND BACTERIAL FITNESS

Nombre del congreso: XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions

Ámbito geográfico: Unión Europea

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** No asistente (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Rhodes, Grecia

Fecha de celebración: 06/07/2014

Fecha de finalización: 10/07/2014

Entidad organizadora: International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions

Concepción Magno Perez-Bryan; Pedro Manuel Martínez García; Antonio de Vicente Moreno; Diego Romero Hinojosa; Pablo Rodríguez Palenzuela; Alejandro Pérez García.

- 25 Título del trabajo:** Light controls Pseudomonas syringae pv tomato DC3000 virulence

Nombre del congreso: V Reunión del Grupo Especializado en Microbiología de Plantas de la Sociedad Española de Microbiología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Girona, Cataluña, España

Fecha de celebración: 10/04/2013

Fecha de finalización: 13/04/2013

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGIA

Isabel del Río Álvarez; José J Rodríguez Herva; Pedro Manuel Martínez García; Pablo Rodríguez Palenzuela; Emilia López Solanilla.

- 26 Título del trabajo:** SAGRA: Una nueva herramienta para el análisis de genomas de bacterias asociadas a plantas

Nombre del congreso: V Reunión del Grupo Especializado en Microbiología de Plantas de la Sociedad Española de Microbiología

Ámbito geográfico: Nacional

Tipo de participación: Participativo - Ponencia oral **Intervención por:** Revisión previa a la aceptación (comunicación oral)

Ciudad de celebración: Girona, Cataluña, España

Fecha de celebración: 10/04/2013

Fecha de finalización: 13/04/2013

Entidad organizadora: SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGIA

Pedro Manuel Martínez García; Cayo Ramos; Emilia López Solanilla; Antonio de Vicente; Pablo Rodríguez Palenzuela.

Otros méritos

Estancias en centros públicos o privados

- 1** **Entidad de realización:** Escuela Politécnica Federal **Tipo de entidad:** Universidad de Zúrich (ETH Zurich)
Facultad, instituto, centro: Department of Biosystems Science and Engineering
Ciudad entidad realización: Basilea, Suiza
Fecha de inicio-fin: 15/11/2015 - 14/02/2016 **Duración:** 3 meses
Entidad financiadora: Swiss National Science Foundation
Nombre del programa: Proyecto sinergia (NO COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Posdoctoral
Tareas contrastables: Análisis de expresión diferencial en células T de pacientes con diabetes tipo 2
Explicación narrativa: Análisis de expresión diferencial en células T de pacientes con diabetes tipo 2
- 2** **Entidad de realización:** Universidad Politécnica de Madrid **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-INIA)
Ciudad entidad realización: Madrid, Comunidad de Madrid, España
Fecha de inicio-fin: 01/01/2014 - 31/10/2014 **Duración:** 10 meses
Nombre del programa: Estancia nacional (NO COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Doctorado/a
Tareas contrastables: Desarrollo de herramientas bioinformáticas de anotación de genomas bacterianos
Explicación narrativa: Desarrollo de herramientas bioinformáticas de anotación de genomas bacterianos
- 3** **Entidad de realización:** Universidad Politécnica de Madrid **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-INIA)
Ciudad entidad realización: Madrid, Comunidad de Madrid, España
Fecha de inicio-fin: 01/10/2012 - 31/12/2012 **Duración:** 3 meses
Nombre del programa: Estancia nacional (NO COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Doctorado/a
Tareas contrastables: Generación de bases de datos de factores de virulencia en genomas bacterianos asociados a plantas
Explicación narrativa: Generación de bases de datos de factores de virulencia en genomas bacterianos asociados a plantas
- 4** **Entidad de realización:** Universidad de Copenhague **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Biocenter
Ciudad entidad realización: Copenhague, Dinamarca
Fecha de inicio-fin: 01/09/2009 - 31/08/2011 **Duración:** 2 años
Entidad financiadora: Junta de Andalucía (Beca Talentia)
Nombre del programa: Talentia (COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Estudiante de Máster
Tareas contrastables: Obtención del título "Master of science in Bioinformatics" (120 ECTS)
Explicación narrativa: Obtención del título "Master of science in Bioinformatics" (120 ECTS)



- 5** **Entidad de realización:** Università degli Studi di Firenze
Facultad, instituto, centro: Scuola di Ingegneria
Ciudad entidad realización: Florencia, Italia
Fecha de inicio-fin: 01/09/2007 - 30/06/2008 **Duración:** 10 meses
Entidad financiadora: Unión Europea (Beca Erasmus)
Nombre del programa: Erasmus (COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Estudiante de Ingeniería Informática
Tareas contrastables: Realización del Proyecto Fin de Carrera de Ingeniería Informática
Explicación narrativa: Proyecto Fin de Carrera
- 6** **Entidad de realización:** Universidad Pontificia de Salamanca **Tipo de entidad:** Universidad
Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias
Ciudad entidad realización: Salamanca, Castilla y León, España
Fecha de inicio-fin: 01/10/2006 - 30/06/2007 **Duración:** 9 meses
Entidad financiadora: Gobierno de España (Beca Séneca) **Tipo de entidad:** Universidad
Nombre del programa: Séneca (COMPETITIVO)
Objetivos de la estancia: Estudiante de Ingeniería Informática
Tareas contrastables: Realización de un curso académico de Ingeniería Informática
Explicación narrativa: 5º Ingeniería Informática

Ayudas y becas obtenidas

- 1** **Nombre de la ayuda:** Ayuda a personal investigador doctor
Finalidad: Posdoctoral
Entidad concesionaria: Junta de Andalucía **Tipo de entidad:** Administración pública
Fecha de concesión: 01/02/2021 **Duración:** 3 años
Fecha de finalización: 01/02/2024
Entidad de realización: Centro Andaluz de Biología del Desarrollo
- 2** **Nombre de la ayuda:** Ayuda predoctoral Personal Investigador en Formación (Andalucía Tech)
Finalidad: Predoctoral
Entidad concesionaria: Campus de Excelencia Internacional (CEI) Andalucía TECH **Tipo de entidad:** Universidad
Fecha de concesión: 16/11/2012 **Duración:** 2 años - 4 meses
Fecha de finalización: 16/03/2015
Entidad de realización: Universidad de Málaga
Facultad, instituto, centro: Facultad de Ciencias
- 3** **Nombre de la ayuda:** Beca Talentia
Finalidad: Beca para la realización del Máster en Bioinformática de la Universidad de Copenhague
Entidad concesionaria: Junta de Andalucía **Tipo de entidad:** Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa
Fecha de concesión: 30/07/2009 **Duración:** 2 años
Fecha de finalización: 16/09/2011
Entidad de realización: Universidad de Copenhague
Facultad, instituto, centro: Biocenter



4 **Nombre de la ayuda:** Beca Erasmus
Finalidad: Erasmus
Entidad concesionaria: Gobierno de España
Fecha de concesión: 05/2007 **Duración:** 10 meses
Fecha de finalización: 30/06/2008
Entidad de realización: Universidad de Florencia

5 **Nombre de la ayuda:** Beca Séneca
Finalidad: Intercambio nacional (Séneca)
Entidad concesionaria: Gobierno de España
Fecha de concesión: 07/2006 **Duración:** 9 meses
Fecha de finalización: 30/06/2007
Entidad de realización: Universidad Pontificia de Salamanca