



**Parte A. DATOS PERSONALES**

<b>Fecha del CVA</b>	2021
----------------------	------

Nombre y apellidos	Pedro Carmona Sáez		
DNI/NIE/pasaporte		Edad	
Núm. identificación del investigador	Researcher ID	B-2802-2011	
	Código Orcid	0000-0002-6173-7255	

**A.1. Situación profesional actual**

Organismo	Universidad de Granada		
Dpto./Centro	Estadística e I.O.		
Dirección			
Teléfono	Correo electrónico	<a href="mailto:pcarmona@ugr.es">pcarmona@ugr.es</a>	
Categoría profesional	PAD	Fecha inicio	2020
Espec. cód. UNESCO			
Palabras clave			

**A.2. Formación académica (título, institución, fecha)**

Licenciatura/Grado/Doctorado	Universidad	Año
Doctor en Ciencias (Bioinformática)	Autónoma de Madrid	2007

**A.3. Indicadores generales de calidad de la producción científica (véanse instrucciones)**

- 47 artículos en JCR (39 en Q1). 17 como primer autor o corresponding.
- 7 publicaciones en proceedings
- 3 capítulos de libros
- Índice H: 20 (Google Scholar)
- Citas acumuladas: 2500 (Google Scholar)
- Más de 70 participaciones en congresos nacionales e internacionales

**Tesis supervisadas desde 2010**

- Tesis doctoral: Jordi Martorell-Marugán: "Computational and statistical methods for integrated analysis of biomedical data". Universidad de Granada, 2021.
- Tesis doctoral: Daniel Toro Domínguez: "Análisis integrado de datos omicos en enfermedades autoinmunes". Universidad de Granada, 2019.
- Cinco tesis doctorales en curso
- Dirección de 18 TFMs/TFGs en títulos de grado y máster de Estadística Aplicada, Ciencia de Datos y Biomedicina

**Parte B. RESUMEN LIBRE DEL CURRÍCULUM (máximo 3500 caracteres, incluyendo espacios en blanco)**

Obtuve mi doctorado en 2007 en la **Unidad de Biocomputación (Centro Nacional de Biotecnología, Madrid)** que dirige el Dr. José M. Carazo. Durante este período participé en el desarrollo de nuevos métodos estadísticos y computacionales para el análisis de grandes cantidades de datos biomédicos generados por las emergentes tecnologías -ómicas. Fruto de este trabajo publiqué seis artículos en revistas de primer nivel y desarrollé diversos paquetes de software que tuvieron un gran impacto en el campo de análisis de datos -ómicos, como Genecodis (Carmona-Saez et al. Genome Biology 2007) o bioNMF (Carmona-Saez et al. BMC Bioinformatics 2006, Pascual-Montano et al. BMC Bioinformatics 2006). Completé parte de mi investigación en el **Instituto de Tecnologías de la Información-NRC (Ottawa, Canadá)** y el **Broad Institute (MIT y Universidad de Harvard, Cambridge, EEUU)**.

Durante el período posdoctoral, trabajé tanto en entornos empresariales como académicos. Después de completar el doctorado, me incorporé a **Integromics SL**, una empresa de desarrollo de software para análisis de datos y bioinformática, para dirigir el departamento de I+D. Mis funciones estuvieron centradas en liderar las actividades de la compañía en proyectos nacionales e internacionales y el desarrollo de soluciones de software que lograron un impacto mundial e impulsaron la adquisición de la empresa por parte de la multinacional



Perkin Elmer. Posteriormente me incorporé al Grupo de Arquitectura y Tecnología de Sistemas Informáticos de la **Universidad Complutense de Madrid** donde coordiné un proyecto de investigación para desarrollar un nuevo sistema para la generación de conocimiento a partir de recursos públicos de expresión génica y la extracción automática de información a partir de textos científicos mediante técnicas de factorización no negativa de matrices.

En 2013 me incorporé al Centro de Investigaciones Genómicas e Oncológicas (**GENYO**) de Granada para poner en marcha y dirigir la Unidad de Bioinformática y desde febrero de 2020 soy profesor ayudante doctor en del **Departamento de Estadística e I.O. de la Universidad de Granada**. En 2018 fui investigador visitante en el grupo de Biomedicina Computacional de la Universidad RWTH Aachen, en Alemania.

Mis principales líneas de investigación se centran en el desarrollo de nuevos métodos estadísticos y de aprendizaje automático para el análisis de grandes volúmenes de datos biomédicos y su aplicación para descifrar los mecanismos moleculares de enfermedades complejas. En particular, técnicas de integración y meta-análisis de datos multi-ómicos procedentes de fuentes heterogéneas para clasificación o descubrimiento de biomarcadores (selección de variables). Parte de estas metodologías se han implementado como herramientas web o paquetes de R (<http://compbio.ugr.es/tools/>)

## Parte C. MÉRITOS MÁS RELEVANTES (ordenados por tipología)

### C.1. Publicaciones

Últimos 5 años (Lista completa en <http://compbio.ugr.es/publications/>)

1. Martorell-Marugán J, Villatoro-García JA, García-Moreno A, López-Domínguez R, Requena F, Merelo JJ, Lacasaña M, de Dios Luna J, Díaz-Mochón JJ, Lorente JA, Carmona-Sáez P. DatAC: A visual analytics platform to explore climate and air quality indicators associated with the COVID-19 pandemic in Spain. Sci. Total Environ. 2021. D1
2. D. Toro-Domínguez\*, J.A. Villatoro-García\*, J. Martorell-Marugán, Y. Roman, ME Alarcon-Riquelme, P. Carmona-Saez. A survey of gene expression meta-analysis: methods and applications. Brief. Bioinform. 2021. D1
3. K. Troulé, H. López-Fernández, S. García-Martín, M. Reboiro-Jato, C. Carretero-Puche, J. Martorell-Marugán, G. Martín-Serrano, P. Carmona-Sáez, D. González-Peña, F. Al-Shahrour, G. Gómez-López. DREIMT: a drug repositioning database and prioritization tool for immunomodulation. Bioinformatics. 2020. D1
4. R. Lopez-Dominguez, D. Toro-Dominguez, J. Martorell-Marugan, A. Garcia-Moreno, C.H Holland, J. Saez-Rodriguez, D. Goldman, M.A Petri, M. E Alarcon-Riquelme, P. Carmona-Saez. Transcription Factor Activity Inference in Systemic Lupus Erythematosus. Life 2021. Q2
5. G. Barturen, S. Babaei, F. Català-Moll, M. Martínez-Bueno, Z. Makowska, J. Martorell-Marugán, P. Carmona-Sáez, D. Toro-Domínguez, E. Carnero-Montoro, M. Teruel, M. Kerick, M. Acosta-Herrera, et al. Integrative Analysis Reveals a Molecular Stratification of Systemic Autoimmune Diseases. Arthritis Rheumatol. 2021. D1
6. H. Gómez, A. Gallardo, L. López-Onieva, I. Tejada, J. Martorell-Marugán, P. Carmona-Sáez, D. Landeira Polycomb regulation is coupled to cell cycle transition in pluripotent stem cells. Science Advances. D1
7. B. López-Longarela, E. E. Morrison, J.D. Tranter, L. Chahman-Vos, J. Léonard, J. Gautier, S. Laurent, A. Lartigau, E. Boitier, L. Sautier, P. Carmona-Saez, J. Martorell-Marugan, R.J. Mellanby, S. Pernagallo, H. Ilyine, D.M. Rissin, D.C. Duffy, J.W. Dear, J.J. Díaz-Mochón. Direct detection of circulating microRNA-122 using dynamic chemical labelling with single molecule detection overcomes stability and isomiR challenges for biomarker qualification. Analytical Chem. 2020. D1
8. C. Peris-Torres, M.C. Plaza-Calonge, R. López-Domínguez, S. Domínguez-García, A. Barrientos-Durán, P. Carmona-Sáez and Juan Carlos Rodríguez-Manzaneque. Extracellular Protease ADAMTS1 Is Required at Early Stages of Human Uveal Melanoma Development by Inducing Stemness and Endothelial-Like Features on Tumor Cells. Cancers, 2020. Q1



9. L. Lopez-Caraballo, J. Martorell-Marugan, P. Carmona-Saez, E. Gonzalez-Muñoz. iPS-Derived Early Oligodendrocyte Progenitor Cells from SPMS Patients Reveal Deficient In Vitro Cell Migration Stimulation. Cells, 2020. Q1
10. L. Lopez-Caraballo, J. Martorell-Marugan, P. Carmona-Saez, E. Gonzalez-Muñoz. Analysis of menstrual blood stromal cells reveals SOX15 triggers oocyte-based human cell reprogramming. iScience, 2020. Q1
11. AB Carrillo-Gálvez, S. Gálvez-Peisl, JE González-Correa, M. de Haro-Carrillo, V. Ayllón, P. Carmona-Sáez, V. Ramos-Mejía, P. Galindo-Moreno, F. E. Cara, S. Granados-Principal, P. Muñoz, F. Martin, P. Anderson. GARP is a key molecule for mesenchymal stromal cell responses to TGF- $\beta$  and fundamental to control mitochondrial ROS levels. Stem Cells Transl Med. 10.1002, 2020. Q1
12. A. Gallardo, A. Molina, H.G. Asenjo, J. Martorell-Marugán, R. Montes, V. Ramos-Mejia, A. Sanchez-Pozo, P. Carmona-Sáez, L. Lopez-Onieva, D. Landeira The molecular clock protein Bmal1 regulates cell differentiation in mouse embryonic stem cells. Life Scie. Alliance 3, 2020. Q2
13. A. García-Moreno, P. Carmona-Sáez. Computational Methods and Software Tools for Functional Analysis of miRNA Data. Biomolecules. 2020. Q2
14. Martorell-Marugan J, Gonzalez-Rumayor V, Carmona-Saez P. mCSEA: Detecting subtle differentially methylated regions. Bioinformatics 2019, D1
15. Toro-Domínguez D, Martorell-Marugán J, López-Dominguez R, García-Moreno A, González-Rumayor V, Alarcón-Riquelme ME, Carmona-Saez P. ImaGEO: Integrative Gene Expression Meta-Analysis from GEO database. Bioinformatics. 2019, D1
16. D. Toro-Domínguez, R. Domínguez-Lopez, A. García Moreno, J.A. Villatoro-García, J. Martorell-Marugán, D. Goldman, M. Petri, D. Wojdyla, B.A. Pons-Estel, D. Isenberg, G. Morales-Montes de Oca, M.I.Trejo-Zambrano, B. García González, D. Gómez-Martín, J. Romero-Díaz, P. Carmona-Sáez \* and M. E. Alarcón-Riquelme \* Differential Treatments and Risk for Severe Nephritis Based on a Longitudinal Systemic Lupus Erythematosus Stratification. Scientific Rep. 2019, Q1
17. A. Rodríguez-Martínez, D. de Miguel-Pérez, F. Gabriel Ortega, JL García-Puche, I. Robles-Fernández, J. Exposito, J. Martorell-Marugan, P. Carmona-Sáez, et al. Exosomal miRNA profile as complementary tool in the diagnostic and prediction of treatment response in localized breast cancer under neoadjuvant chemotherapy. Breast Cancer Research, 2019, Q1
18. B. Ramos-Molina, L. Sánchez-Alcoholado, A. Cabrera-Mulero, R. López-Domínguez, P. Carmona-Sáez, E. García-Fuentes, I. Moreno-Indias, FJ Tinahones. Gut Microbiota Composition is Associated with the Global DNA Methylation Pattern in Obesity. Frontiers in Genetics 2019. Q1
19. F. Requena, HG. Asenjo, G. Barturen, J. Martorell-Marugán, P. Carmona-Sáez, D. Landeira. NOMEPlot: analysis of DNA methylation and nucleosome occupancy at the single molecule. Scientific Rep. 2019, Q1
20. Martorell-Marugan J, Gonzalez-Rumayor V, Carmona-Saez P. *mCSEA: Detecting subtle differentially methylated regions*. Bioinformatics 2019. Sep 15;35(18):3257-3262. D1
21. J. Martorell-Marugán, S. Tabik, Y. Benhammou, C. del Val, I. Zwir, F. Herrera, P. Carmona-Sáez. *Deep Learning in Omics Data Analysis and Precision Medicine. Computational Biology*. Codon Publications; 2019
22. D. Toro-Dominguez, M.E. Alarcon-Riquelme, P. Carmona-Saez. Drug Repurposing from Transcriptome Data: Methods and Applications. Chapter in In Silico Drug Design. Repurposing Techniques and Methodologies. 2019
23. Toro-Domínguez D, Martorell-Marugán J, Goldman D, Petri M, Carmona-Sáez P \*, Alarcón-Riquelme ME \*. Stratification of Systemic Lupus Erythematosus Patients Into Three Groups of Disease Activity Progression According to Longitudinal Gene Expression. Arthritis Rheumatol. 2018, D1
24. Alvarez-Cubero MJ, Santiago O, Martínez-Labarga C, Martínez-García B, Marrero-Díaz R, Rubio-Roldan A, Pérez-Gutiérrez AM, Carmona-Saez P, Lorente JA, Martinez-Gonzalez LJ. Methodology for Y Chromosome Capture: A complete genome sequence of Y chromosome using flow cytometry, laser microdissection and magnetic streptavidin-beads. Scientific Rep. 2018, Q1

25. Martorell-Marugan J, Toro-Dominguez D, Alarcon-Riquelme ME, Carmona-Saez P. MetaGenyo: a web tool for meta-analysis of genetic association studies. BMC Bioinformatics. 2017 Dec 16;18(1):563. Q1,
26. Toro-Domínguez D, Carmona-Sáez P\*, Alarcón-Riquelme ME\*. Support for phosphoinositol 3 kinase and mTOR inhibitors as treatment for lupus using in-silico drug-repurposing analysis. Arthritis Res Ther. 2017 Mar 11;19(1):54. Q2
27. Carmona-Sáez P, Varela N, Luque MJ, Toro-Domínguez D, Martorell-Marugan J, et al. Metagene projection characterizes GEN2.2 and CAL-1 as relevant human plasmacytoid dendritic cell models. Bioinformatics. 2017 Dec 1;33(23):3691-3695. PMID: 28961902 D1,
28. Herrera-Merchan A, Cuadros M, Rodríguez MI, Rodríguez S, Torres R, Estecio M, Coira IF, Loidi C, Saiz M, Carmona-Saez P, et al. The value of lncRNA FENDRR and FOXF1 as a prognostic factor for survival of lung adenocarcinoma. Oncotarget. 2017 11(13):1172-1185. Q1
29. Díaz-Villamarín X, Dávila-Fajardo CL, Martínez-González LJ, Carmona-Sáez P, et al. Genetic polymorphisms influence on the response to clopidogrel in peripheral artery disease patients following percutaneous transluminal angioplasty. Pharmacogenomics. 2016. 17(12):1327-38.
30. Melero JT, Ortega FG, Gonzalez AM, Carmona-Saez P, et al. Prognostic factor analysis of circulating tumor cells in peripheral blood of patients with peritoneal carcinomatosis of colon cancer origin treated with cytoreductive surgery plus an intraoperative hyperthermic intraperitoneal chemotherapy procedure (CRS + HIPEC). Surgery. 2016 Mar;159(3):728-35.

## C.2. Proyectos

### Proyectos de los últimos 10 años

1. DatAC (Data Against COVID-19): Herramienta de integración de datos sobre COVID-19 y análisis de factores asociados a focos de contagio y propagación de la enfermedad. Junta de Andalucía 2020- 2022. IP: Pedro Carmona-Sáez.
2. 3TR: Taxonomy, Treatment, Targets and Remission Identification of the Molecular Mechanisms of nonresponse to Treatments, Relapses and Remission in Autoimmune, Inflammatory, and Allergic Conditions. Financial Entity: Unión Europea-IMI - Innovative Medicines Initiative. Granted: 80.546.383 €. Length: 01/09/2019-01/08/2026. IP: Marta Alarcón-Riquelme
3. Identificación de Biomarcadores en Lupus Eritematoso Sistémico Mediante Análisis Integrado de Transcriptoma y Metiloma (PI-0173-2017). Financial Entity: Junta de Andalucía. Length: 2017-2020. IP: Pedro Carmona-Sáez
4. Afianzando la red bioinformática Traslacional TRANSBIONET. Financial Entity: Acciones de dinamización «Redes de Investigación» - Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities. Length: 2019 – 2020. IP: Dr. Alfonso Valencia, Co-IP: Dr. Pedro Carmona-Sáez
5. Molecular Reclassification to Find Clinically Useful Biomarkers for Systemic Autoimmune Diseases. FP 7 Funding Grant Agreement nº115565. Length: 2014-2018. Granted:22.700.000 €. IP Alarcón-Riquelme, Marta Eugenia
6. Diseccionando los determinantes de la variabilidad en el posicionamiento de los nucleosomas en Poblaciones de células pluripotentes. Ministerio de Economía y Competitividad. Proyectos I+D Excelencia 2016. BFU2016-75233-P. Length: 2016-2019. IP: David Landeira
7. LipidomicNet: Lipid droplets as dynamic organelles of fat deposition and release: translational research towards human disease. EU (HEALTH-F4-2008-202272). Length: 2008-2012. Granted: 11 603 930 €. IP: Gerd Schmitz.



8. RESOLVE—Resolve Chronic Inflammation and Achieve Healthy Aging by Understanding Non-regenerative Repair. EU (FP7-HEALTH-2007-A) Length: 2008-04-01- 30/09/2013. Granted: 10.689.714 €. IP: Lutz-Henning Block

### C.3. Contratos, méritos tecnológicos o de transferencia

1. SEN-SP/17-009. Development of -omics resources platform. ONCONET-SUDOE: European Network for Translational Research and Innovation in oncology. PTS. 2019
2. XPS0036/2017: Análisis bioinformático de datos sobre muestras de *Myxococcus xanthus* y/o *Sinorhizobium meliloti* durante la interacción depredador/presa. Universidad de Granada. 2018.
3. Análisis de Epigenoma de 72 muestras mediante iScan (Illumina) y análisis bioinformático. Fundación Pública Andaluza para la gestión de la investigación en salud de Sevilla. 2017.
4. Análisis de Epigenoma de 120 muestras mediante iScan (Illumina) y análisis bioinformático. Fundación Pública Andaluza para la gestión de la investigación en salud de Sevilla. 2017.

### C.4. Patentes

- F.J. López; P. Carmona Sáez; LM Botella Cubells. P201930342. Diagnóstico rápido de la telangiectasia hemorrágica hereditaria mediante microRNAs exosomales de plasma sanguíneo. Universidad de Granada, Fundación Andaluza Progreso y Salud (FPS), CSIC. España. 15/04/2019.
- M.E. Alarcón Riquelme P. Carmona Sáez; G. Barturen Briñas; D. Toro Domínguez; mm Martínez Bueno; E Carnero Montoro. P-101635. Systemic autoimmune diseases diagnostic and prognostic method España. 28/06/2019.

### C.5, C.6, C.7...

- Revisor invitado: Nature Communications; Bioinformatics: BMC Bioinformatics; IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics; Computational Intelligence and Neuroscience; BMC Genomics, Cancer Informatics; Plos One; Nucleic Acids Research Genomics and Bioinformatics; Scientific Reports; Briefings in Bioinformatics, Cell Reports
- Miembro del comité organizador/científico de congresos internacionales:
  - The Workshop Big data and Precision Medicine Conference 2016 (<http://sites.omnitel.es/genyo/>)
  - Oncothon 2018, a datathon competition in cancer genomics (<http://oncothon.ptsgranada.com/>)
  - The XIV Symposium on Bioinformatics 2018 (<http://bi2018.ugr.es/>)
  - The European Conference on Translational Bioinformatics (ECTB 2019) <http://ectb2019.ugr.es/>
- Evaluador de proyectos desde 2014 en convocatorias de Proyectos y Recursos Humanos de la Junta de Andalucía
- Editor asociado en revistas JCR: Biomolecules (Bioinformatics and Data Analysis), Frontiers Computational Genomics, Frontiers in Computational Physiology and Medicine